

Inovatívny skrining rakoviny pľúc pomocou genomickej analýzy kondenzátu vydychovaného vzduchu podporenej modelom strojového učenia

Spoločnosť Geneton, s.r.o. sa podieľa na realizácii projektu financovaného zo zdrojov štátneho rozpočtu prostredníctvom schémy štátnej pomoci v gescii Agentúry na podporu výskumu a vývoja. Z celkových nákladov 190 850,00 EUR, sú pre potreby spoločnosti Geneton s.r.o. alokované prostriedky v celkovej výške 50 260,00 EUR.

Názov a sídlo prijímateľa: Univerzita Komenského v Bratislave - Vedecký park, Ilkovičová 8, 841 04 Bratislava

Akronym projektu: INHALE

Názov projektu: Inovatívny skrining rakoviny pľúc pomocou genomickej analýzy kondenzátu vydychovaného vzduchu podporenej modelom strojového učenia

Kód projektu: APVV-23-0520

Cieľ projektu: Cieľom tohto projektu je riešiť rakovinové zaťaženie so zameraním na pľúcne malignity ako hlavnú príčinu úmrtí súvisiacich s rakovinou na svete. Nedávne štúdie naznačujú, že nedostatočné skriningové stratégie a absencia vhodných diagnostických markerov vedú k neskorej diagnóze, a tým podporujú rezistenciu rakoviny na liečbu. Projekt preto skúma inovatívne, menej invazívne skriningové prístupy so zameraním na analýzu extracelulárnej DNA (cfDNA) z kondenzátu vydychovaného dychu (EBC) ako alternatívu k tekutým biopsiám na báze krvi. Vydychovaný dych obsahuje respiračné kvapôčky, ktoré môžu obsahovať nukleové kyseliny a rôzne infekčné agensy pochádzajúce z epitelovej výstelky dýchacieho traktu. Biopsia dychu teda môže byť sľubným neinvazívnym zdrojom genetického materiálu na analýzu pľúcnych patológií vrátane rakoviny a mikrobiálnych infekcií. Štúdiu však komplikuje nízky výťažok cfDNA vo vydychovanom dychu, takže je potrebné optimalizovať odber EBC vzoriek a použiť citlivé techniky na genetickú analýzu, ako je masívne paralelné sekvenovanie novej generácie (MPS). Okrem toho by sa mohla použiť na analýzu vzoriek s extrémne nízkym výťažkom genetického materiálu metóda nested PCR (NPCR), pretože výrazne zlepšuje špecifickosť a citlivosť detekcie, čo je kľúčové pre komplexnú analýzu

mikrobiálnej diverzity. Navyše vyhodnotenie genomických údajov za pomoci modelov strojového učenia otvára nové paradigmy analýzy cfDNA, a tak by mohlo spôsobiť revolúciu v neinvazívnom skríningu rakoviny. Treba tiež poznamenať, že projekt je podporený našimi predbežnými výsledkami, ktoré naznačujú sľubný potenciál navrhovanej metodológie pre biomedicínske aplikácie, dokonca aj pri nepatrných množstvách nukleových kyselín v telových tekutinách.

Spoluriešiteľské organizácie:

- GENETON s.r.o., Ilkovičova 8, 84102 Bratislava
- Univerzita Komenského v Bratislave – Prírodovedecká fakulta, Šafárikovo námestie 6, 81499 Bratislava
- Univerzita Komenského v Bratislave - Jesseniova lekárska fakulta v Martine, Šafárikovo námestie 6, 81499 Bratislava