



ALMA MATER STUDIORUM
UNIVERSITÀ DI BOLOGNA

Come i Big Data possono aiutarci nella lotta al cancro

Rimini – 23/11/2021

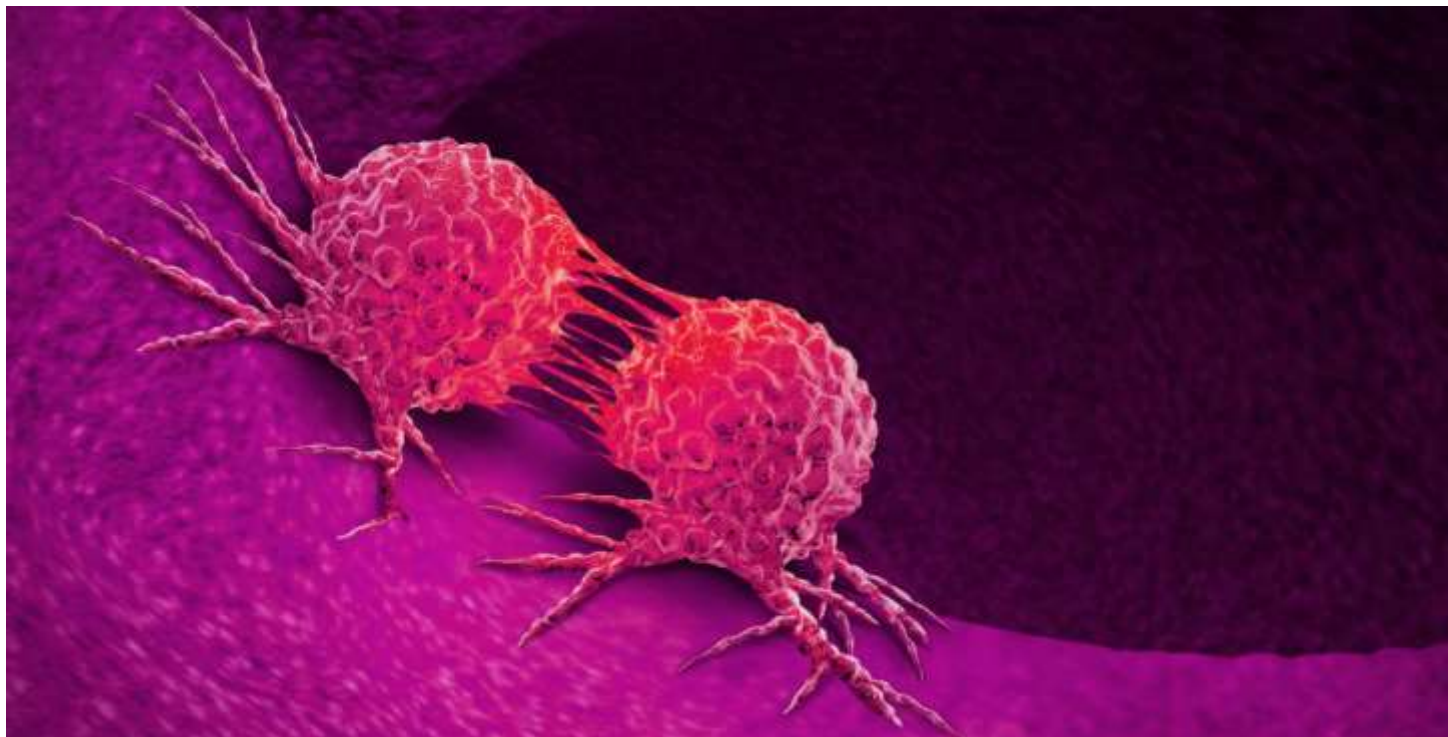
Valentina Pellicioni

Studente di Dottorato in «Scienza e Cultura del Benessere e degli Stili di Vita»

Dipartimento di Scienze per la Qualità della vita

Che cos'è il cancro?

Con i termini "**cancro**" e "**tumore**", si fa riferimento ad un gruppo di patologie caratterizzate dalla **proliferazione non controllata** di cellule che hanno la capacità di infiltrarsi nei normali organi e tessuti dell'organismo alterandone la struttura e il funzionamento.

