

AI-CURE

ARTIFICIAL INTELLIGENCE FOR CANCER UNDERSTANDING AND
RESPONSE EVALUATION / KI-ANALYSE HISTOPATHOLOGISCHER
MARKER IN PDAC

Abstract

Projekttitlel:

Evaluierung histopathologischer Marker des duktafen Adenokarzinom des Pankreas (PDAC) mithilfe Künstlicher Intelligenz und einem 3D-in-vivo Tumormodell

Kurztitel:

KI-Analyse histopathologischer Marker in PDAC

Einleitung:

Das duktafe Adenokarzinom des Pankreas (PDAC) ist die häufigste bösartige Erkrankung des exokrinen Pankreas und für sein aggressives Wachstum und seine hohe Therapieresistenz bekannt. Wichtige Marker wie das Tumorstroma-Verhältnis (TSR), Ki-67 und p53 weisen auf die Aggressivität des Tumors und die unkontrollierte Zellproliferation hin. Auch die immunologische Mikroumgebung wirkt sich auf die Prognose aus, wobei eine höhere Immunzellinfiltration (IC) mit einem besseren Überleben korreliert. Innovative Modelle wie das Chorion-Allantois-Membran (CAM) - Modell ermöglichen In-vivo-Tests des Tumorverhaltens und der Arzneimittelwirksamkeit. Die CAM, eine stark vaskularisierte Membran des befruchteten Hühnereis, unterstützt die Kultivierung von Primärtumoren und die Behandlung mit Chemotherapeutika. Darüber hinaus verbessert die digitale Pathologie die histopathologische Analyse, wobei die durch künstliche Intelligenz (KI) unterstützte Software QuPath die Auswertung von PDAC-Markern optimiert.

Ziel:

Ziel dieser Studie ist es, die Beziehung zwischen getesteten Chemotherapeutika und den klinisch-pathologischen Faktoren IC, Ki-67, p53 und TSR zu evaluieren, um die beste Behandlung für jeden Patienten zu bestimmen.

Methoden:

Primäres PDAC-Patientengewebe wurde auf der CAM kultiviert und mit potenziellen Chemotherapien (FOLFIRINOX, FOLFIRI, FOLFOX) behandelt. Histologisch gefärbte Tumorgewebe (H&E, Ki-67, p53) wurden vor und nach dem Wachstum auf der CAM mit QuPath analysiert. Bestimmte Regions of Interest (ROI) wurden annotiert und ein StarDist-Skript für eine präzise Zellkernsegmentierung angewendet. Wichtige Parameter wie „PixelSize“ wurden angepasst, um die Zellerkennung zu optimieren und die IC-, Ki-67- und p53-Scores zu generieren. Das Tumorstroma wurde mit einem trainierten PixelClassifier analysiert, um das Stroma vom gesunden Bindegewebe zu trennen. Diese Analysen ermöglichten die Bewertung der Chemotherapie-Effekte, indem die Immunantwort (IC-Score), die Zellproliferation (Ki-67-Score), die Mutationsrate (p53-Score) und das Tumorstroma-Verhältnis (TSR-Score) zwischen unbehandelten und behandelten Gruppen verglichen wurden. Die Korrelationsanalysen wurden mittels GraphPrism 8 und Excel (Office 16) durchgeführt.

Ergebnisse:

Der IC-Score war in mit Chemotherapie behandelten PDAC-Geweben signifikant höher als in unbehandelten oder Kontrollgeweben (mit 5% Glukose). Ähnliche Korrelationen wurden für Ki-67 und p53 beobachtet, wobei die behandelten Tumorgewebe niedrigere Ki-67- und p53-Werte im Vergleich zu unbehandelten Geweben aufwiesen. Die TSR-Werte waren in unbehandelten Tumorgeweben am höchsten. Diese Ergebnisse waren bei allen Patienten konsistent.

Projektbeteiligte:

Laura Lemberger-Viehmann, Prof. Dr. Thiha Aung, Prof. Dr. Christina Hackl, Prof. Dr. Silke Härteis

Projektpartner:

Universitätsklinikum Regensburg, Institut für Pathologie Deggendorf, Fakultät Angewandte Informatik der THD

Gefördert durch:

/

Logos:

