

Artur-Pappenheim-Preis

Der Artur-Pappenheim-Preis ist für eine wissenschaftliche Arbeit bestimmt, die sich mit klinischen, experimentellen oder theoretischen Fragen der Hämatologie befasst.

Preisträger

Dr. Dr. med. MSc. Christian Matek, Erlangen

Originaltitel der Arbeit

„Highly accurate differentiation of bone marrow cell morphologies using deep neural networks on a large image data set“

Journal

Blood



Lebenslauf

Dr. Dr. med. MSc. Christian Matek (Jahrgang 1986) studierte Physik an der Ludwig-Maximilians-Universität München und Medizin an der LMU und der TU München sowie in Zürich. Nach seiner Promotion in theoretischer Physik an der University of Oxford und einem Aufenthalt an der Ecole Normale Supérieure in Paris begann er auf dem Gebiet der Analyse medizinischer Bilddaten mit Methoden der künstlichen Intelligenz zu arbeiten. Im Rahmen seiner medizinischen Doktorarbeit bei Prof. Dr. Karsten Spiekermann an der Medizinischen Klinik III des LMU Klinikums München (Direktor: Prof. Dr. Dr. M. von Bergwelt) und Dr. Carsten Marr am Helmholtz-Zentrum München entwickelte er als Stipendiat der Deutschen José Carreras Leukämie-Stiftung einen Algorithmus zur Erkennung von Blasten der akuten myeloischen Leukämie im peripheren Blut. Während eines anschließenden Postdoktorats am Helmholtz-Zentrum München gelang in Zusammenarbeit mit dem Münchner Leukämie Labor (Prof. Dr. Dr. T. Haferlach) die Erweiterung dieser Methodik auf die morphologische Klassifikation von Knochenmarkszellen. Seit 2021 ist Christian Matek Arzt in Weiterbildung am Pathologischen Institut des Universitätsklinikums Erlangen und führt seine Forschung zur KI-unterstützten Morphologiediagnostik fort.

Zusammenfassung der Arbeit

Auch 150 Jahre nach ihrer Einführung bleibt die Zytomorphologie eine wesentliche und weithin schnell verfügbare Methode in der Leukämiediagnostik. Bis heute erfolgt die Befundung von Blut- und Knochenmarksausstrichen durch direkte Begutachtung und manuelle Auszählung am Lichtmikroskop. Hierbei werden verschiedene maligne und nichtmaligne Zelltypen differenziert und quantifiziert. Angesichts der bedeutenden Fortschritte der letzten Jahre auf dem Gebiet der Bildklassifikation durch Methoden der künstlichen Intelligenz und insbesondere des „Deep Learning“ eröffnet sich die Möglichkeit, mit Hilfe dieser neuartigen Techniken Algorithmen zu entwickeln, welche die Zellklassifikation unterstützen und so zu einer schnelleren und quantitativ genaueren Auswertung der Präparate beitragen. Hierzu sind ausreichend große Bilddatensätze nötig, anhand derer die Algorithmen trainiert und getestet werden können. Im Rahmen der vorgestellten Arbeit wurde ein Datensatz von über 170.000 Einzelzellbildern aus einer Kohorte von 945 Patienten verwendet, um einen Klassifikator für Zellen des blutbildenden Systems im Knochenmark zu entwickeln, dessen Genauigkeit bisherige

automatische Klassifikationssysteme übertrifft. Mithilfe von Methoden der erklärbaren künstlichen Intelligenz gelingt ferner die Darstellung von für den Algorithmus relevanten Bildeigenschaften.