

Peter Račay

Ústav lekárskej biochémie,
Jesseniova lekárska fakulta v Martine, Univerzita Komenského v Bratislave
racay@jfmed.uniba.sk

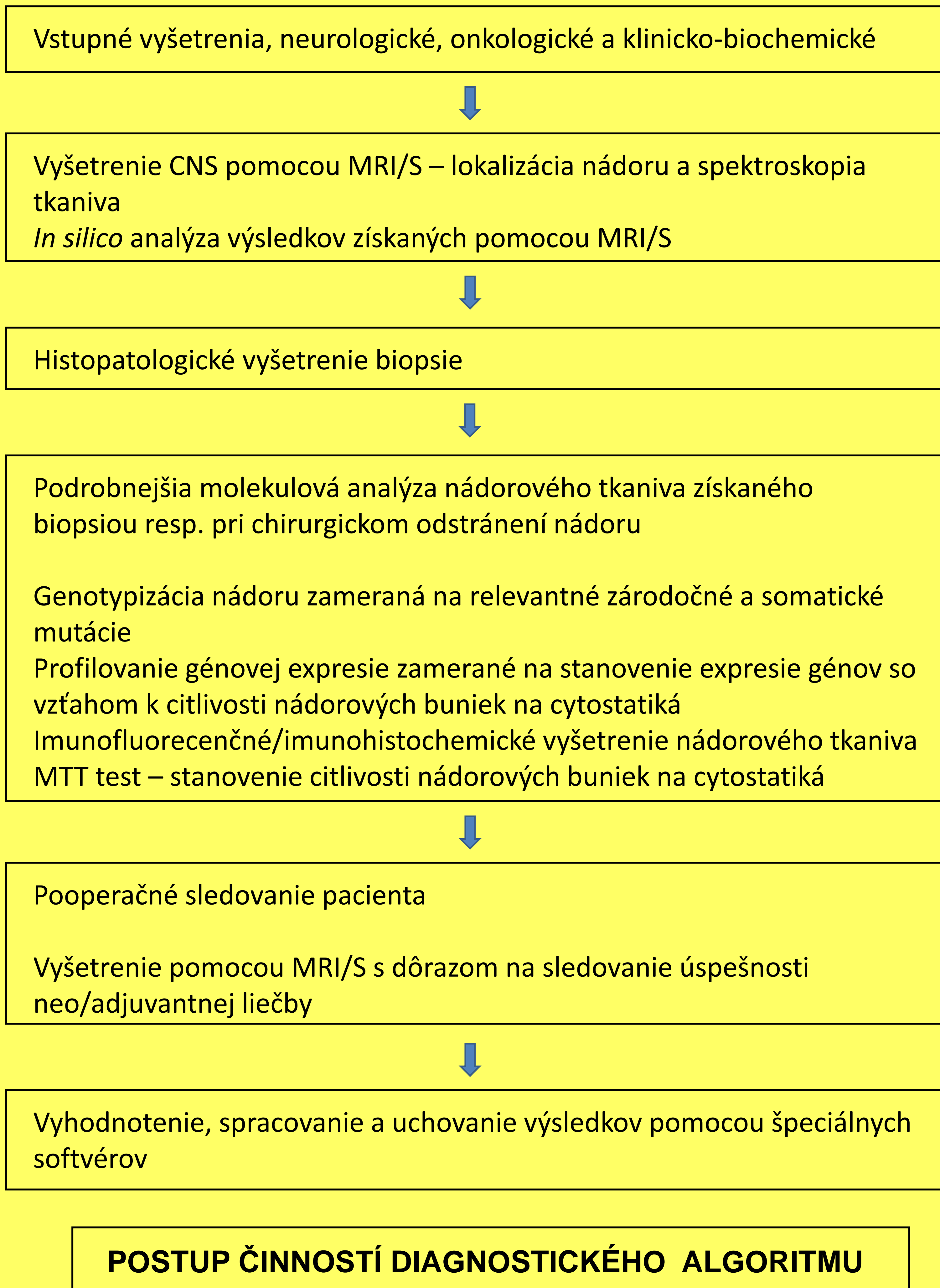
ÚVOD

V prípade nádorov CNS sa na zlej prognóze významnou mierou podpisujú anatomická pozícia a komplikovaná patobiochémia či heterogenita nádorov [1]. Ďalším významným limitujúcim faktorom je častá nedostupnosť či nedostatočná kvalita tkaniva odobratého na histopatologické vyšetrenie čo vedie k tomu, že pacient je liečený len na základe rádiologických zobrazovacích vyšetrení [1]. Napriek pokrokom v biologickej a kombinačnej liečbe sa vo všeobecnosti javí efektívnosť cytostatickej