

Mittels KI: Genauere Prognosen für bestmögliche Therapien

In Zukunft werden personalisierte medizinische Diagnosen auf großen Datenmengen basieren. Ärzte werden viele „Biomarker“ messen, um Erkrankungen zu bestätigen oder auszuschließen. Dabei werden viele Daten gesammelt, welche aber auch Fehlinformationen enthalten können. Forscher des Universitätsklinikums Regensburg (UKR) entwickelten daher ein auf künstlicher Intelligenz basierendes System, um nicht-klassifizierbare Proben herauszufiltern. Dadurch könnten genauere und individuellere Diagnosen gestellt werden.

„Wenn wir Biomarker in großen Gruppen von Patienten und gesunden Kontrollpersonen messen, finden wir typischerweise Wertebereiche ohne nützliche Informationen, um jemanden als gesund oder krank zu klassifizieren“, erklärt Dr. Gunther Glehr, wissenschaftlicher Mitarbeiter der Experimentellen Chirurgie in der Klinik und Poliklinik für Chirurgie des UKR, den Ausgangspunkt der Forschungsarbeit. Dabei stellen eben diese nicht-informativen Proben die Mediziner vor besondere Probleme, wenn es darum geht, eine genaue medizinische Diagnose zu stellen.

Um dieses Problem zu lösen, setzen die Forscher eine Berechnungsmethode ein, bei der Gruppen von Proben in klassifizierbare und nicht-klassifizierbare Teilmengen aufgeteilt werden. Ziel ist es, die nicht aussagekräftigen Proben auszuschließen, wodurch sich darauffolgende Diagnosemodelle verbessern. „Genauere Prognosen helfen uns, die beste Therapie für den einzelnen Patienten zu finden“, sagt Professor Dr. Sebastian Haferkamp, Facharzt für Dermatologische Onkologie der Klinik und Poliklinik für Dermatologie des UKR. So waren die Forscher etwa in der Lage, eine Untergruppe von Hautkrebspatienten zu identifizieren, bei welchen schwere Behandlungsnebenwirkungen auftreten würden.

„Gesundheit ist ein streng reguliertes Gleichgewicht“

„Die Tatsache, dass es bei so vielen verschiedenen Krankheitsmarkern informative und nicht-informative Bereiche gibt, spiegelt das Wesen von Krankheiten wider. Gesundheit ist ein streng reguliertes Gleichgewicht, während Krankheit Dysregulation und größere Variabilität bedeutet“, sagt Professor Dr. Dr. James Hutchinson, wissenschaftlicher Mitarbeiter und Forschungsleiter der Experimentellen Chirurgie in der Klinik und Poliklinik für Chirurgie des UKR. Die Forscher fanden heraus, dass genau diese Unterschiede in der Variabilität häufig zu nicht-klassifizierbaren Proben führen. Eine Einschränkung von Datensätzen ist daher eine wirksame Methode, um die Suche und Interpretation von Biomarkern zu unterstützen.

Die Studie wurde vom Bayerische Zentrum für Krebsforschung (BZKF) und von der Bristol Myers Squibb Immune Oncology Foundation mitfinanziert. Die Studienergebnisse wurden im Fachmagazin Nature Communications (<https://www.nature.com/articles/s41467-024-49094-3>) veröffentlicht.

Originalpublikation:

<https://www.nature.com/articles/s41467-024-49094-3>

Quelle: Universitätsklinikum Regensburg (UKR)