

Künstliche Intelligenz hilft bei der Erkennung einzelner kranker Zellen

Forschende haben einen neuen Algorithmus für die klinische Anwendung entwickelt. Er basiert auf künstlicher Intelligenz und vergleicht die Zellen kranker Personen mit einem Referenzatlas gesunder Zellen. In der Praxis können Ärzt:innen damit kranke Zellen genau identifizieren. Dies ist ein großer Vorteil für die personalisierte Medizin.

Der Human Cell Atlas ist der weltweit größte, kontinuierlich wachsende Einzelzell-Referenzatlas. Er enthält Referenzen von Millionen von Zellen aus verschiedenen Geweben, Organen und Entwicklungsstadien. Diese Referenzen helfen, die Einflüsse von Alterung, Umwelt und Krankheit auf eine Zelle zu verstehen – und letztlich Patient:innen besser zu behandeln. Die Nutzung von Referenzatlanten ist jedoch mit Herausforderungen verbunden. Einzelzell Datensätze können Messfehler enthalten (Batch-Effekt), die weltweite Verfügbarkeit von Rechenressourcen ist begrenzt und die Weitergabe von Rohdaten ist oft rechtlich eingeschränkt.

Forschende des Helmholtz Zentrums München und der Technischen Universität München (TUM) entwickelten einen neuen Algorithmus namens ‚scArches‘, kurz für ‚Single-Cell Architecture Surgery‘. „Statt Rohdaten zwischen Kliniken oder Forschungseinrichtungen zu teilen, vergleicht der Algorithmus mittels Transfer-Learning neue Datensätze aus der Einzelzellgenomik mit bestehenden Referenzen. Wir nennen diesen Prozess Kartierung. So wahrt der Algorithmus die Privatsphäre und Anonymität der Patient:innen. Dies macht auch das Kommentieren und Interpretieren neuer Datensätze sehr einfach und demokratisiert die Nutzung von Referenzatlanten enorm“, beschreibt Mohammad Lotfollahi die Vorteile des Algorithmus.

Beispiel COVID-19

Mit Hilfe von scArches forschte die Gruppe bereits an COVID-19. Sie verglich die Zellen aus Lungenproben von COVID-19-Erkrankten mit gesunden Referenzzellen. Der Algorithmus war in der Lage, kranke Zellen von gesunden zu unterscheiden und ermöglichte es den Forschenden, sowohl bei leichten als auch schweren COVID-19-Fällen die betroffenen Zellen genau zu identifizieren. Biologische Variationen zwischen den Patient:innen hatten keinen Einfluss auf die Qualität der Kartierung.

Fabian Theis: „In Zukunft wollen wir Zellreferenzen genauso einfach nutzen, wie wir es heute mit Genomreferenzen tun. Mit anderen Worten: Wenn man einen Kuchen backt, möchte man nicht erst ein Rezept erfinden, stattdessen schlägt man einfach in einem Kochbuch nach. Mit scArches formalisieren und vereinfachen wir diesen Nachschlageprozess.“

Mehr zu scArches: <https://github.com/theislabs/scarches>

Zu den Personen

Mohammad Lotfollahi ist Teamleiter im Labor von Fabian Theis am Helmholtz Zentrum München und Doktorand an der TUM School of Life Sciences der Technischen Universität München. Er arbeitet eng mit Fabian Theis zusammen, der Direktor des Instituts für Computational Biology am Helmholtz Zentrum München und Koordinator der Helmholtz Artificial Intelligence Cooperation Unit

(Helmholtz AI) ist. Theis ist Inhaber des Lehrstuhls für Mathematische Modellierung biologischer Systeme an der TUM.

Originalpublikation

Lotfollahi et al, 2021: [Mapping single-cell data to reference atlases by transfer learning](#). Nature Biotechnology, DOI: 10.1038/s41587-021-01001-7