liečby malígnych ochorení stále nedostatočná [2]. Postupne sa v liečbe niektorých malignít mozgu zavádzajú aj iné látky, ktoré nereprezentujú klasické cytostatiká ale patria do kategórie biologickej liečby [2]. Tento typ liečby čiastočne predlžuje život pacientov, ale nezvyšuje pravdepodobnosť ich vyliečenia. Okrem výskumu a vývoja nových látok, postupov a liečebných protokolov, ktoré selektívne ničia maligne bunky pričom sú šetrné k normálnym bunkám, je teda nevyhnutnosťou aj vypracovanie nových diagnostických algoritmov umožňujúcich jednak včasnejšiu a presnejšiu diagnostiku ochorenia v menej agresívnom štádiu ako aj zohľadnenie personálnych individualít konkrétnych pacientov z hlavným cieľom výberu optimálnej liečby.

CIEĽ

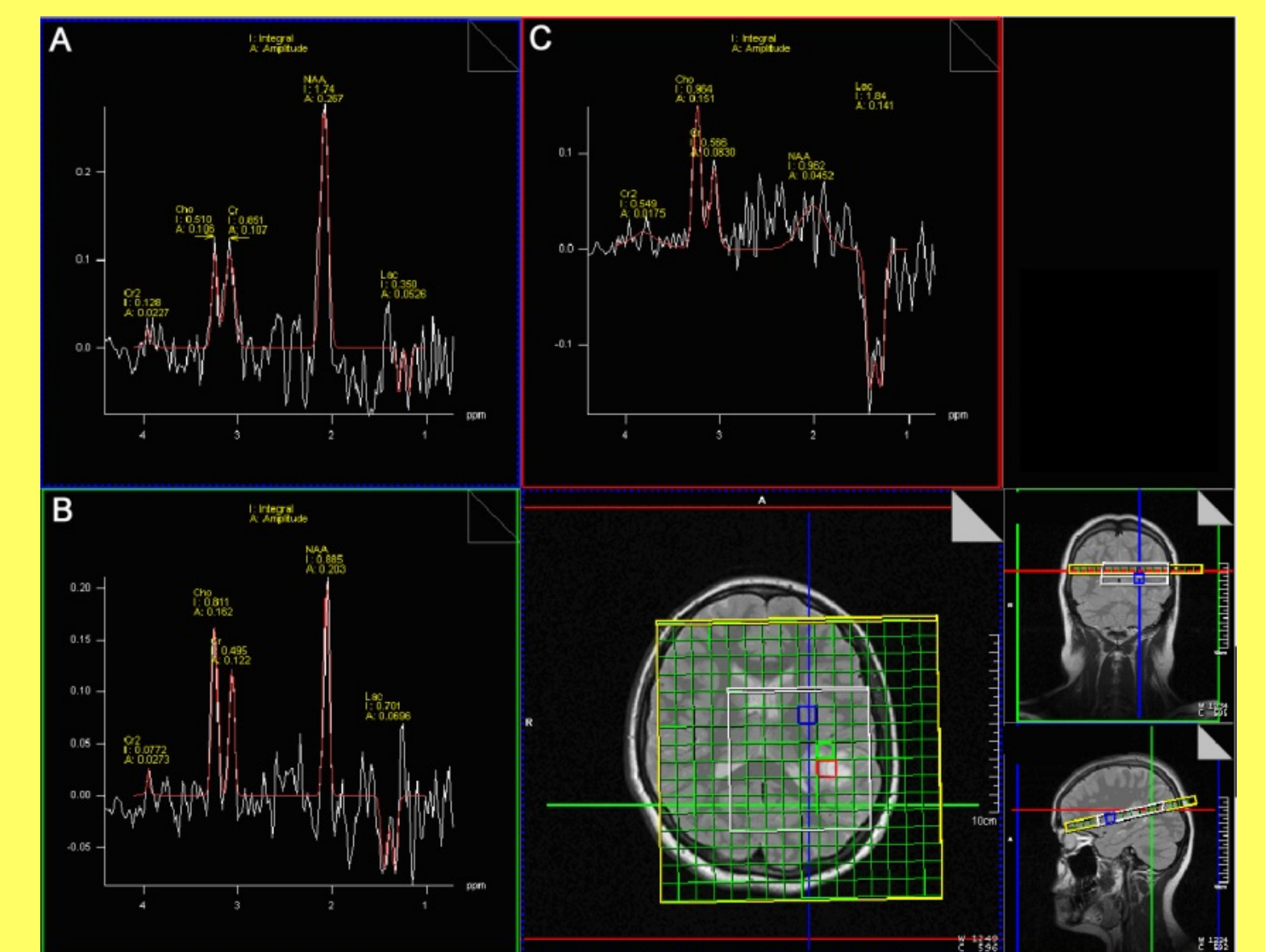
Vytvorenie návrhu nového diagnostického algoritmu, ktorý počíta s využitím kombinácie viacerých rôznych na sebe nezávislých diagnostických prístupov na báze zobrazovacích a morfológických metód s metódami molekulo-genetickej analýzy, individualizovanej liečby a monitorovaní remisie/progresie nádorových ochorení CNS. Súčasťou nového diagnostického algoritmu má byť aj použitie softvérovej architektúry pre podporu diagnostických a terapeutických postupov, ktorý pozostáva z aplikačnej vrstvy slúžiacej na analýzu údajov získaných pomocou MRI.

