

## Histologie 2.0

Präzisionshistologie pathologischer Prozesse mittels künstlicher Intelligenz

|                                 |  |                        |               |
|---------------------------------|--|------------------------|---------------|
| <b>Programm / Ausschreibung</b> | Bridge, Bridge_NATS, Bridge_NATS 2018                                      | <b>Status</b>          | abgeschlossen |
| <b>Projektstart</b>             | 01.07.2019   | <b>Projektende</b>     | 31.12.2021    |
| <b>Zeitraum</b>                 | 2019 - 2021  | <b>Projektlaufzeit</b> | 30 Monate     |
| <b>Keywords</b>                 | Mikroskopie; Bildanalyse; Prostata-Krebs; Biomarker; Protein-Interaktionen |                        |               |

### Projektbeschreibung

Die medizinische Versorgung entwickelt sich weltweit in Richtung einer personalisierten Medizin mit dem Ziel jeden Patienten maßgeschneidert zu behandeln. Präzisionsmedizin verlangt jedoch auch Präzisionsdiagnostik, die in vielen Bereichen noch in ihren Kinderschuhen steckt. In der Routine-Histologie, der mikroskopischen Untersuchungen von Geweben, wird meist nur jeweils ein molekularer Biomarker gefärbt und anschließend durch einen Pathologen manuell ausgewertet und beurteilt. Unser Ziel ist es daher, automatisierte Prozesse zu entwickeln, die Medizinern wie auch Forschern dabei helfen sollen, präzise diagnostische Entscheidungen zu treffen, die auf zahlreichen Biomarkern beruhen. Unser Projekt konzentriert sich dabei auf Prostatakrebs, der häufigsten aller Krebsarten und zweithäufigsten Krebs-assoziierten Todesursache bei Männern. Bei dieser Erkrankung werden Therapie-Entscheidungen häufig auf Basis histologischer Untersuchungen von Biopsien getroffen, deren diagnostisches Potential oft nicht voll genutzt wird. Um das zu verbessern wollen wir parallele Fluoreszenz-Färbungen zahlreicher Biomarker einsetzen und diese zueinander in Relation setzen. Um die verschiedenen Fluoreszenzsignale voneinander unterscheiden zu können, sollen moderne Spektalmikroskopie-Techniken angewandt werden, die zwar in der Forschung bereits etabliert sind aber in der Diagnostik noch nicht routinemäßig eingesetzt werden. Über hochauflösende Mikroskopie wollen wir die genaue Position von Biomarkern und deren potentielle Koinzidenz für tausende von Zellen ermitteln. Darüber hinaus werden wir ein quantenphysikalisches Phänomen eines Energie-Transfers nutzen, um eine direkte Interaktion zwischen unterschiedlichen Molekülen zu identifizieren. Diese Untersuchungen sollen mit einer automatischen Erkennung unterschiedlicher Gewebetypen kombiniert werden. Zu diesem Zweck wollen wir moderne Bildanalyse-Strategien auf Basis künstlicher Intelligenz und Deep-Learning anwenden. Ein Spezialist auf diesem Gebiet ist das Unternehmen KML Vision GmbH, das folglich ein idealer Firmenpartner für die Umsetzung unseres Projekts ist. In einer Synergie zwischen Grundlagenforschung und Entwicklung neuer Techniken wollen wir die Frage klären, wie entzündliche Prozesse in die Entstehung und die Progression von Prostatakrebs eingreifen und gleichzeitig neue Methoden für Präzisionshistologie aufbauen, für die in Zusammenarbeit mit dem Unternehmen Algorithmen basierend auf künstlicher Intelligenz entwickelt werden, die in ihre professionelle Analyse-Plattform IKOSA integriert werden können.

### Abstract

Worldwide, medical care is developing towards personalized medicine that aims at providing every patient with the best

individual treatment. However, precision medicine also necessitates precision diagnostics, which is still underdeveloped in many medical fields. Routine histology for example, the microscopic evaluation of tissue samples, usually involves the staining of a single molecular target, followed by manual examination and assessment by a pathologist. Therefore, our aim is to develop automated processes, which can provide diagnostic decision support for both clinicians and researchers based on the quantification of multiple biomarkers. In this project, we focus on prostate cancer, the most common cancer type, and the second highest reason for cancer-related death of men. For this disease, therapy decisions are often made based on histological evaluation of biopsies without exploiting the full diagnostic potential. In order to improve that, we want to apply parallel fluorescence stainings of multiple markers followed by analysis of potential correlations. For a discrimination of the various overlapping fluorescence signals we will apply modern techniques of spectral imaging, which are established in research but not yet in routine diagnostic use. Using superresolution microscopy we intend to define the exact positions of target molecules and to determine their potential colocalization for thousands of cells. Furthermore, we will utilize a quantum physical phenomenon of energy transfer to detect direct physical interactions between different molecular targets. These investigations will be combined with an automated identification of distinct tissue areas. To this end, we will apply modern strategies of image analysis based on artificial intelligence and deep learning. A specialist in that field is the company KML Vision GmbH, representing an ideal corporate partner for the implementation of our project. Building up a synergy between basic research and the development of new technology, we want to address the question, how inflammatory processes are involved in the onset and progression of prostate cancer, while simultaneously establishing new methods of precision histology. The collaboration with KML Vision will lead to the development of algorithms based on artificial intelligence, which can be integrated into their professional analysis platform IKOSA.

### **Projektkoordinator**

- Medizinische Universität Wien

### **Projektpartner**

- KML Vision GmbH