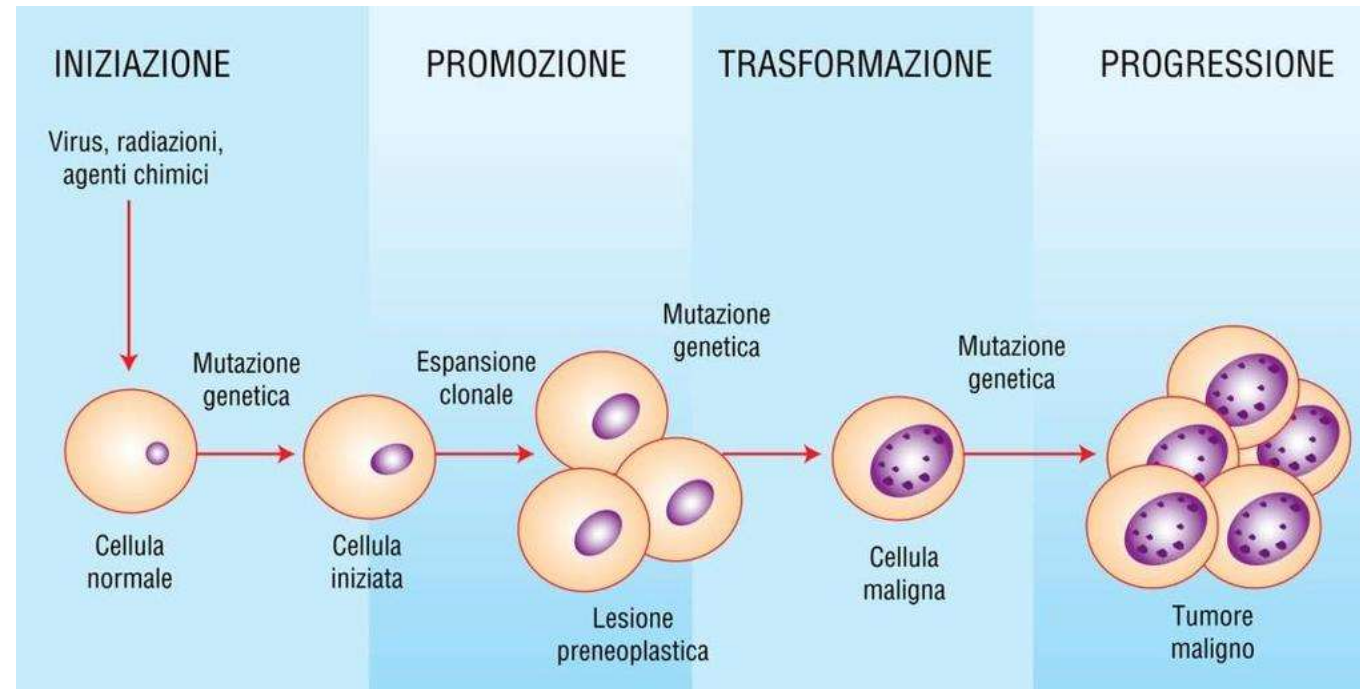


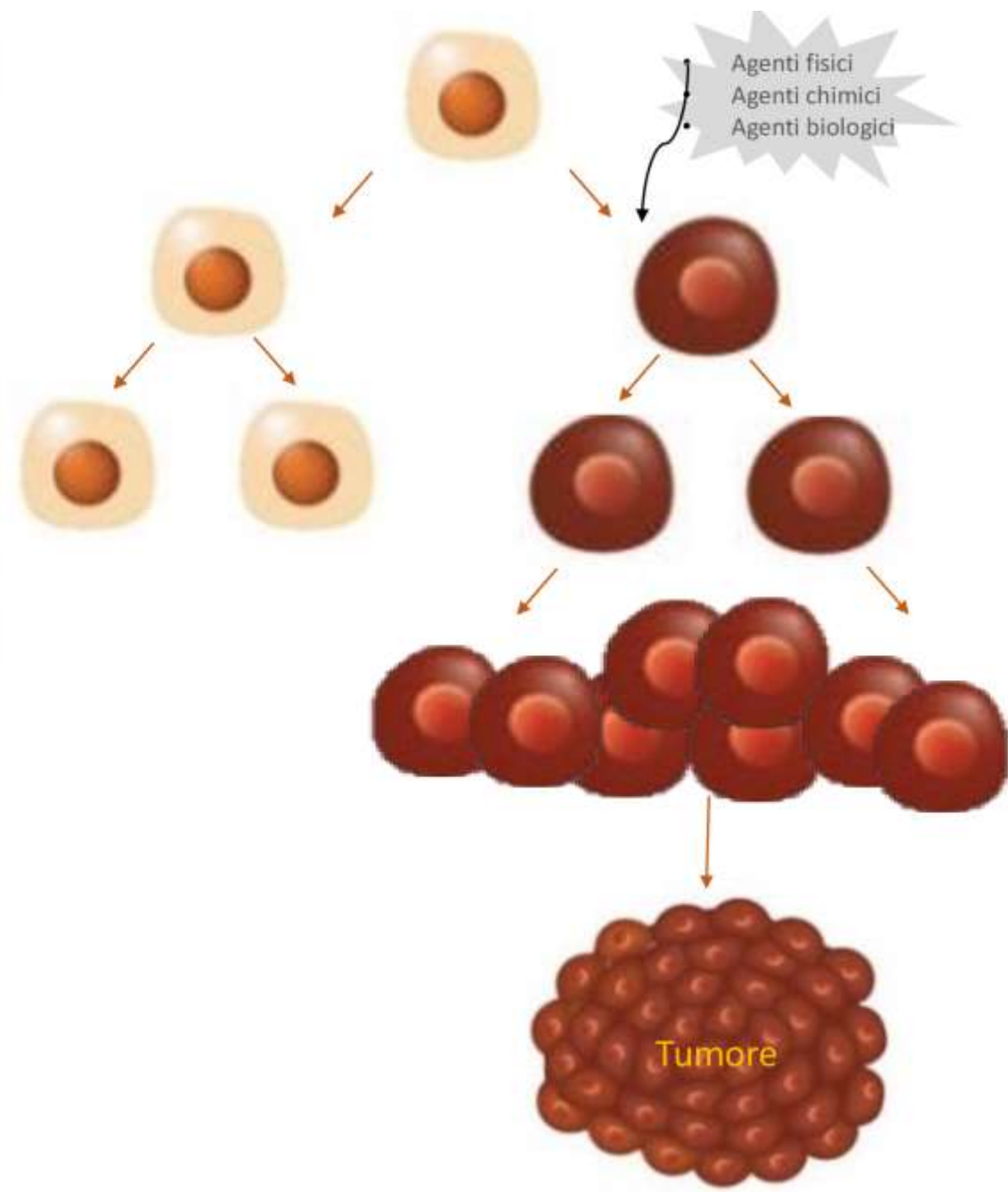
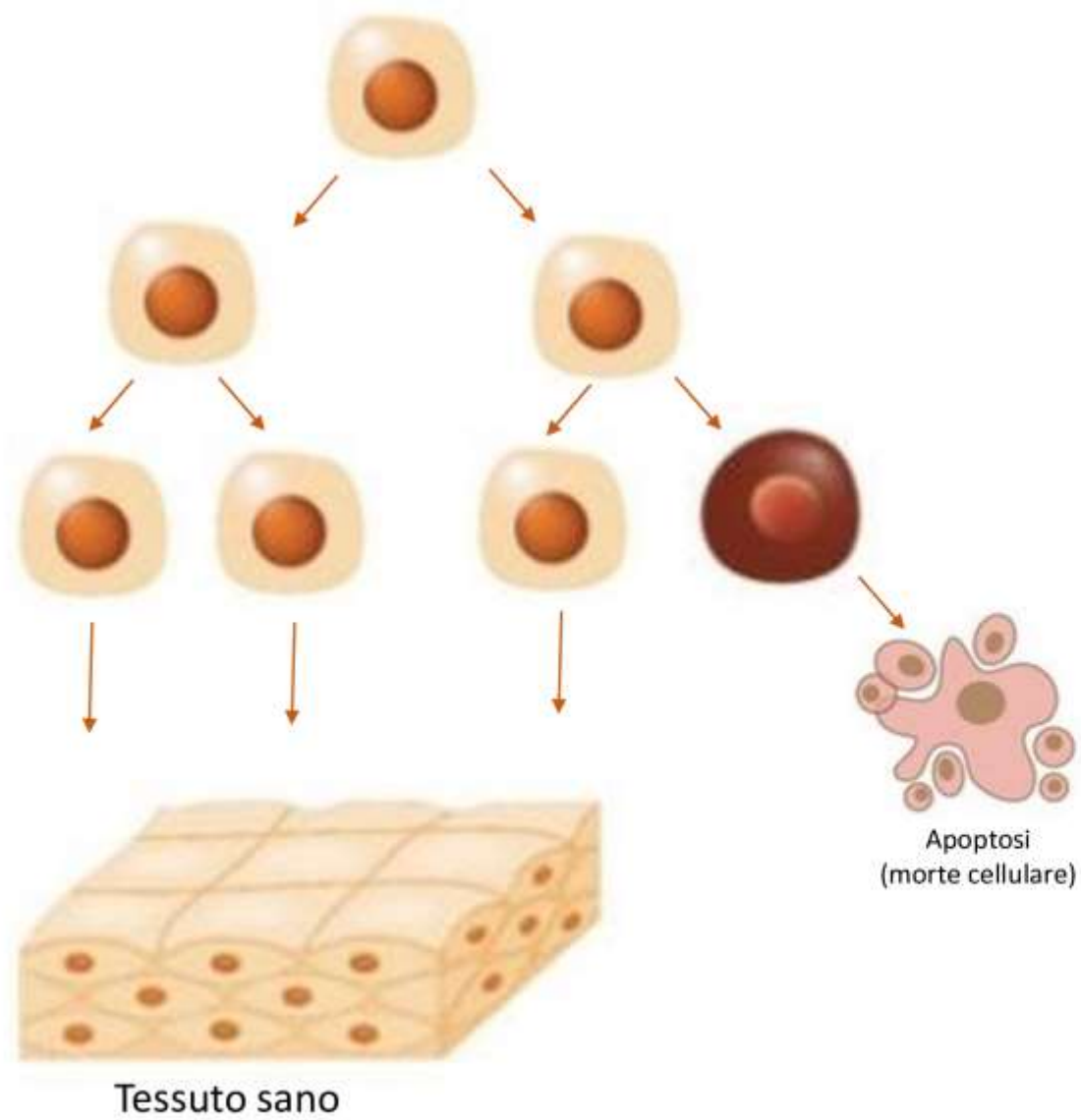
La cancerogenesi

Il processo di formazione di un tumore è detto **cancerogenesi**, è un fenomeno complesso, che avviene in più stadi ed è caratterizzato da un lungo tempo di latenza.

Le fasi in cui si divide la cancerogenesi sono 3:

1. Iniziazione
2. Promozione
3. Progressione





La cancerogenesi

È probabile che il nostro corpo contenga un certo numero di cellule iniziate, ma non è detto che diventino necessariamente tumori. La mutazione genetica rende solo più probabile che una persona sviluppi il tumore se esposta ad altri fattori di rischio. Le mutazioni danno il via al processo, mentre i fattori di rischio giocano un ruolo nello sviluppo della malattia.

Questi fattori di rischio comprendono:

- **Predisposizione genetica:** suscettibilità individuale, status di alcuni geni che possono favorire o contrastare lo sviluppo di un tumore.
- **Storia riproduttiva o patologica**
- **Abitudini detetiche esposizioni ambientali** che possono alterare l'espressione genica



Cosa si è fatto per comprendere meglio il cancro?

- Analizzare il DNA e le componenti genetiche che rendono più suscettibili allo sviluppo tumorale.
- Studiare il microambiente tumorale per identificare i punti deboli del tumore e bloccare la sua crescita.
- Cercare, attraverso l'immunologia dei tumori un sistema per dirigere la risposta del sistema immunitario contro i tumori per creare una sorta di vaccino antintumorale.
- Studiare le terapie oggi conosciute per trovarne di nuove dotate di maggiore sicurezza ed efficacia.
- Studi epidemiologici per identificare, in una popolazione, i nessi di causa ed effetto fra alcune sostanze, o esposizioni, e il rischio di sviluppare un tumore.



