

Identificación del proyecto

Nombre del proyecto

Tratamiento personalizado del cáncer de mama por determinación del subtipo molecular y modelado de la recaída mediante procesamiento computacional de imágenes digitales

Expediente numero

DPI2016-77415-R

Descripción del proyecto

Existe una tendencia imparable hacia la medicina personalizada con el objetivo de conseguir tanto un diagnóstico como un tratamiento y un seguimiento más efectivos para cada paciente. En esta línea se propone el proyecto P-BreasTreat, orientado al tratamiento personalizado del cáncer de mama mediante el desarrollo de nuevas técnicas computacionales de análisis de imagen y datos. El propósito final es mejorar la eficacia de los métodos actuales de determinación del nivel de malignidad en tumores asociados a dicho cáncer, así como derivar modelos para prevenir recaídas y aumentar la calidad de vida de las pacientes. En la actualidad, los programas de cribado del cáncer de mama se centran en el análisis de imágenes de mamografía, ultrasonido, elastografía, resonancia magnética y tomosíntesis. Sin embargo, una vez diagnosticado el tumor y dada la alta variabilidad de progresiones clínicas, se carece de biomarcadores que permitan clasificar el tipo de cáncer y predecir su comportamiento. Por tanto, la determinación de dichos biomarcadores en imágenes mamográficas es crucial para el manejo clínico de las pacientes, al permitir mejorar tanto el diagnóstico y la estadificación como la evaluación de la supervivencia, la respuesta al tratamiento y la predicción de recaída debido a metástasis. En conclusión, una evaluación personalizada, rápida y precisa de los biomarcadores obtenidos a partir de diferentes modalidades de imágenes proporcionará información relevante para el posterior tratamiento de las pacientes, especialmente aquellas con peor pronóstico o en riesgo de sufrir recidiva. El proyecto P-BreasTreat desarrollará tecnologías informáticas para la distinción y cribado inicial de los 4 subtipos moleculares del cáncer de mama (Luminal A, Luminal B, Her2+ y Triple Negativo) como soporte avanzado al análisis patológico tradicional. El impacto estará enfocado a reducir el número de biopsias y los efectos psicológicos adversos en las pacientes. Para ello, se diseñarán métodos específicos de análisis de imagen médica mediante técnicas de visión por computador e inteligencia artificial, orientados a la confección de nuevos biomarcadores adaptativos. Una vez identificado el subtipo molecular, se diseñarán modelos computacionales personalizados para el diagnóstico y seguimiento de las pacientes tratadas con neoadyuvancia, cirugía conservadora y radioterapia, proporcionando así nuevas herramientas para la previsión de recaída (ya sea local o a distancia) del cáncer de mama, anticipando medidas correctivas que mejoren el ratio de curación. Estos modelos también permitirán evidenciar puntos críticos del tratamiento o discrepancias con los estándares terapéuticos (análisis de la adherencia). Para ello se usarán técnicas de minería de procesos, aplicados a los datos evolutivos de las pacientes. Cabe destacar que los objetivos tecnológicos que se proponen en este proyecto son relevantes desde el punto de vista socio-económico, puesto que contribuyen a uno de los retos fundamentales de la sociedad: la salud. Por consiguiente, se vislumbran posibilidades reales de transferencia de las técnicas que se obtengan, como lo demuestra el interés suscitado por el proyecto por parte de diversas entidades. El equipo de la URV también está liderando un consorcio internacional para la presentación de una propuesta en la convocatoria MSCA-ITN- 2017 del H2020, como extensión de los objetivos que se plantean en este proyecto.

Financiación

Entidad financiadora

Ministerio de Economía, Industria y competitividad, Agencia Estatal de Investigación (AEI) y Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER)

Importe

94.380,00

Este proyecto está cofinanciado por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER). "Una manera de hacer Europa"

