

Unternehmensporträt

HS-Analysis GmbH – Mit digitaler Histologie den Weg für neue Medikamente ebnen

Gewebeprobe automatisch analysieren. Das klingt nach Zukunftsmusik, ist aber schon Realität. Die HS-Analysis GmbH kann mit Hilfe von künstlicher Intelligenz Gewebeprobe automatisch interpretieren und so die Entwicklung neuer Medikamente einen entscheidenden Schritt voranbringen.

Der KIT-Absolvent und Diplom-Volkswirt Sergey Biniaminov leitet als geschäftsführender Gesellschafter die HS Analysis GmbH aus Karlsruhe, Eggenstein-Leopoldshafen. HS Analysis steht für High Scale Analysis, also für das Management großer Datenmengen, und fokussiert sich auf eine effizientere Medikamentenentwicklung. Das Unternehmen beschäftigt IT Spezialisten, Wissenschaftler und Künstler, die sich zum Ziel gesetzt haben, das Vertrauen in die künstliche Intelligenz im Bereich Life Science zu stärken. „Das Team ergänzt sich sehr gut mit den unterschiedlichen Fachrichtungen. Diese Interdisziplinarität ist ein Grundfaktor für ein schnelles Wachstum und eine nachhaltige Entwicklung unseres Unternehmens“, erklärt Biniaminov.

Automatisierte digitale Histologie



Die HS-Analysis GmbH entwickelt unter anderem für Forscher und Pathologen in der Pharmazeutischen Industrie und an Universitätskliniken eine Software für die automatische Analyse von Gewebeproben. Die in den Unternehmen beziehungsweise Instituten hergestellten Gewebeproben werden mittels eines Mikroskopier-Roboters, eines sogenannten Slide Scanners, digitalisiert und im Anschluss durch die Software der HS-Analysis analysiert. Das Schlüsselement in diesem Forschungsbereich ist laut Biniaminov das Whole Slide Imaging (WSI) mit Digitalscannern. Denn mit WSI können ganze Gewebeproben in hoher mikroskopischer Auflösung digitalisiert werden.

Auf Basis dieser Scans, die der Kunde der HS-Analysis GmbH mit seinem Slide Scanner selbst erzeugt, können die Entwickler das Training der Software zur Auswertung der Gewebeproben beginnen. Im Anschluss kann die Software die Bilder der Gewebeproben des Kunden automatisch analysieren. Das können einfache Dinge sein, wie Farbanteile im Bild, bis hin zu komplizierteren Fragestellungen, wie morphologische Eigenschaften im Gewebe, die dann ausgewertet werden. Um komplizierte Analysen möglich zu machen, muss man ein Deep-Learning-Verfahren anwenden. Anhand von Beispielen wird der Software beigebracht, wie die Probe zu analysieren ist. Dazu kann der Algorithmus beispielsweise mit ungefähr 100.000 Mustern trainiert werden. Dabei werden aus einem Gewebeschnitt verschiedene Ausschnitte verwendet, sodass für das Training in diesem Beispiel etwa 70 Gewebeschnitte benötigt wurden. "Wir haben uns zum Ziel gesetzt, ein entsprechendes Training der neuronalen Netze zu ermöglichen, bei dem die Datenmenge deutlich geringer ist", erklärt der Experte.

Automatisierung in der Pharmaforschung



So kann die Software zur Auswertung der Gewebeproben aussehen. Die Software wird für jeden Kunden individuell gestaltet.
© HS-Analysis GmbH

Die Software ermöglicht es zudem, den digitalisierten histologischen Schnitt am Bildschirm in einer stufenlosen Vergrößerung anzuzeigen. Mit einem Mikroskop wäre dies nur in festen Stufen möglich. Damit Forscher einen hohen Durchsatz bei der Analyse von Proben erreichen, setzen sie häufig auf sogenannte Tissue Microarrays (TMA). Bei dieser Technik werden auf Objektträgern kleine Gewebescheiben dicht nebeneinander angeordnet, um möglichst viele Biopsien gleichzeitig zu analysieren. Bei einem hohem Durchsatz ist die Analyse mit der Software sehr hilfreich, weshalb die Entwickler darauf achten, dass die Software für TMA-Untersuchungen verwendbar ist.

Schneller den richtigen Wirkstoff finden

Begibt sich ein pharmazeutisches Unternehmen auf die Suche nach einem neuen Wirkstoff, so wird häufig mit digitalisierten histologischen Schnitten gearbeitet. Dabei wird der Effekt der Wirkstoffkandidaten mithilfe von Gewebeproben untersucht. Die Software der HS-Analysis GmbH ermöglicht es, die Gewebeproben deutlich schneller als mit herkömmlichen Methoden zu analysieren. „Die Kunden bekommen von uns eine modulare und skalierbare Lösung, um die Bearbeitung der Studien zu beschleunigen, Zeit und Kosten einzusparen und damit eine höhere Kapitalrendite zu erzielen“, berichtet Biniaminov. Die Software ist dabei auf dem neusten Stand der Algorithmenik und bietet einen hohen Grad der Usability.

Digitale Histologie für alle Organe

Die größten Erfahrungen konnte das Unternehmen bisher mit den Organen Niere und Gehirn sammeln. Die Software konnte zum Beispiel die Nieren-Glomeruli, also die Nierenkörperchen, automatisch erkennen. Die Nierenkörperchen liegen in der Rinde der Niere. Sie beinhalten den Harnfilter, der dafür sorgt, dass der Primärharn aus dem Blut abfiltriert wird. Die Software der HS-Analysis kann fibrotische Veränderungen in den Nierenkörperchen erkennen, die immer dann entstehen, wenn Gewebe kaputt geht und durch eine bindegewebsartige Proteinmatrix ersetzt wird.

Neben der Analyse von organspezifischen Geweben, wie zum Beispiel Lunge, Herz oder Darm, ist Krebs das große Thema der HS-Analysis GmbH. Dazu gehören Analysen von krebsspezifischen Markern. Bei Tumoren sind zudem auch Blutgefäß-Analysen interessant. Durch die immunhistochemische Markierung von Blutgefäßen, also eine Antikörperfärbung, können die Anzahl der Blutgefäße und deren Flächenanteil im Gewebe bestimmt werden. Unabhängig von Gewebetyp und Krankheit wird jedoch eines durch Biniaminovs Ausführungen klar: Mithilfe der Software kann bei der Suche nach neuen Wirkstoffkandidaten Zeit gespart werden. Und so liefert die digitale Histologie einen Beitrag, um die Lebensqualität der Patienten möglichst schnell zu verbessern.