Quali sono gli approcci terapeutici per il cancro?

- Chirurgia
- Radioterapia
- Chemioterapia



Ad oggi esistono più di 100 farmaci chemioterapici antitumorali

Problematiche della chemioterapia:

Tossicità

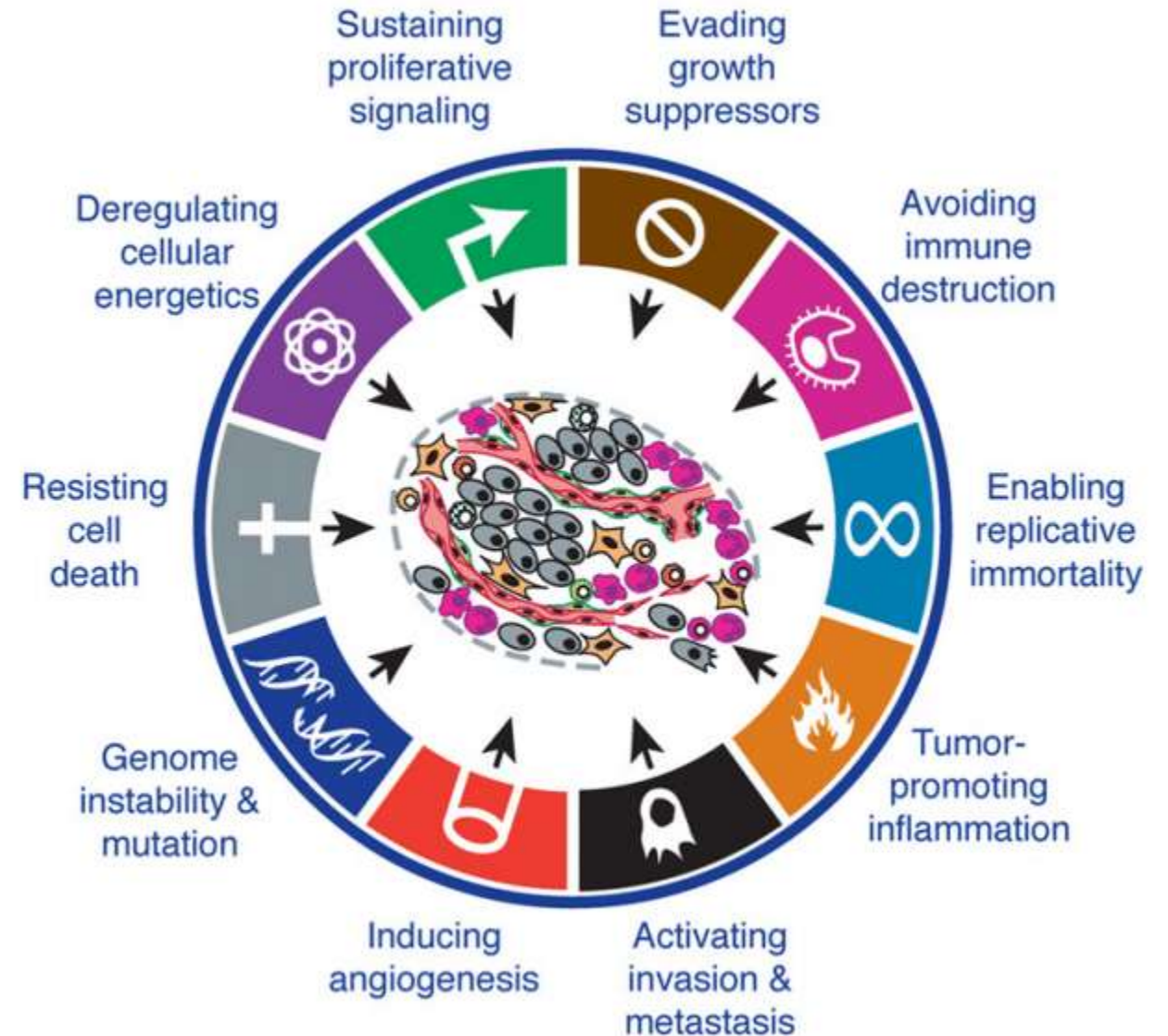
Farmacoresistenza



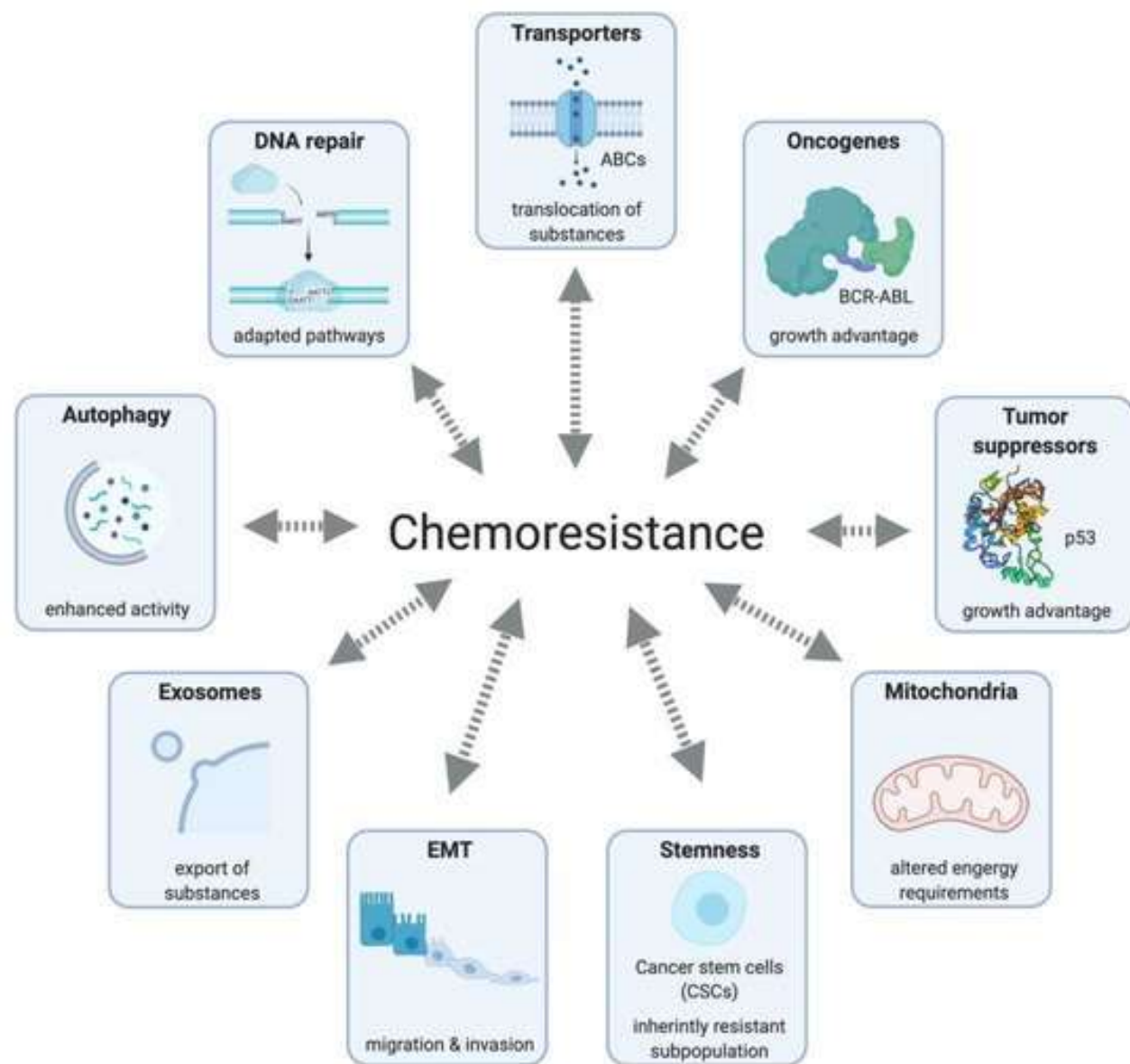
Tossicità, perché si manifesta?

