

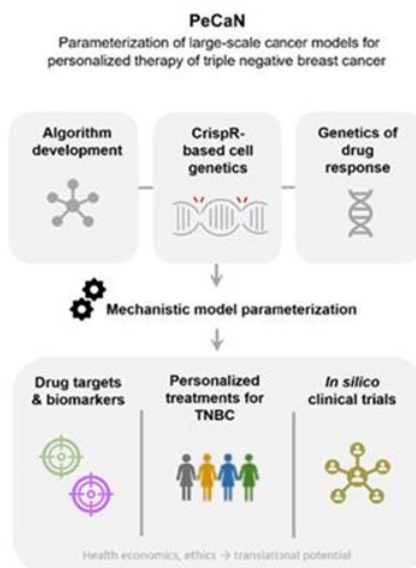
Parametrizarea modelelor de cancer la scară largă în vederea tratării personalizate a cancerului mamar triplu negativ-PeCaN

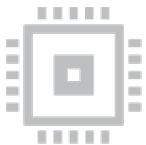
Descriere:

Cancerul mamar triplu negativ (TNBC) reprezintă un grup de cancer mamar agresiv, cu rate mari de recidivă, prognostic slab de supraviețuire și opțiuni limitate de tratament. Căutarea unor tratamente eficiente personalizate reprezintă o necesitate medicală critică. Proiectul PeCaN își propune să abordeze această provocare prin dezvoltarea de modele de calcul avansate, care să prezică modul de răspuns al pacientului la tratamente personalizate, pe baza unei analize moleculare profunde a pacientului și a tumorii. Concret, se concentrează pe rezolvarea celei mai dificile probleme în dezvoltarea de astfel de modele și anume pe identificarea regiunilor aferente spațiului parametrilor din modelul de calcul care oferă cele mai exacte predicții. În acest scop, s-au combinat noi abordări de optimizare a parametrilor, inteligența artificială, genetica CRISPR și tehnici de tip „omics”, pentru a putea genera modele parametrizate care pot fi folosite în prezicerea reacțiilor pacientului la terapii specifice, precum și pentru dezvoltarea de medicamente noi și de identificare de biomarkeri. Predicțiile generate de model vor fi evaluate clinic, furnizând astfel dovezi reale ale utilității lor.

Tehnologii: CRISPR, AI

Durata: 42 luni (2020 – 2023) **Finanțator:** UEFISCDI **Buget:** 249.400 EUR **Coordonator:** conf. dr. ing. Simona Coman





Parametrizarea modelelor de cancer la scara largă în vederea tratării personalizate a cancerului mamar triplu negativ-PeCaN

Rezultate: PeCaN abordează predicția reacției tumorii la medicamentele mecaniciste disponibile prin stabilirea de modele individuale ale fiecărei tumori. În cadrul acestui proiect, s-au făcut progrese foarte semnificative în stabilirea și parametrizarea acestui tip de model. De asemenea, s-au făcut progrese semnificative și într-o a doua problemă, generarea cantităților mari de date necesare parametrizării acestor modele, bazate pe genetica CrispR la nivelul celulelor unice. Pe măsură ce calitatea unor astfel de analize cu o singură celulă se îmbunătățește, iar costurile de construire și analiză de biblioteci foarte mari scad, această abordare va găsi utilizări în multe alte domenii ale cercetării biomedicale.

Publicații:

1. Cosmin-Ioan Nita, Takashi Suzuki, Lucian Mihai Itu, Viorel Mihalef, Hiroyuki Takao, Yuichi Murayama, Puneet Sharma, Thomas Redel, Saikiran Rapaka, An Automated Workflow for Hemodynamic Computations in Cerebral Aneurysms, Computational and Mathematical Methods in Medicine, Vol. 2020, 2020, DOI 10.1155/2020/5954617.
2. Simona Coman, Diana Iosif, AnesthesiaGUIDE: a MATLAB Tool to Control the Anesthesia, SN Applied Sciences, Vol. 4, Issue: 1, January 2022, DOI: 10.1007/s42452-021-04885-x