VÝSLEDKY



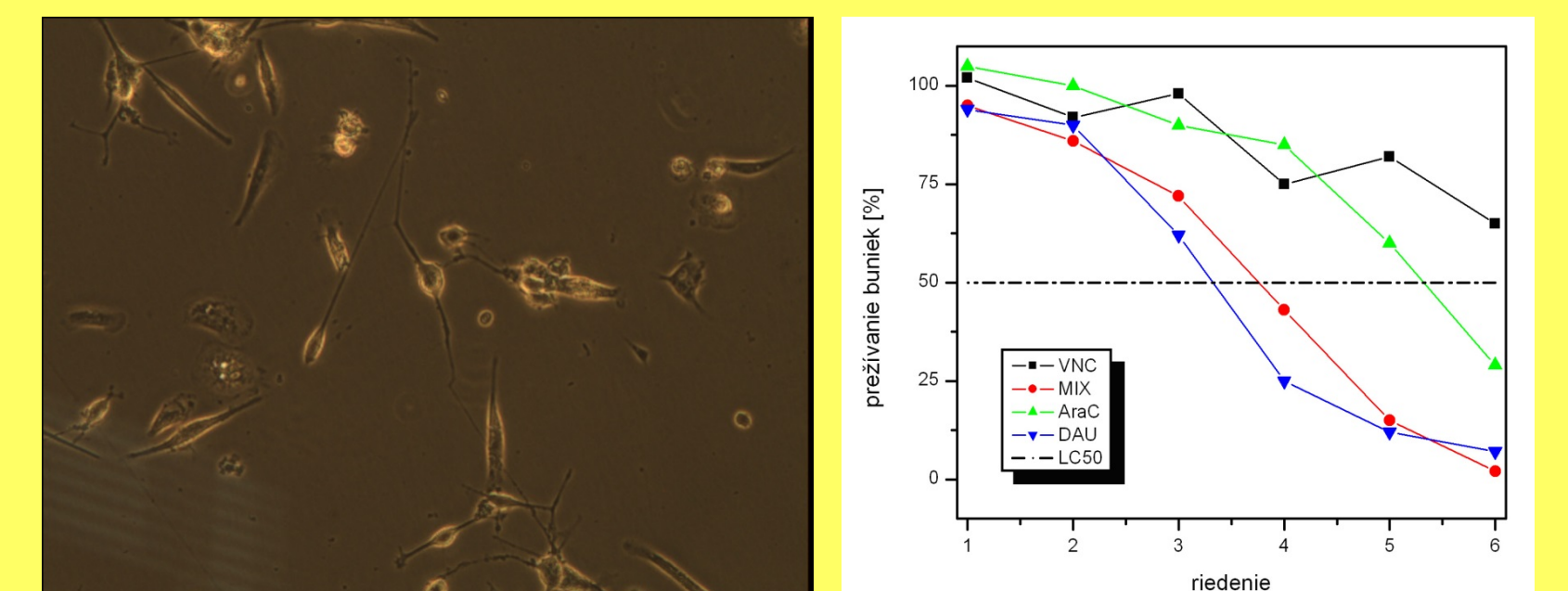
Využívané technológie

MRI/S



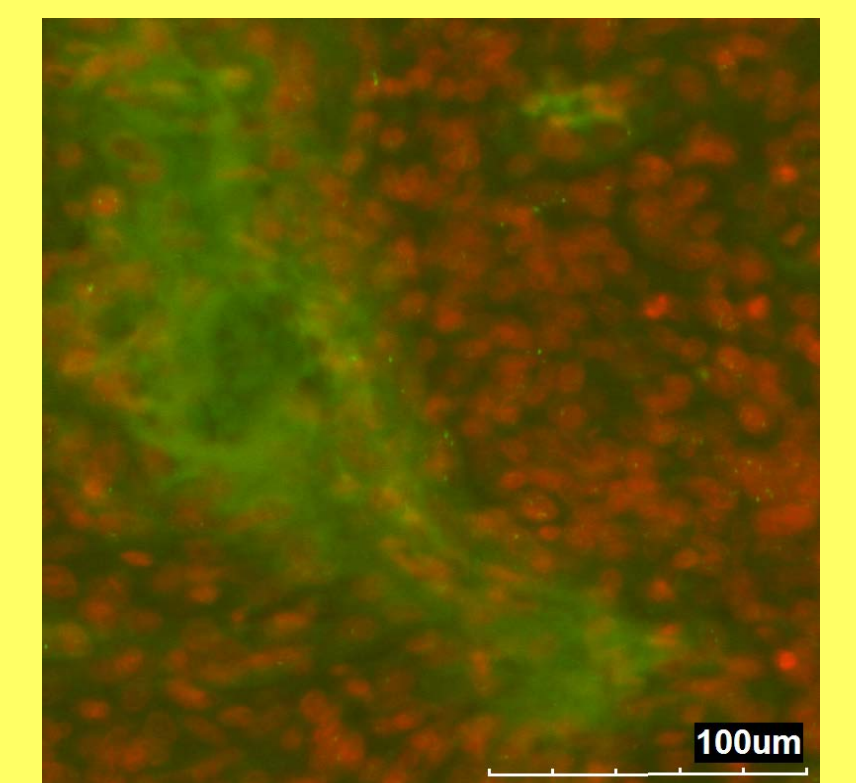
Obr. 1. Príklad zobrazenia CNS pomocou MRI/S.
A – spektrum zdravého tkaniva, B – spektrum hraničnej oblasti,
C – spektrum nádoru