Caratteristiche comuni a tutte le cellule tumorali

1. Proliferazione indipendente dai segnali di crescita
2. Insensibilità ai fattori che bloccano la crescita cellulare
3. Evitare la morte cellulare programmata
4. Proliferare in maniera illimitata
5. Promuovere l'angiogenesi
6. Promuovere la migrazione e l'invasione dei tessuti
7. Riprogrammare il metabolismo energetico
8. Sfuggire al sistema immunitario
9. Infiammazione
10. Instabilità genomica



Farmacoresistenza le cause



Perché studiamo il cancro?

Nel **2018** nel mondo si sono verificati **18,1** milioni **di nuovi casi** di cancro **e 9,6 milioni di morti**.

Il Global Cancer Observatory ha stimato che nel **2020** i nuovi **casi** sarebbero stati **19,3 milioni** (di cui **4,4 milioni** in Europa) e le **morti 10 milioni** (di cui 2 milioni in Europa), dimostrando che l'incidenza della patologia è in continuo aumento.

Per quanto riguarda l'**Italia**, i numeri ci dicono che ogni giorno qui vengono diagnosticati **1000 casi** di cancro circa (**377.000 anno**).



Problematiche del drug discovery

Lo sviluppo di nuovi farmaci antitumorali rimane un processo impegnativo, lungo e costoso: il tempo medio per sviluppare un nuovo farmaco antitumorale è di 7,3 anni (range: 5,8-15,2 anni) e il costo medio di \$ 648,0 milioni (range: da \$ 157,3 milioni a \$ 1950,8 milioni).

Alcune tecniche computerizzate possono accelerare la scoperta di nuovi farmaci, anche se il loro sviluppo resta afflitto da una bassa efficienza e un alto indice di fallimento.

Inoltre, i farmaci antitumorali hanno un enorme impatto sui costi della salute pubblica, classificandosi al primo posto in termini di spesa globale per classe terapeutica (\$ 91 miliardi nel 2013).



Come si scopre un farmaco?

Serendipity: è la scoperta casuale di una molecola farmacologicamente attiva.



Mee Too: si parte da una molecola già presente in commercio, si analizza il suo profilo farmacocinetico e farmacodinamico e si sintetizzano degli analoghi strutturali con profilo farmacocinetico e farmacodinamico migliore.



Drug discovery: si parte dalla conoscenza di ciò che la malattia causa a livello della cellula e si creano delle molecole capaci di modulare quei processi che risultano alterati dalla patologia.



Come avviene il processo di drug discovery?

- Identificazione del target molecolare
- Identificazione dell'HIT: Numerose molecole vengono testate in laboratorio, tra queste molecole si seleziona una molecola con una struttura che non è ancora ottimizzata ma è promettente.
- Generazione del LEAD: il LEAD è la molecola che deriva dall'HIT che, sebbene non sia ancora del tutto ottimizzata, possiede le caratteristiche necessarie per essere considerata il precursore di un farmaco.
- Ottimizzazione del LEAD
- Sviluppo preclinico
- Sviluppo clinico



Fase preclinica e clinica

FASE 0: fase preclinica, vengono valutati l'attività e il meccanismo d'azione su colture cellulari (in vitro) e modelli animali (in vivo). Durata dai 5 ai 7 anni.

FASE 1: sperimentazione del principio attivo sull'uomo. Viene condotta su poche decine di volontari SANI per valutare il profilo farmacocinetico e tossicologico della molecola. Durata 9-24 mesi.

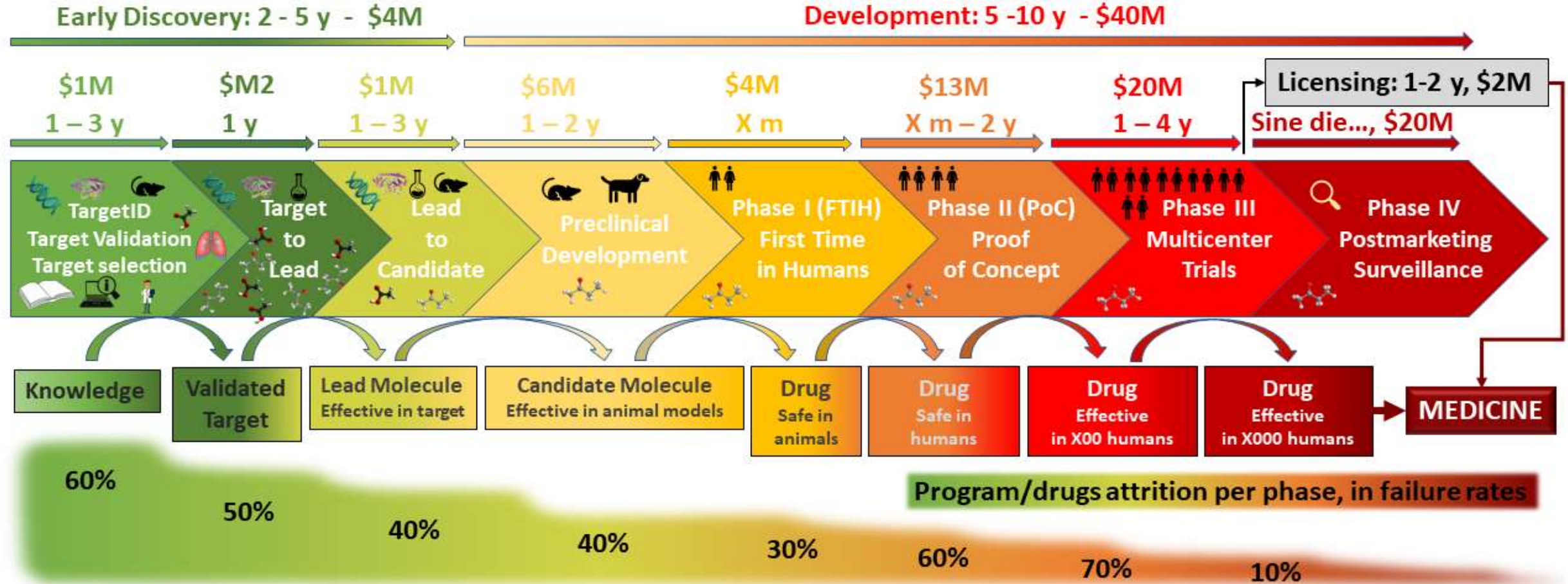
FASE 2: viene indagata l'attività terapeutica del potenziale farmaco su volontari (centinaia) malati di quella patologia per cui si sta sperimentando il farmaco. Può durare fino a 3 anni.

FASE 3: Valutazione del trattamento su larga scala per ricontrollare efficacia e tollerabilità. Vengono arruolati migliaia di soggetti malati. La durata di questa fase è variabile e dipende dalla patologia contro cui il farmaco è destinato.

FASE 4: avviene dopo che il farmaco è stato immesso in commercio e si chiama FARMACOVIGILANZA. Consiste nella ricerca di reazioni avverse al farmaco che non si sono manifestate durante le altre fasi di sperimentazione.



The Drug Discovery Process



- Each stage output is the input of the next one.
- The system works like a pipeline, each phase feeding the following one with backups in prevention of program failures.
- Individual pipelines represent therapeutic concepts. Failed stages are not replaced by backups when there are no more appropriate molecules available, on target liabilities appear, compound does not prove therapeutic efficacy, or strategic decisions are applied.
- Costs and timelines represent the values for unique iterations of the respective phases.

Cosa hanno fatto i Big Data nella ricerca contro il cancro?

- Rilevamento e diagnosi del cancro
- Classificazione dei sottotipi
- Ottimizzazione del trattamento del cancro
- Identificazione di nuovi target terapeutici nella scoperta dei farmaci.

Mentre i big data utilizzati per addestrare i modelli di apprendimento automatico possono già esistere, per poterli sfruttare sia nella ricerca sul cancro che in ambito clinico bisognerà superare alcuni ostacoli.



Quali le applicazioni di AI emergenti e più promettenti per lo studio, la diagnosi e il trattamento del cancro?

