MedWiss.Online

KI-Modell soll Blutkrebs-Diagnostik deutlich erleichtern

Neues open-source KI-Modell des Universitätsklinikums Freiburg erkennt Krebszellen automatisch und reduziert händische Auswertung / Standardisierte Analyse klinischer Routinedaten / Veröffentlichung in Nature Methods

Bei Blut- und Lymphdrüsenkrebs müssen Fachärzt*innen große Mengen komplexer Einzelzelldaten auswerten. Forschende des Universitätsklinikums Freiburg und des Weizmann Institute of Science in Israel haben nun ein auf künstlicher Intelligenz basierendes Modell entwickelt, das wesentliche Teile dieser Analyse automatisieren kann. Bei chronischer lymphatischer Leukämie (CLL) erkannte es unter Millionen gemessener Zellen gezielt typische Krebszellen. Die Ergebnisse stimmten sehr gut mit der manuellen Auswertung durch Fachärzt*innen überein. Das open-source Modell CytoVI (kurz für ‚Variational Inference for Cytometry') könnte damit Personal entlasten, Untersuchungen vereinheitlichen und krankheitsrelevante Veränderungen leichter sichtbar machen. Die Methode wurde am 30. September 2026 in *Nature Methods* veröffentlicht.

„Wir können damit Blutproben, die in der Klinik ohnehin erfasst werden, künftig wesentlich stärker automatisiert auswerten", sagt Dr. **Florian Ingelfinger**, Erstautor der Studie und Wissenschaftler an der Klinik für Innere Medizin I des Universitätsklinikums Freiburg und Nachwuchsgruppenleiter im Deutschen Konsortium für Translationale Krebsforschung (DKTK), Partnerstandort Freiburg. „Das Modell entlastet Kliniken und hilft zugleich, neue Zellpopulationen zu entdecken, die als diagnostische Marker oder mögliche Ansatzpunkte für Therapien interessant sind." Ingelfinger leitet am Universitätsklinikum Freiburg das Laboratory for Generative Single Cell Immunology.

Von der Forschung in die Routinediagnostik

CytoVI analysiert Einzelzelldaten, wie sie bei der Durchflusszytometrie entstehen. Dabei werden keine Bilder aufgenommen. Mittels Lasermessungen werden Eigenschaften einzelner Zellen erfasst, etwa bestimmte Proteine, Zellgröße und innere Struktur. So entsteht für jede Zelle ein digitales Profil. CytoVI erkennt darin typische Muster und kann beispielsweise Leukämiezellen automatisch von anderen Blutzellen unterscheiden.

Eine zentrale Stärke des Modells ist, dass es technische Unterschiede zwischen verschiedenen Messungen, etwa durch unterschiedliche Geräte, Messzeitpunkte oder Labore, rechnerisch berücksichtigt und hilft, sie von biologischen Unterschieden zu trennen. Das ermöglicht eine besser vergleichbare Auswertung.

„Patient*innen brauchen vor allem eine verlässliche Diagnose und möglichst schnell Klarheit darüber, welche Erkrankung vorliegt. Dabei könnte uns CytoVI künftig helfen", sagt Prof. Dr. **Robert Zeiser**, Leiter der Abteilung für Tumorimmunologie und Immunregulation an der Klinik für Innere Medizin I des Universitätsklinikums Freiburg, und an der Publikation beteiligt.

Bei 63 Patient*innen mit verschiedenen B-Zell-Lymphomen identifizierte CytoVI automatisch T-Zell-Gruppen, die mit bestimmten Erkrankungsformen verbunden waren. Darunter war auch eine seltene Zellpopulation, die in der ursprünglichen manuellen Analyse nicht beschrieben worden war. Solche Zellgruppen können Hinweise auf diagnostische Biomarker und mögliche therapeutische Zielstrukturen geben.

Alle Rechte: © MedWiss.Online / HealthCom | MWI | www.medwiss.de

Besonders kliniknah war die Auswertung von CLL-Daten aus der Routinediagnostik. „Wir konnten sehen, dass die automatische Identifizierung mit der manuellen Auswertung sehr gut übereinstimmt“, sagt Ingelfinger. Die sichere Identifikation von sehr wenigen Krebszellen, etwa nach einer Krebstherapie, ist aktuell noch eine Herausforderung. Die Zuverlässigkeit der Analyse wird Ärzt*innen jeweils mit ausgegeben, so dass gezielte Überprüfungen möglich sind. „CytoVI soll die ärztliche Beurteilung unterstützen, nicht komplett ersetzen“, so Ingelfinger weiter.

Auf diese Weise können auch die großen Mengen an Durchflusszytometrie-Daten, die über viele Jahre in der Routinediagnostik entstehen, besser vergleichbar und gemeinsam ausgewertet werden. Damit wird ein bislang nur eingeschränkt nutzbarer Datenschatz für die Forschung erschlossen.

Die Forschenden des Universitätsklinikums Freiburg wollen nun das Verfahren auf weitere Blutkrebsarten übertragen. CytoVI ist als Open-Source-Software über https://scvi-tools.org frei verfügbar. Forschende können die Methode damit für eigene Einzelzelldaten nutzen.

Alle Rechte: © MedWiss.Online / HealthCom | MWI | www.medwiss.de