MTT



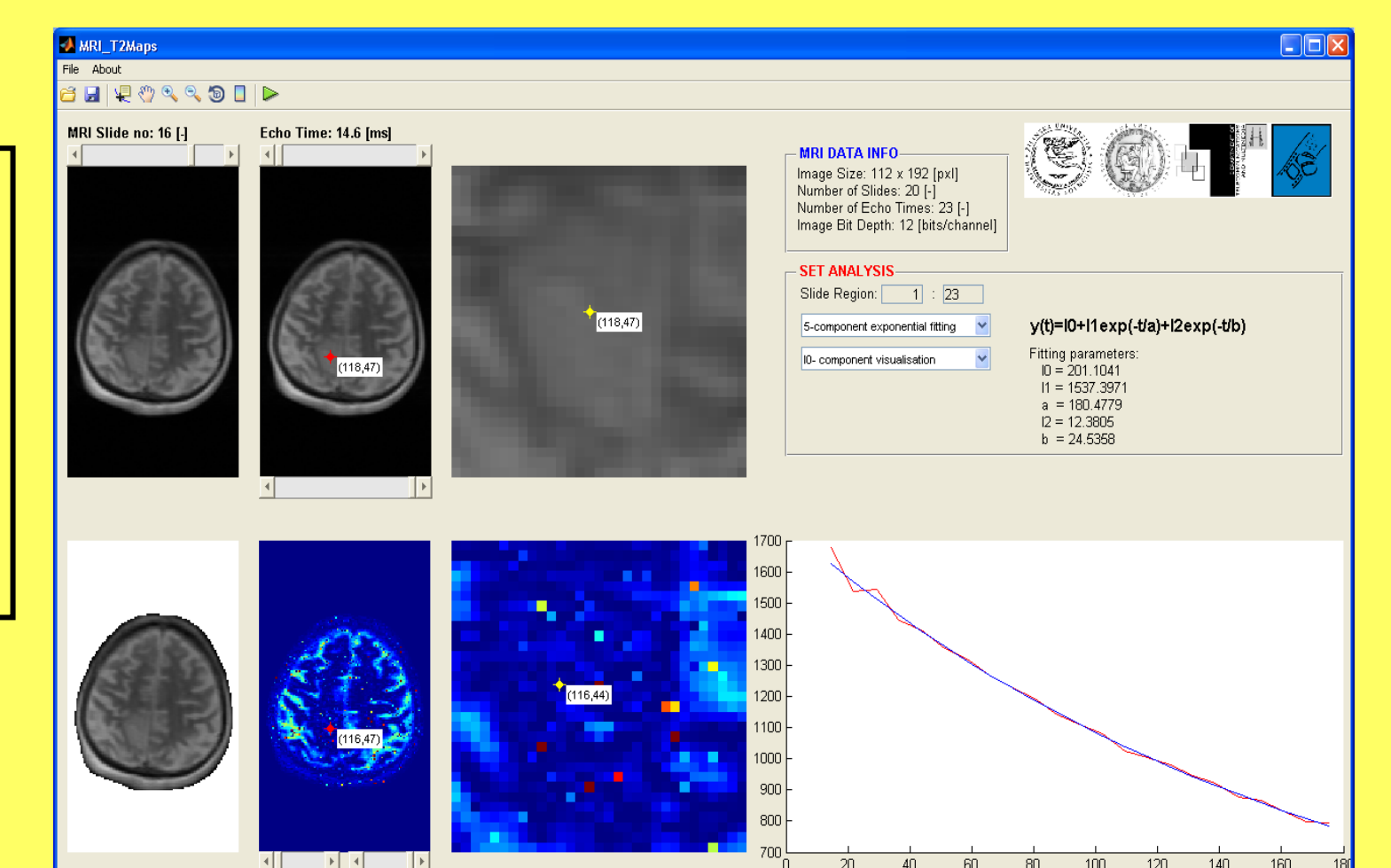
Obr. 2. Nádorové bunky izolované z glioblastómu po jeho chirurgickom odstránení a ich citlivosť na cytostatiká.

Konfokálny mikroskop



Obr. 3. Imunofluorecenčná analýza nádoru konfokálnym mikroskopom

Analytický software
T2 MAPS



Obr. 4. T2 MAPS v režime dvojkomponentového fitovania signálu

ZÁVER

Vypracovaný návrh nového diagnostického algoritmu počíta s využitím kombinácie diagnostických prístupov na báze zobrazovacích a morfológických metód s metódami molekulo-genetickej analýzy, individualizovanej liečby a monitorovaní remisie/progresie nádorových ochorení CNS.

PODPORENÉ - Štrukturálne fondy EÚ ITMS kód projektu: 26220220022

LITERATÚRA

- [1] Kalina P, Jurga L.M. Nádory centrálného nervového systému. Klinická a radiačná onkológia. Druhý diel, s. 789-806. Osveta Martin 2010.
- [2] Kalina P. Chemoterapia nádorov centrálnej nervovej sústavy. Onkológia (Bratisl.). 2010, 5:128–131.