- 1. IMAGING

Le applicazioni più mature dell'intelligenza artificiale (AI) nel cancro sono senza dubbio quelle incentrate sull'uso dell'imaging per diagnosticare i tumori.

Le deep neural network sono addestrate per analizzare automaticamente le immagini radiologiche e i vetrini patologici digitalizzati per numerosi tipi diversi di cancro.



Un modello di classificazione per riconoscere il cancro della pelle

Il cancro della pelle è la più comune neoplasia umana. Tra i tumori della pelle troviamo il melanoma che è un tipo di tumore maligno con un'alta mortalità.

La diagnosi precoce è fondamentale, poiché se viene rilevato nelle fasi iniziali il tasso di sopravvivenza stimato a 5 anni è oltre il 99% , mentre se rilevato nelle fasi finali è del 14% circa.

La regola dell' **ABCDE dei nevi** aiuta a tenere sotto controllo quelle lesioni cutanee che possono essere considerate sospette.

A- asimmetria. I nevi sono simmetrici i melanomi no.

B - bordi. I bordi di un normale neo sono ben definiti. Quelli di una lesione maligna sono irregolari e frastagliati

C - colore.

D - dimensione. > 6 mm

E - evoluzione. Nel caso si verifichi una crescita rapida di una macchia pigmentata o un cambiamento nella superficie, forma o colore di un nevo preesistente, è importante rivolgersi ad uno specialista per un controllo più approfondito



Un modello di classificazione per riconoscere il cancro della pelle

In questo studio i ricercatori hanno utilizzato una un'architettura **GoogleNet Inception v3 CNN9** che è stata preaddestrata su circa 1,28 milioni di immagini (1.000 categorie di oggetti) dal 2014 ImageNet Large Scale Visual Recognition Challenge, e l'hanno addestrata su un dataset creato da loro contenente immagini di lesioni della cute set utilizzando il **transfer learning**.

Il transfer learning consente di riutilizzare gran parte dei parametri (*pesi*) di una rete neurale già addestrata in precedenza su un problema simile a quello che dobbiamo risolvere, soffermandosi sull'addestramento solo degli ultimi layer che sono quelli dedicati alla classificazione e/o alla regressione delle feature ottenute con i layer precedenti.

Questo offre due vantaggi:

Riutilizzo del comportamento di una rete già addestrata ad estrarre efficacemente feature dai dati di input

Limitare l'elaborazione ad un numero minore di parametri (corrispondenti agli ultimi layer)

