

## Künstliche Intelligenz in der Medizin muss erklärbar sein

### Analyse-System für die Brustkrebsdiagnose entwickelt

*Gemeinsame Pressemitteilung der Charité und der TU Berlin*

**Forschende der Charité - Universitätsmedizin Berlin und der TU Berlin haben ein neues Analyse-System für die Brustkrebsdiagnostik anhand von Gewebeschnitten entwickelt, das Künstliche Intelligenz (KI) nutzt. Zwei Weiterentwicklungen machen das System einzigartig: Zum einen integriert es erstmals morphologische, molekulare und histologische Daten in einer Auswertung. Zum zweiten liefert es eine Erklärung des KI-Entscheidungsprozesses in Form von Heatmaps mit. Dadurch können Ärztinnen und Ärzte das Ergebnis der KI-Analyse nachvollziehen und auf Plausibilität prüfen. Künstliche Intelligenz wird damit erklärbar - ein entscheidender und unabdingbarer Schritt nach vorn, will man KI-Systeme künftig im Klinik-Alltag zur Unterstützung der Medizin einsetzen. Die Forschungsergebnisse wurden jetzt in *Nature Machine Intelligence*\* veröffentlicht.**

Krebsmedizin beschäftigt sich zunehmend mit der molekularen Charakterisierung von Tumorgewebeprobe. Ermittelt wird dabei unter anderem der Methylierungszustand der [DNA](#), die [Genexpression](#), somatische Mutationen oder auch die [Protein-Expression](#) in den pathologischen Präparaten. Gleichzeitig setzt sich die Erkenntnis durch, dass die Krebsprogression eng mit der Verbindung von Krebszellen untereinander und der [Interaktion](#) mit dem umgebenden Gewebe - einschließlich des Immunsystems - zusammenhängt. Während mikroskopische Techniken die Untersuchung biologischer Prozesse mit hoher räumlicher Auflösung erlauben, können molekulare Marker mikroskopisch nur begrenzt erhoben werden. Sie werden vielmehr anhand von aus Gewebeprobe extrahierten Proteinen oder [DNA](#) ermittelt. Als Folge erlauben sie meist keine räumliche Auflösung, und daher ist ihr Zusammenhang mit den mikroskopischen Strukturen typischerweise unklar. Diese Probleme konnte ein interdisziplinäres Forschungsteam jetzt mithilfe von KI lösen.

„Bei Brustkrebs ist bekannt, dass die Zahl eingewanderter Immunzellen, der sogenannten Lymphozyten, im Tumorgewebe einen Einfluss auf die [Prognose](#) der Patientin hat. Zusätzlich wird diskutiert, ob diese Zahl auch einen prädiktiven Wert hat - also Aussagen darüber ermöglicht, wie gut welche Therapie anschlägt“, sagt Prof. Dr. Frederick Klauschen vom Institut für [Pathologie](#) der Charité.

„Das Problem: Wir haben gute und belastbare molekulare Daten und gute, räumlich hochaufgelöste histologische Daten. Aber es fehlte bislang die entscheidende Brücke zwischen den Bildgebungsdaten und den hochdimensionalen molekularen Daten“, ergänzt Prof. Dr. Klaus-Robert Müller, Professor für Maschinelles Lernen an der TU Berlin. Die beiden Wissenschaftler kooperieren bereits seit mehreren Jahren unter dem Dach des nationalen KI-Kompetenzzentrums Berlin Institute for the Foundations of Learning and Data (BIFOLD), das an der TU Berlin beheimatet ist.

In dem jetzt veröffentlichten Ansatz gelang genau diese Symbiose. „Unser System ermöglicht die robuste Erkennung von pathologischen Veränderungen in mikroskopischen Bildern. Parallel dazu liefern wir eine präzise Heatmap-Visualisierung, die zeigt, welcher Pixel auf dem mikroskopischen

Bild in welchem Maße zu der Diagnose des [Algorithmus](#) beigetragen hat“, erläutert Prof. Müller. Zusätzlich haben die Forschenden das Verfahren noch einen großen Schritt weiterentwickelt: „Unser Analysesystem wurde mithilfe von maschinellen Lernverfahren so trainiert, dass es auch verschiedene molekulare Merkmale, wie zum Beispiel die DNA-Methylierung, die [Genexpression](#) oder auch die [Protein-Expression](#) in bestimmten Bereichen des Gewebes aus den histologischen Bildern vorhersagen kann.“

Als nächstes stehen die Zertifizierung und weitere klinische Validierungen – inklusive Tests in der pathologischen Routinediagnostik – auf der Agenda. Doch Prof. Klauschen ist überzeugt: „Die von uns entwickelte Methode erlaubt es in Zukunft, die histopathologische Tumordiagnostik präziser, standardisierter und damit auch qualitativ besser zu machen.“

\*Binder A et al. Morphological and molecular breast cancer profiling through explainable machine learning. Nat Mach Intell (2021), doi: 10.1038/s42256-021-00303-4

**Links:**

[Originalpublikation](#)

[Institut für Pathologie der Charité](#)

[Forschungsgruppe Maschinelles Lernen der TU Berlin](#)