

Organe altern unterschiedlich schnell - ein Bluttest verrät, welche

Mit KI-basierten „Gewebeuhren“ kann man das biologische Alter menschlicher Organe bestimmen - das haben Forschende am CeMM Forschungszentrum für Molekulare Medizin der Österreichischen Akademie der Wissenschaften und am Ludwig Boltzmann Institute for Network Medicine (LBI-NetMed) der Universität Wien nachgewiesen. Die Analyse von mehr als 25.000 Gewebeproben aus 40 verschiedenen Gewebearten zeigt, dass Organe im Laufe des Lebens unterschiedlich schnell altern und sich diese Veränderungen sogar anhand von Blutproben erkennen lassen. Die in *Nature Medicine* (DOI 10.1038/s41591-026-04566-5) veröffentlichten Ergebnisse liefern neue Einblicke in den Prozess des Alterns und könnten die Früherkennung von Krankheiten verbessern.

(Wien, 14. August 2026) Das Geburtsdatum im Ausweis lässt einen oft stutzen - manche Menschen wirken um viele Jahre jünger, andere deutlich älter, als sie sind. Doch warum ist das so, und was geschieht dabei im Körper? Altern eine Leber anders als ein Gehirn? Und lässt sich die Lücke zwischen dem Alter im Reisepass und dem biologischen Alter einzelner Organe messen?

Eine neue Studie unter der Leitung des CeMM und LBI-NetMed Principal Investigator André Rendeiro sowie der Co-Erstautor:innen Ernesto Abila, Iva Buljan und Yimin Zheng bringt uns der Beantwortung dieser Fragen einen großen Schritt näher. Durch die Kombination von Künstlicher Intelligenz mit einer der weltweit größten Sammlungen menschlicher Gewebebilder untersuchte das Team, wie sich die Architektur von Geweben im Laufe des Lebens verändert. Während frühere Studien vor allem molekulare Veränderungen wie DNA-Methylierung oder Genexpression analysierten, richtet sich der Blick hier auf die Struktur des Gewebes selbst.

Ein stilles Tagebuch der Zeit

Für ihre Arbeit nutzten die Forschenden Daten des Genotype-Tissue Expression Project (GTEx), das Proben von 40 verschiedenen Gewebearten wie Hirn, Herz, Lunge, Bauchspeicheldrüse, Haut und Darm von 983 Personen gesammelt hat. Aus diesen Proben entstanden hochauflösende digitale Bilder von Gewebeschnitten, die jeweils die mikroskopische Architektur des entsprechenden Organs sichtbar machen. Insgesamt wurden 25.712 Gewebeschnitte, zusammengesetzt aus rund 480 Millionen Einzelbildern, mithilfe modernster Bildanalysemodelle ausgewertet. Dabei zeigte sich, dass die Architektur unserer Organe sich wie ein stiller Zeitähler lesen lässt: Ohne dass die KI explizit darauf trainiert wurde, erwies sich das Alter als der wichtigste Faktor, der das Erscheinungsbild von Gewebe

über alle 40 Gewebearten hinweg prägt. Auf dieser Grundlage entwickelten die Forschenden sogenannte „Gewebeuhren“ (engl. „tissue clocks“) – Vorhersagemodelle, die das biologische Alter einer Person anhand ihres Gewebes schätzen können, und zwar für jedes einzelne Organ.

Die Modelle erreichten einen durchschnittlichen Vorhersagefehler von lediglich 4,9 Jahren und waren bestehenden DNA-basierten Altersschätzungen überlegen, wenn es um die Erkennung gewebespezifischer krankhafter Veränderungen ging. Das vorhergesagte biologische Alter zeigte zudem starke Zusammenhänge mit bekannten Merkmalen des Alterns wie Telomerverkürzung, Gewebepathologien oder der Anzahl chronischer Erkrankungen.