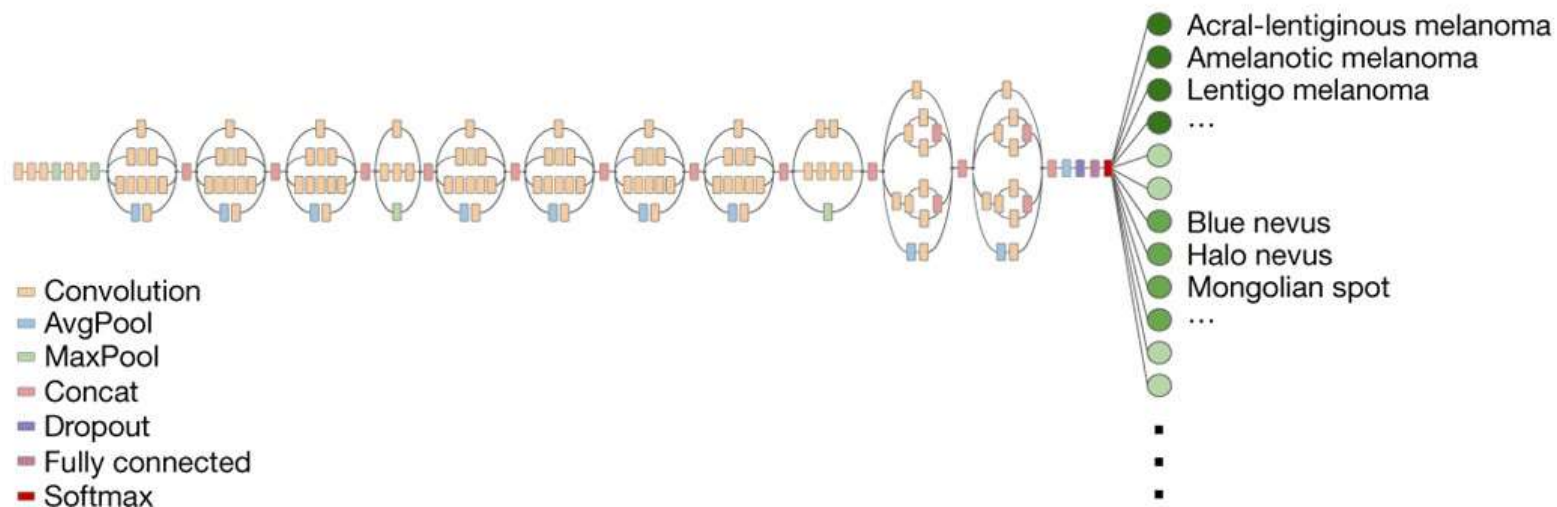


Deep CNN layout

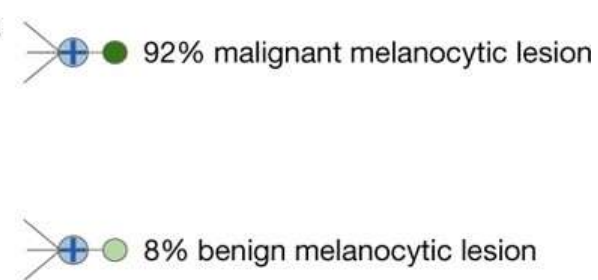
Skin lesion image



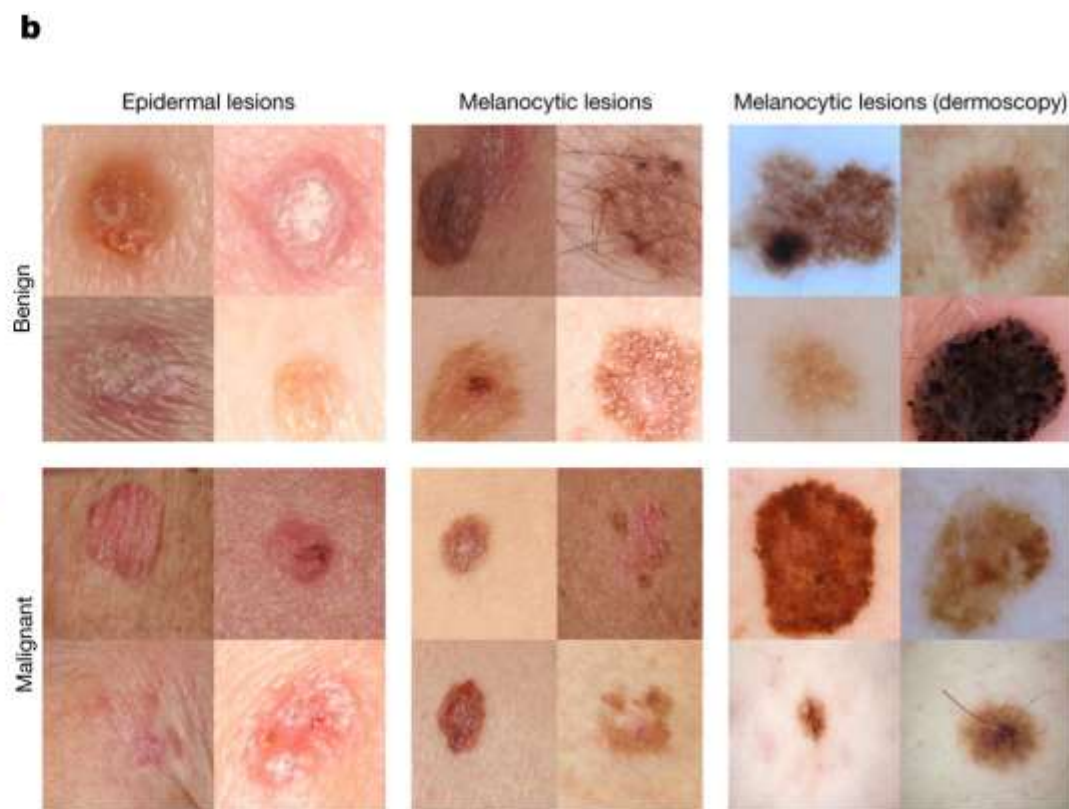
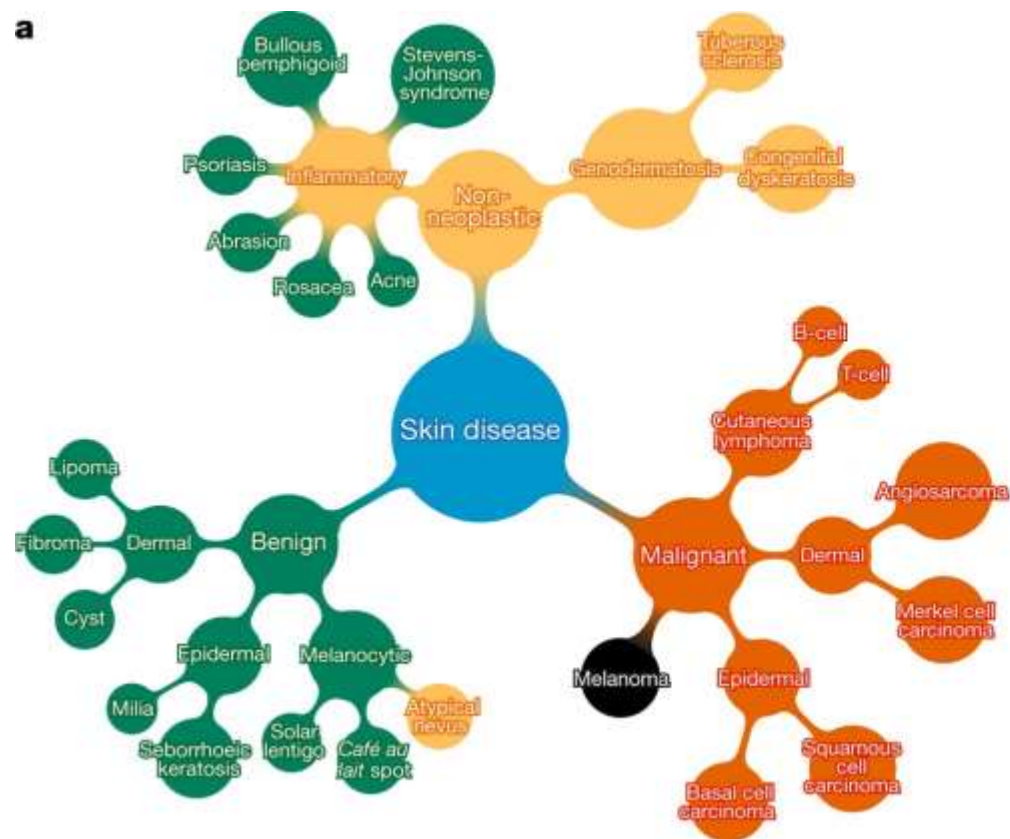
Deep convolutional neural network (Inception v3)



Inference classes (varies by task)



Un'illustrazione schematica della tassonomia e delle immagini del test set di esempio



a. La tassonomia completa contiene 2.032 malattie ed è organizzata in base alla somiglianza visiva e clinica delle malattie. Il rosso indica il maligno, il verde il benigno e l'arancione le condizioni che possono essere entrambe. Il nero indica il melanoma.

b. Immagini di esempio maligne e benigne di due classi di malattie.

Machine learning VS medico



Un modello di classificazione per riconoscere il cancro della prostata

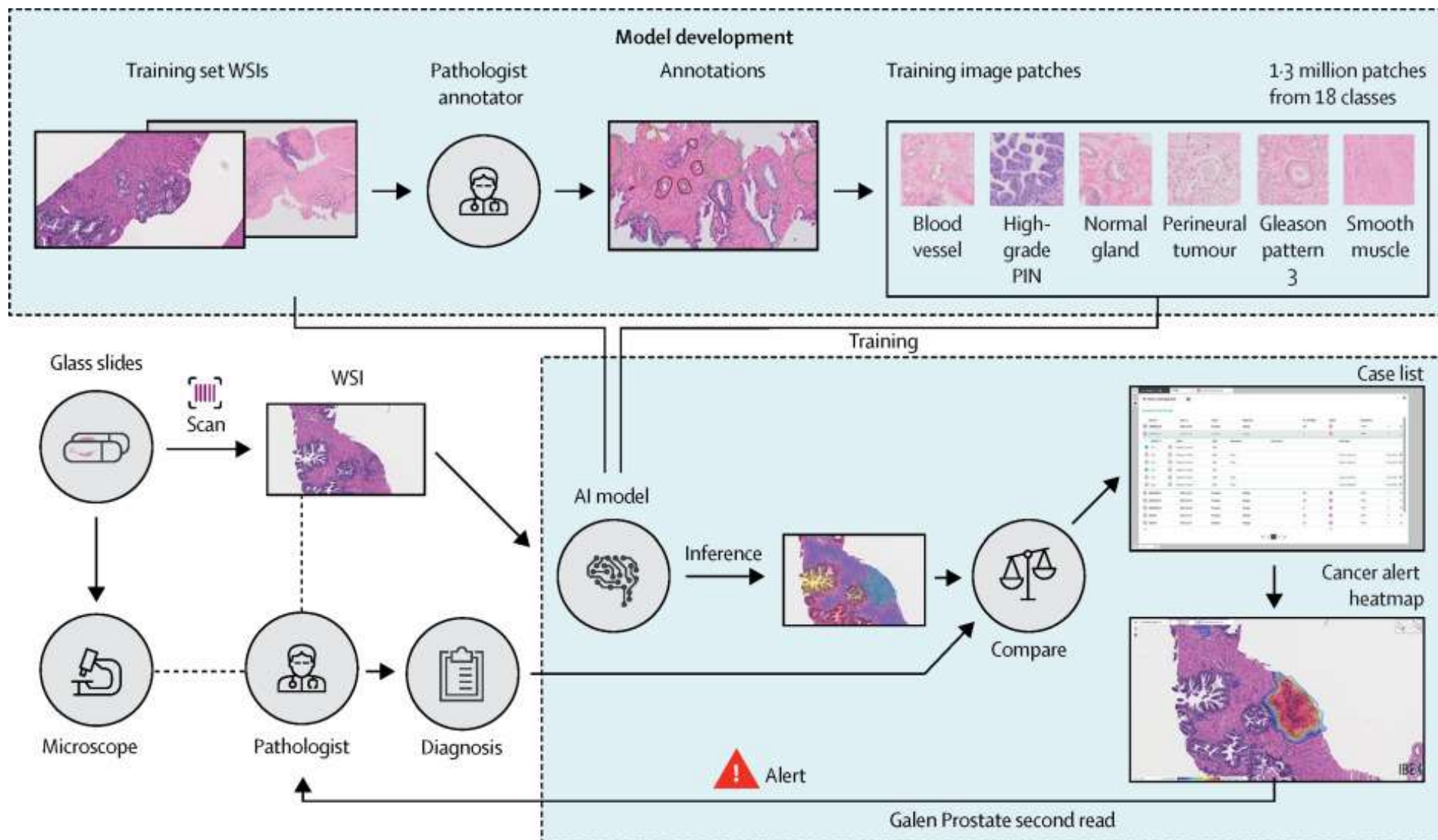
L'adenocarcinoma della prostata è il secondo tumore più comune diagnosticato negli uomini, con più di 1 milione di nuovi casi diagnosticati ogni anno.

Oggi, la diagnosi di cancro alla prostata si basa sull'esame al microscopio ottico di sezioni di tessuto prostatico colorate con ematossilina ed eosina (H&E).

L'algoritmo che hanno sviluppato in questo studio, la cui tecnologia di base si basa su reti neurali convoluzionali multistrato (CNN), analizza un'immagine intera in tre fasi consecutive: nella prima fase rileva il tessuto, nella seconda fase lo classifica e nella terza analizza.

