

Tieferes Verständnis von Krebs dank KI in der Pathologie

Autonomes agentenbasiertes System an Uniklinik Köln entwickelt

Die digitale Transformation der Pathologie eröffnet neue Möglichkeiten für die Krebsdiagnostik. Moderne Verfahren der Künstlichen Intelligenz (KI) gehen heute weit über die reine Automatisierung hinaus: Sie ermöglichen es, aus routinemäßig erhobenen histologischen Gewebeschnitten bislang verborgene biologische Informationen zu gewinnen und damit ein tieferes Verständnis von Tumorerkrankungen zu erreichen. Ein Team der Pathologie der Uniklinik Köln und der Medizinischen Fakultät der Universität zu Köln hat einen grundlegend neuen Ansatz namens SPARK (System of Pathology Agents for Research and Knowledge) entwickelt. Die Studie „An agentic framework for autonomous scientific discovery in cancer pathology“ ist im Fachmagazin Nature Medicine erschienen.

Klassische KI-Ansätze segmentieren vor allem Gewebe oder analysieren einzelne Zellen im Tumormikromilieu. Dabei stoßen sie häufig an Grenzen – etwa durch eingeschränkte Interpretierbarkeit oder mangelnde Übertragbarkeit auf neue Fragestellungen. Das agentenbasierte KI-System SPARK fungiert als eine Art „digitales Gehirn“. Es verknüpft mehrere spezialisierte Algorithmen zu einem koordinierten System, das eigenständig biologische Hypothesen generieren, verfeinern und in analytische Werkzeuge umsetzen kann – ohne, dass ein erneutes Training der Modelle erforderlich ist. Die Nutzung von Sprache als universelle Schnittstelle ermöglicht eine flexible und intuitive Interaktion mit komplexen Bilddaten. So lassen sich etwa einfache sprachbasierte Analysen durchführen, wie zum Beispiel, ob ein Tumor auf eine Immuntherapie ansprechen wird.

In umfangreichen Analysen von über 5.400 Patientinnen und Patienten aus 18 unabhängigen Kohorten und fünf verschiedenen Tumorentitäten zeigte das Team um Priv.-Doz. Dr. Yuri Tolkach, Oberarzt am Institut für Pathologie an der Uniklinik Köln, dass SPARK klinisch relevante und biologisch fundierte Gewebemarker identifiziert. Diese stehen in engem Zusammenhang mit Krankheitsverlauf, etablierten pathologischen Parametern und dem Ansprechen auf Therapien. Darüber hinaus erlaubt das System, aus statischen Gewebeschnitten Rückschlüsse auf die zeitliche Entwicklung von Tumoren zu ziehen und Mechanismen der Tumorprogression besser zu verstehen.

„SPARK trägt dazu bei, Diagnosen zu präzisieren, Patientinnen und Patienten zuverlässiger zu stratifizieren und Therapieentscheidungen gezielter zu treffen. Insbesondere im Bereich der personalisierten Onkologie eröffnet sich die Möglichkeit, Therapien stärker an die individuellen biologischen Eigenschaften eines Tumors anzupassen und so die Behandlungsergebnisse zu verbessern“, so Dr. Tolkach.

Ein weiterer Vorteil von SPARK ist den Forschenden zufolge die Zugänglichkeit. Über eine spezialisierte, modulinteraktive Benutzeroberfläche können klinisch tätige Ärztinnen und Ärzte sowie Forschende auch ohne Programmierkenntnisse Analyseansätze entwickeln.

Trotz dieser vielversprechenden Ergebnisse sei eine prospektive Validierung im klinischen Alltag notwendig, um den vollen Nutzen der Technologie zu bestätigen. Alle entwickelten Methoden, Parameter und Ergebnisse wurden offen zugänglich gemacht, um die Weiterentwicklung durch die wissenschaftliche Gemeinschaft aktiv zu fördern. „Mit SPARK verfolgen wir das Ziel, die Pathologie

von einer primär deskriptiven Disziplin hin zu einer datengetriebenen, prädiktiven Wissenschaft weiterzuentwickeln - und damit einen entscheidenden Beitrag zur Präzisionsmedizin in der Onkologie zu leisten“, sagt Univ.-Prof. Dr. Reinhard Büttner, Direktor des Instituts für Allgemeine Pathologie und Pathologische Anatomie.

SPARK wurde unter anderem durch das ehemalige Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMFTR) und im Rahmen des Projekts DigiPathConnect des Interreg Euregio Maas-Rhein der Europäischen Union gefördert. Zudem wurden Daten des Nationalen Netzwerk Genomische Medizin Lungenkrebs (nNGM, gefördert durch die Deutsche Krebshilfe) und die Rechenleistung des RAMSES Hochleistungsrechners des IT Center University of Cologne (ITCC) der Universität zu Köln genutzt.