„Unsere Gewebe tragen eine bemerkenswert detaillierte Aufzeichnung des Alterungsprozesses in sich“, sagt André Rendeiro, Principal Investigator am CeMM und korrespondierender Autor der Studie. „Durch die Kombination von Histologiebildern mit Künstlicher Intelligenz können wir Muster biologischer Alterung erkennen, die für das menschliche Auge unsichtbar sind, und beginnen zu verstehen, wie unterschiedlich sich Alterungsprozesse im Körper entfalten.“

Für jedes Organ ein anderer Zeitplan

Die Analyse zeigte, dass Altern nicht gleichmäßig verläuft. Einige Gewebe, darunter Lunge, Niere, Bauchspeicheldrüse und Nebenniere, zeigten bereits zwischen dem 20. und 40. Lebensjahr erste Anzeichen beschleunigter Alterung. Andere folgten komplexeren Verläufen, mit Phasen beschleunigter Alterung erst später im Leben. Besonders auffällige Veränderungen zeigte etwa die Gebärmutter rund um die Menopause. Die Forschenden fanden außerdem deutliche Zusammenhänge zwischen gewebespezifischer Alterung und Erkrankungen oder Lebensstilfaktoren: Nierenversagen ging etwa mit beschleunigten Alterungssignalen in mehreren Geweben einher, während sich Diabetes besonders ausgeprägt in der Bauchspeicheldrüse zeigte.

„Besonders auffällig ist, wie unterschiedlich einzelne Organe altern und wie sich das in ihrer Gewebearchitektur widerspiegelt“, sagt Ernesto Abila, Co-Erstautor der Studie. „Deep Learning ermöglicht es uns, diese räumlichen Muster zu lesen und Alterung als strukturellen Umbau des Gewebes zu erfassen – und nicht nur als molekulare Veränderungen.“ Während die „Gewebeuhren“ die normale Geschwindigkeit des Alterns in verschiedenen Organen abbildeten, identifizierten sie auch Ausreißer: Menschen, deren Gewebe schon deutliche strukturelle Veränderungen zeigte, die man erst in höherem Alter erwarten würde.

Gewebeproben erfordern jedoch invasive Eingriffe und lassen sich nicht immer gewinnen. Deshalb verknüpften die Forschenden Genexpressionsprofile aus Blutproben mit den histologisch bestimmten

Altersabweichungen derselben Personen. Auf dieser Grundlage entwickelten sie Modelle, die das biologische Alter einzelner Gewebe allein aus Blutproben vorhersagen können. „Das ist ein konzeptioneller Sprung“, erklärt Co-Erstautorin Iva Buljan. „Wir nutzen die Sprache der Gewebeerterung, die wir aus Bildern gelernt haben, und übersetzen sie in etwas, das aus einer gewöhnlichen Blutprobe abgelesen werden kann.“

Blutproben zeigen Alterungsmuster

Die blutbasierten Modelle konnten Alterungsmuster identifizieren, die mit verschiedenen Erkrankungen in Zusammenhang stehen, darunter Alzheimer, Morbus Crohn, Mukoviszidose, Vaskulitis, Diabetes und Schlaganfall. Bei Alzheimer wurde das stärkste Alterungssignal spezifisch im Gehirn beobachtet, während Morbus Crohn mit beschleunigter Alterung entlang des gesamten Magen-Darm-Trakts verbunden war.

„Diese Studie zeigt, dass Altern nicht einfach eine Frage des chronologischen Alters ist“, sagt Yimin Zheng, dritter Co-Erstautor der Studie. „Verschiedene Organe altern auf unterschiedliche Weise, und diese Prozesse scheinen sowohl von systemischen als auch von gewebespezifischen Faktoren geprägt zu sein.“ Die Ergebnisse legen nahe, dass die Gewebearchitektur viele der molekularen und physiologischen Veränderungen integriert, die mit Alterung und Krankheit verbunden sind. Künftig könnten solche Ansätze zu minimalinvasiven Diagnoseverfahren beitragen, die den Gesundheitszustand von Organen und das Fortschreiten von Krankheiten über Bluttests überwachen.

Die Studie verdeutlicht zudem das wachsende Potenzial Künstlicher Intelligenz in der Pathologie und Alternforschung. Durch die Verknüpfung von Gewebebildgebung, Genexpression und klinischen Daten im großen Maßstab liefert die Arbeit einen umfassenden Einblick, wie sich Alterung im menschlichen Körper manifestiert.