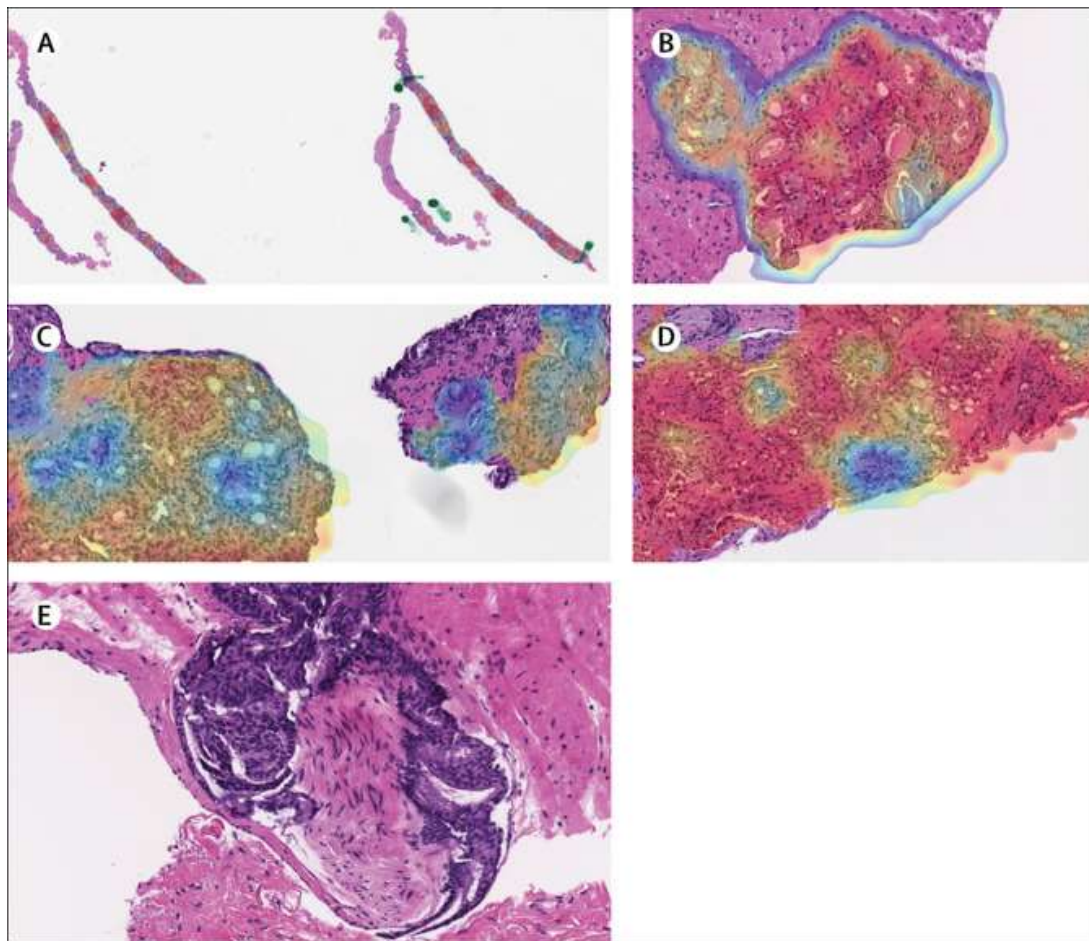


Un modello di classificazione per riconoscere il cancro della prostata



AI=intelligenza artificiale.
WSI=diapositiva a immagine intera.
PIN=neoplasia intraepiteliale prostatica.

Un modello di classificazione per riconoscere il cancro della prostata



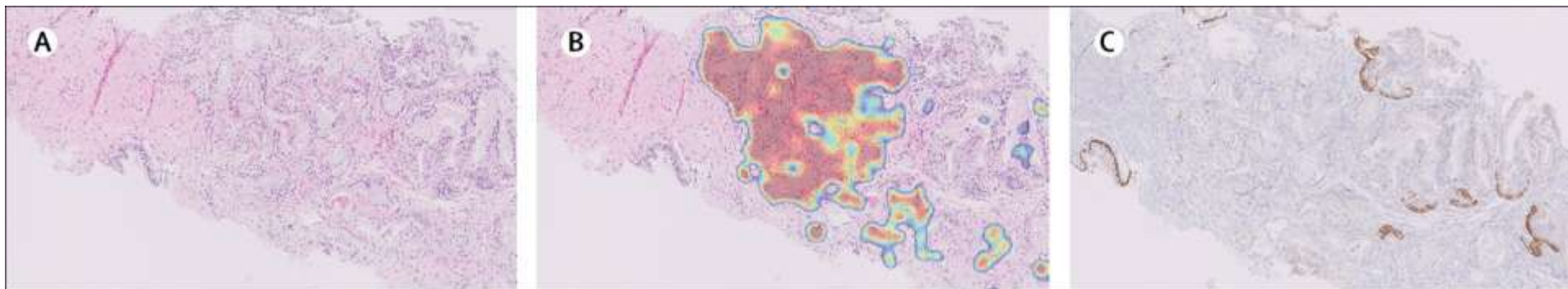
Queste immagini sono colorate con ematossilina ed eosina.

(A e B) Esempio di proporzione di cancro della prostata con la heatmap del tumore (dove il blu mostra bassa probabilità e il rosso mostra alta probabilità) visualizzata. Originariamente questo era stato diagnosticato come benigno, ma è stato successivamente cambiato in cancro dopo la revisione.

(C e D) Biopsia prostatica con una heatmap del modello di Gleason (dove il blu mostra il modello di Gleason 3, il giallo mostra il modello di Gleason 4, e il rosso mostra il modello di Gleason 5).



Un modello di classificazione per riconoscere il cancro della prostata



(A) biopsia della prostata che mostra un focus ghiandolare anormale. (B) Algoritmo heatmap che rileva il cancro con alta probabilità (aree rosse) nello stesso piccolo focus. (C) Area corrispondente sul vetrino immunoistochimico (CK903) con cellule basali assenti che confermano la diagnosi di adenocarcinoma.

