

Sameena Sandhu

Diagnostik und Automatisierte Auswertung der Ex vivo konfokalen Lasermikroskopie bei oralen Plattenepithelkarzinomen

Fach / Einrichtung: Medizin / Universitätsklinik Heidelberg

Doktorvater: Prof. Dr. med. Dr. med. dent. Christian Freudlsperger

Hintergrund: Plattenepithelkarzinome gehören zu den häufigsten oralen Malignomen mit einer noch immer vergleichsweise niedrigen 5-Jahres-Überlebenschance. Die derzeit standardmäßig durchgeführte intraoperative Schnellschnittdiagnostik ist eine zeitaufwändige Prozedur, deren Ergebnisse untersucherabhängig und die Übertragung in den Operationssitus fehleranfällig ist. Ex vivo FCM mit digitaler Färbung stellt eine vielversprechende Möglichkeit zur Echtzeitkontrolle des gesamten Operationssitus dar. Um die Bildinterpretation objektiver und untersucherunabhängig zu gestalten wurde in der vorliegenden Studie die Möglichkeit der automatisierten Auswertung von Plattenepithelkarzinom- Präparaten mit Hilfe von CNNs untersucht. Die ersten Ergebnisse sind bereits vielversprechend, allerdings bedarf das Trainieren des Netzwerkes durch größere Datensätze um eine höhere Sensitivität und Spezifität zu erhalten.

Fragestellung: Wie stellen sich orale Plattenepithelkarzinome nach Pseudokolorierung mittels ex vivo Konfokalmikroskopie dar und lässt sich anhand der erhaltenen Bilddatensätze ein Trainieren der KI zur automatisierten Auswertung ermöglichen?

Methodik: Für diese Studie wurden repräsentative Areale histologisch gesicherter Plattenepithelkarzinome von 20 selektierten Patienten mittels ex vivo FCM untersucht und mit korrespondierenden H&E-gefärbten Schnellschnitten verglichen. Anschließend wurden die Bilder einem neuronalen Netzwerk zugeführt, um eine automatisierte Aussage zum Vorhandensein von Tumorzellen zu erhalten.

Ergebnisse: Die automatisierte Auswertung ergab eine Sensitivität von 47% und eine Spezifität von 96% für die objektive, pathologensichere Identifikation von Tumorzellen. Wie beschrieben wurden die Zahlen durch wenige Ausreißer beeinträchtigt. Trotz der geringen Anzahl an Gewebeproben konnten bereits erste richtungsweisende Ergebnisse erzielt werden.

Schlussfolgerung: Es konnte anhand eines kleinen Kollektivs bereits eine automatisierte Auswertung durchgeführt werden mit den beschriebenen Einschränkungen. Anhand einer größeren Datensatzes sollte es in der Zukunft möglich sein, die für eine automatisierte Auswertung in Frage kommenden Subtypen besser zu identifizieren und dieser zuzuführen. Eine Erprobung im klinischen Alltag mit korrelierender Schnellschnittdiagnostik ist sinnvoll und auch in diesem Stadium bereits anzuraten.