Bilder im Anhang

Foto: Die Autor:innen der Studie André Rendeiro, Iva Buljan, Ernesto Abila und Yimin Zheng (v.l.n.r.) © Wolfgang Däuble / CeMM

Grafik: Histologischer Schnitt einer Schilddrüsengewebeprobe aus dem GTEx-Portal. (© GTEx Portal GTEx-1128S-0126)

Die Studie „Histological aging signatures for monitoring tissue-specific aging and disease“ erschien in der Zeitschrift *Nature Medicine* am 14. August 2026. DOI: 10.1038/s41591-026-04566-5

Autor:innen: Ernesto Abila*, Iva Buljan*, Yimin Zheng*, Lisa Kleissl, Sigrid Klotz, Tamas Veres, Zhilong Weng, Maja Nackenhorst, Rizqah Kamies, Anja Michl, Safwen Kadri, Samir Moustafa, Wolfgang Hulla, Matthias Perkonig, Mathias Drach, Philipp Tschandl, Barbara Sterniczky, Matthias Heinig, Laurens J. De Sadeleer, Wim Wuyts, Bart Vanaudenaerde, Laurens J. Ceulemans, Daniel D. Buchanan, Lochjlan J. Fennell, Georg Stary, Yuri Tolkach, Adelheid Wöhrer, Herbert B. Schiller, André F. Rendeiro (*gleicher Beitrag)

Förderung: Diese Forschung wurde von Angelini Ventures S.p.A., Rom, Italien, finanziert. Zusätzliche Unterstützung erfolgte durch das Genotype-Tissue Expression

(GTEx) Project über den Common Fund des Office of the Director der National Institutes of Health sowie durch die TPU Research Cloud von Google.

Das **CeMM Forschungszentrum für Molekulare Medizin der Österreichischen Akademie der Wissenschaften** ist eine internationale, unabhängige und interdisziplinäre Forschungseinrichtung für molekulare Medizin unter wissenschaftlicher Leitung von Maria Rescigno. Das CeMM orientiert sich an den medizinischen Erfordernissen und integriert Grundlagenforschung sowie klinische Expertise, um innovative diagnostische und therapeutische Ansätze für eine Präzisionsmedizin zu entwickeln. Die Forschungsschwerpunkte sind Krebs, Entzündungen, Stoffwechsel- und Immunstörungen, sowie seltene Erkrankungen und Altern. Das Forschungsgebäude des Institutes befindet sich am Campus der Medizinischen Universität und des Allgemeinen Krankenhauses Wien.
www.cemm.at

Das übergeordnete Ziel des **Ludwig Boltzmann Instituts für Netzwerkmedizin an der Universität Wien** ist es, mithilfe von Netzwerktheorie, Machine Learning und künstlicher Intelligenz ein ganzheitliches Verständnis der komplexen, über verschiedene Ebenen hinweg wirkenden Organisation der menschlichen Biologie zu entwickeln und die daraus gewonnenen Erkenntnisse in konkrete medizinische Anwendungen zu überführen – von der Diagnose bis zur Therapie. Das LBI-NetMed verfolgt dabei Forschungsansätze entlang der hierarchischen biologischen Organisation, von Molekülen über Gewebe und Organe bis hin zum gesamten Organismus und schließlich zur Bevölkerungsebene. Parallel dazu wird eine Plattform für die Datenanalyse der nächsten Generation entwickelt, die völlig neue Möglichkeiten zur Integration und Interpretation komplexer biomedizinischer Daten eröffnen soll. Die Forschung am LBI-NetMed erfolgt in enger Zusammenarbeit mit klinischen und industriellen Partnern, um die gewonnenen Erkenntnisse zu diesen grundlegenden Fragestellungen in die medizinische Praxis zu übertragen, zu validieren und umzusetzen.

Wir verwenden Werkzeuge der **Künstlichen Intelligenz (KI)** zum Korrekturlesen und für Übersetzungen. Sämtliche KI-generierten Texte werden vor der Veröffentlichung von Menschen überprüft und bearbeitet.

Für Rückfragen wenden Sie sich bitte an:

Wolfgang Däuble
Media Relations Manager / Science Writer
Phone +43-1/40160-70092
wdauble@cemm.at

CeMM
Forschungszentrum für Molekulare Medizin
der Österreichischen Akademie der Wissenschaften
Lazarettgasse 14, AKH BT 25.3
1090 Wien
www.cemm.at