

Forscher nutzen künstliche Intelligenz für die molekulare Tumorklassifizierung und die Prognose bei Patienten mit Dickdarmkrebs

Für eine zielgerichtete Therapie des kolorektalen Karzinoms benötigen die behandelnden Ärzte Informationen über den molekularen Subtyp des Tumors. Computer könnten dafür digitale Gewebebilder analysieren. Entwickelt hat die Methode ein Forscherteam des Universitätsspitals Zürich und der Universität Oxford.

Dickdarmkrebs ist die dritthäufigste Tumorerkrankung bei Männern und Frauen mit weltweit jährlich rund 1.8 Mio. neuen Fällen, davon circa 4000 in der Schweiz. Operation, Bestrahlung und Chemotherapie sind bewährte Behandlungswege. Daneben gibt es eine ganze Reihe von Medikamenten zur zielgerichteten Therapie. Der Einsatz dieser Medikamente ist jedoch mit relevanten Nebenwirkungen verknüpft. Mit genauen Informationen über den molekularen Subtyp des Tumors mittels RNA-Sequenzierung kann die personalisierte Therapie unterstützt werden. Patientinnen und Patienten mit besonders aggressiven Tumoren können besser erkannt und molekular klassifiziert werden. Das ist allerdings ressourcenintensiv und teuer; die Untersuchung einer Probe kostet über 1000 CHF. Zudem können derzeit bis zu 20 Prozent der Proben nicht abschliessend klassifiziert werden, weil beispielsweise zu wenig Material vorliegt oder die Ergebnisse nicht eindeutig sind.

Weiterentwicklung dank Bildanalyse und künstlicher Intelligenz

Ein Forscherteam unter der Leitung von Prof. Dr. Viktor Kölzer, Institut für Pathologie und Molekularpathologie des Universitätsspitals Zürich, und von Prof. Dr. Jens Rittscher, Institute of Biomedical Engineering der Universität Oxford, hat nun eine massiv günstigere und schnellere Methode entwickelt: Sie lassen Computer hochauflösende Bilder von histologischen Schnitten mit künstlicher Intelligenz analysieren. So erfahren sie das Genexpressionsprofil des Tumors und erhalten Hinweise darauf, mit welchem Medikament er sich allenfalls behandeln lässt. Im Gegensatz zum bisherigen Goldstandard – der RNA-Sequenzierung – ist für dieses rein bildgestützte Verfahren kein weiteres Gewebematerial notwendig. Es funktioniert auch an sehr kleinen Gewebefragmenten und erlaubt die Klassifizierung bislang aufgrund technischer Limitationen der Sequenzierung nicht zugänglicher Gewebeproben. Das Verfahren generiert zudem potentiell deutlich geringere Kosten. Bildgestützte Verfahren haben das Potential, die personalisierte Therapie beim Dickdarmkrebs zu revolutionieren. Doch die neue Technik erfordert eine entsprechende Aufbereitung histologischer Schnitte: «Damit wir künstliche Intelligenz für die Tumoranalyse nutzen können, müssen wir die Pathologie digitalisieren», sagt Kölzer.

Strategisch bedeutsam für die personalisierte Medizin

Im April dieses Jahres hat Kölzer am USZ die Professur für computergestützte Bildanalyse in der Pathologie angetreten. Der erste Lehrstuhl dieser Art in der Schweiz ist von grosser strategischer Bedeutung für die personalisierte Medizin. Begonnen hat Kölzer die Arbeit am KI-gestützten Verfahren während eines Aufenthalts an der Universität Oxford, wo er im multiinstitutionellen Stratification in Colorectal Cancer Consortium breite interdisziplinäre Unterstützung durch Pathologen, Bioinformatiker, Kliniker und Statistiker verschiedenster Institute und Zentren fand.

Für die Studie wurden 1553 Scans von Gewebeschnitten mittels neuester Verfahren maschinellen Sehens und künstlicher Intelligenz mit RNA-Expressionsprofilen, Genmutationen und klinischen Verlaufsdaten analysiert. Publiziert wurde die Studie über diese neue Technik erstmals als Preprint Ende Mai 2019. Nun muss die neue Methode in prospektiven, randomisierten klinischen Studien validiert werden. Noch arbeiten die Pathologen weitgehend analog – doch das könnte sich ändern, selbst in Ländern mit geringeren Ressourcen. Dazu sagt Kölzer: «Nach der Validierung könnte man die Klassifizierung kolorektaler Tumoren zentralisieren und die Technik verfügbar machen». Scans histologischer Schnitte könnten an universitäre Zentren gesandt, dort ausgewertet und die Resultate auf elektronischem Weg kommuniziert werden. Langfristig könnte die Methode auch bei anderen Tumortypen und sogar bei anderen Erkrankungen zum Einsatz kommen.

Preprint der Studie unter <https://doi.org/10.1101/645143>
S:CORT consortium <https://www.scort.org.uk/>

[Medienmitteilung als Druckversion](#) (PDF)