

Κωδικός Έργου: TAEDR-0541976

Τίτλος Πράξης: PRO-sCAP – Ολιστική μοριακή προσέγγιση των μηχανισμών ανοσολογικής βλάβης σε ασθενείς με σοβαρή πνευμονία

Παραδοτέο Π8.2 — Σύστημα αυτόματου συμπερασμού για την κατηγοριοποίηση των ασθενών με sCAP σε ομάδες κινδύνου

Ενότητα Εργασίας (ΕΕ): ΕΕ8 – Βιοδείκτες και Προγνωστικά μοντέλα μηχανικής μάθησης

1. Σύντομη Περιγραφή Παραδοτέου

Το Παραδοτέο Π8.2 αφορά την ανάπτυξη ενός ολοκληρωμένου συστήματος αυτόματου συμπερασμού και προγνωστικής κατηγοριοποίησης ασθενών με σοβαρή πνευμονία (sCAP) σε ομάδες κινδύνου, μέσω της ενσωμάτωσης κλινικών και πολυομικών δεδομένων. Στόχος του παραδοτέου ήταν η ανάπτυξη αλγοριθμικού πλαισίου μηχανικής μάθησης για την πρόβλεψη λοιμωδών επιπλοκών και δυσμενούς κλινικής έκβασης.

2. Κύρια Αποτελέσματα

Στο πλαίσιο του παραδοτέου αναπτύχθηκε ολοκληρωμένη υπολογιστική ροή ανάλυσης δεδομένων μεταγραφώματος single-cell RNA sequencing (scRNA-seq), αξιοποιώντας τεχνικές AutoML και αλγορίθμους μηχανικής μάθησης. Τα δεδομένα αναδιοργανώθηκαν σε pseudo-bulk μήτρες γονιδιακής έκφρασης και ενσωματώθηκαν σε μοντέλα δυαδικής ταξινόμησης για την πρόβλεψη μυκητιακών επιπλοκών και φάσεων ανοσοπαράλυσης. Η ανάλυση οδήγησε στην ταυτοποίηση διακριτών γονιδιακών υπογραφών που διαχωρίζουν ασθενείς με COVID-19, COVID-associated pulmonary aspergillosis (CAPA) και φαινότυπους ανοσοπαράλυσης.

3. Επιστημονικός και Κλινικός Αντίκτυπος

Το παραδοτέο ανέδειξε τη δυνατότητα αξιοποίησης προηγμένων μεθόδων μηχανικής μάθησης και πολυομικής ανάλυσης για την ανάπτυξη προγνωστικών μοντέλων ιατρικής ακριβείας σε ασθενείς με σοβαρή πνευμονία. Οι γονιδιακές υπογραφές και τα μοντέλα ταξινόμησης δημιουργούν σημαντικές προοπτικές για έγκαιρη εκτίμηση κινδύνου και υποστήριξη κλινικών αποφάσεων.

4. Δυνατότητα Αξιοποίησης

Το αλγοριθμικό πλαίσιο που αναπτύχθηκε μπορεί να αποτελέσει τη βάση για μελλοντικά συστήματα υποστήριξης κλινικής απόφασης και πλατφόρμες ιατρικής ακριβείας. Οι

υπολογιστικές ροές εργασίας και οι γονιδιακές υπογραφές μπορούν να αξιοποιηθούν σε επεκτάσιμες κλινικές εφαρμογές και σε μελλοντικές μελέτες επικύρωσης βιοδεικτών.

5. Περιορισμοί Δημοσιοποίησης

Δημοσιοποιείται συνοπτική έκδοση του παραδοτέου. Αναλυτικά datasets, εκπαιδευμένα μοντέλα μηχανικής μάθησης, πλήρη pipelines και μη δημοσιευμένα βιοπληροφορικά αποτελέσματα δεν δημοσιοποιούνται πλήρως στο παρόν στάδιο λόγω συνεχιζόμενης επιστημονικής αξιοποίησης. Δημοσιευμένα αποτελέσματα και κώδικες θα είναι διαθέσιμα στο <https://precision-medicine-cap.gr/research/> και όλα τα άρθρα είναι ανοικτής πρόσβασης.

6. Ενδεικτικές Τεχνολογίες και Αναλύσεις

- Single-cell RNA sequencing (scRNA-seq)
- Pseudo-bulk transcriptomic analysis
- AutoML και machine learning pipelines
- Random Forest και LASSO classifiers
- Batch correction και dimensionality reduction
- Feature selection και γονιδιακές υπογραφές
- Predictive modeling και risk stratification



Με τη χρηματοδότηση
της Ευρωπαϊκής Ένωσης
NextGenerationEU

Η δράση PRO-sCAP χρηματοδοτήθηκε στο πλαίσιο της Δράσης «Εμβληματικές δράσεις σε διαθεματικές επιστημονικές περιοχές με ειδικό ενδιαφέρον για τη σύνδεση με τον παραγωγικό ιστό», μέσω του Εθνικού Σχεδίου Ανάκαμψης και Ανθεκτικότητας «Ελλάδα 2.0», με χρηματοδότηση από την Ευρωπαϊκή Ένωση – NextGenerationEU.