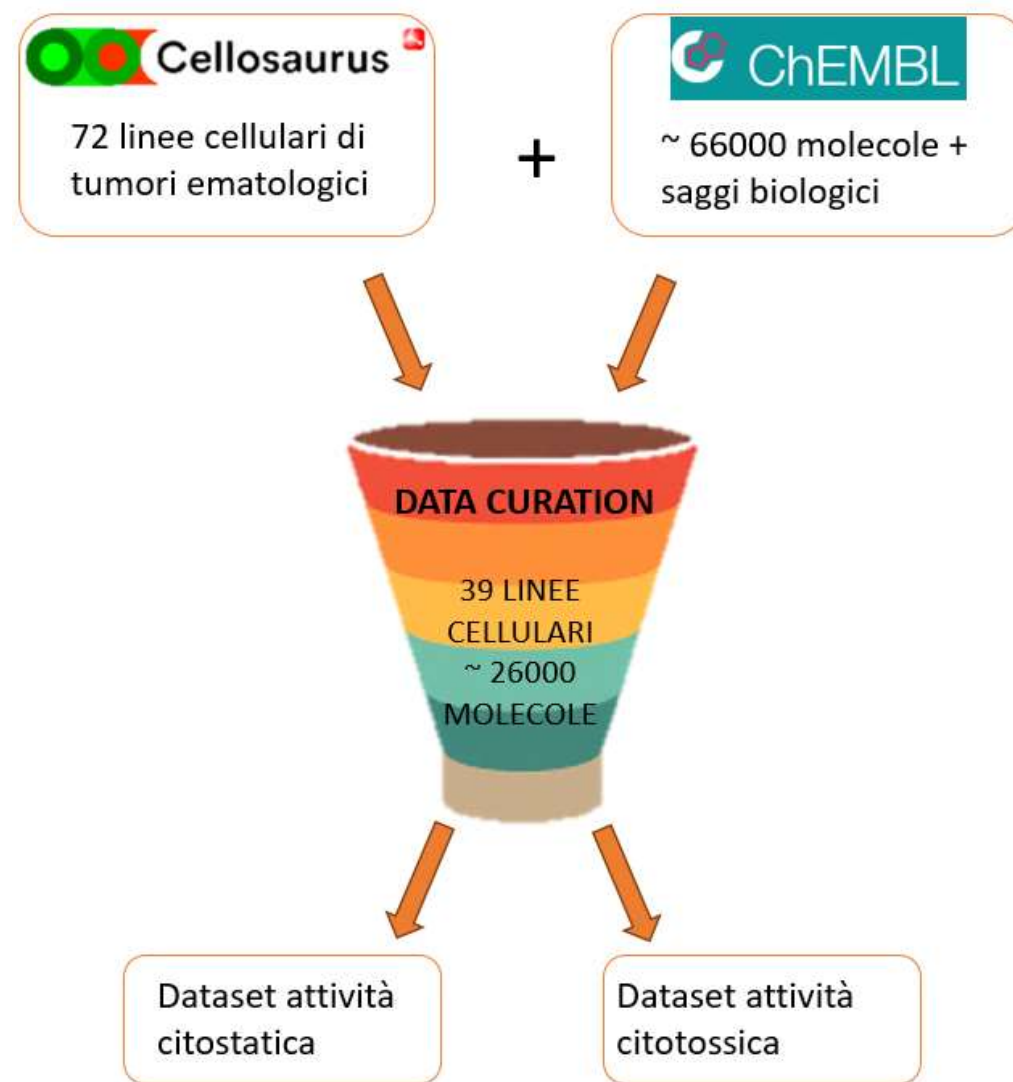


Quali le applicazioni di AI emergenti e più promettenti per lo studio, la diagnosi e il trattamento del cancro?

2. IMPARARE A FARE PROGNOSI IN MANIERA SEMIAUTONOMA
3. PREVEDERE LA RISPOSTA A TERAPIE ANTITUMORALI
4. PROGETTARE NUOVE TERAPIE ANTITUMORALI

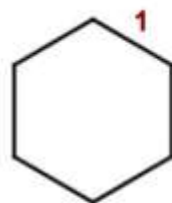
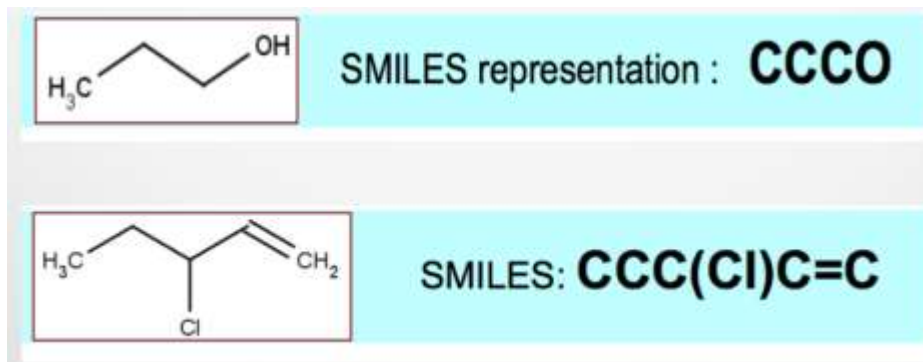


Un modello di AI per scoprire nuovi farmaci antitumorali.

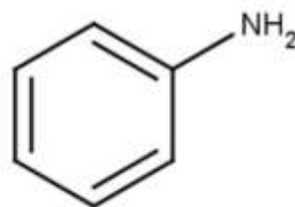


Un modello di AI per scoprire nuovi farmaci antitumorali.

SMILES (*Simplified Molecular Input Line Entry System*) è un metodo per descrivere la struttura di una molecola usando una stringa ASCII.



SMILES: **C1CCCCC1**



SMILES: **Nc1ccccc1**



Un modello di AI per scoprire nuovi farmaci antitumorali.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
1	NAME	Molecule ChEMBL ID	Smiles	Standard T	Standard F	Standard V	Standard U	Assay Desc	Assay Cell	Target Nar	Diff Cell-Target		Standard v	Toxicity
2	Cpd042107	CHEMBL2207334	C/C=C(\C)[C@H]1OC(=O)[C@H](C)NC(=O)[C@H]([C@@H](C)CC)NC(=O)CN(C)C(=O)IC5O	'=		1,10E-05	nM	Cytotoxici	K562	K562	0	0	1E-08	1
3	Cpd037491	CHEMBL2207717	C/C=C(\C)[C@H](O)[C@H](C)[C@H]1C/C=C(\C)C(=O)O[C@H](CC(C)C)C(=O)N[C@H]1C	'=		0,000216	nM	Cytotoxici	K562	K562	0	0	2,2E-07	1
4	Cpd021006	CHEMBL1797232	C/C=C(\C)C(=O)C[C@H]1C2=COC(/C=C/[C@H](C)[C@H](C)O)=CC2=C(Cl)C(=O)[C@H]1C	'=		0,001	nM	Cytotoxici	HL-60	HL-60	0	0	0,000001	1
5	Cpd012460	CHEMBL265841	CC(C)[C@H]1C(=O)OC[C@H](NC(=O)c2ccc3ccccc3n2)C(=O)N2CCCC[C@H]2C(=O)N[C@H]1C	'=		0,001	nM	The comp	HL-60	HL-60	0	0	0,000001	1
6	Cpd016926	CHEMBL1797233	C/C=C(\C)C(=O)C[C@H]1C2=COC(/C=C/[C@H](C)[C@H](C)O)=CC2=C(Cl)C(=O)[C@H]1C	'=		0,0011	nM	Cytotoxici	HL-60	HL-60	0	0	1,1E-06	1
7	Cpd020085	CHEMBL1797229	C/C=C(\Cl)C(=O)[C@@](C)(O)[C@H]1CC(=O)C(C)=C2C=C(/C=C/[C@H](C)[C@H](C)O)C1C	'=		0,0012	nM	Cytotoxici	HL-60	HL-60	0	0	1,2E-06	1
8	Cpd020921	CHEMBL412190	COCC(C(=O)O[C@@H]1C/C=C/C=C/C(=O)O[C@H]([C@@H](C)[C@H](O)[C@@H](C)O)C1C	'=		0,0029	nM	Cytotoxici	HL-60	HL-60	0	0	2,9E-06	1
9	Cpd042159	CHEMBL2207325	C/C=C(\C)[C@H]1OC(=O)[C@H](C)NC(=O)[C@H]([C@@H](C)CC)NC(=O)CN(C)C(=O)IC5O	'=		0,0031	nM	Cytotoxici	K562	K562	0	0	3,1E-06	1
10	Cpd011959	CHEMBL455213	CC[C@H](C)[C@H](NC(=O)[C@H]1CCCCN1C)C(=O)N(COC(=O)CC(C)C)[C@H](C)[C@H]1C	'=		0,0047	nM	Cytotoxici	HL-60	HL-60	0	0	4,7E-06	1
11	Cpd033941	CHEMBL2207327	C/C=C(\C)[C@H]1OC(=O)[C@H](C)NC(=O)[C@H]([C@@H](C)CC)NC(=O)CN(C)C(=O)IC5O	'=		0,0063	nM	Cytotoxici	K562	K562	0	0	6,3E-06	1
12	Cpd010466	CHEMBL2158594	O=C(Nc1ccc2[nH]c(C(=O)N3C[C@@H](CCl)c4c3cc(O)c3ccccc43)cc2c1)c1cc2cc([N+])(=	'=		0,007	nM	Cytotoxici	HL-60	HL-60	0	0	0,000007	1
13	Cpd048053	CHEMBL15924	O=C(OCCS(=O)(=O)c1ccccc1)N1c2ccccc2[C@@]23O[C@]24CCC[C@@H]3C#C/C=C\Cl	'=		0,01	nM	Compound	MOLT-4	MOLT-4	0	0	0,00001	1
14	Cpd006354	CHEMBL124364	COc1ccc(C[C@H]2NC(=O)/C=C/C[C@@H]([C@H](C)[C@H](O)[C@@H](Cl)c3ccccc3)C1C	'=		0,01	nM	In vitro cyt	CCRF-CEM	CCRF-CEM	0	0	0,00001	1
15	Cpd022340	CHEMBL2158589	CSSCCC(=O)Nc1ccc2[nH]c(C(=O)Nc3ccc4[nH]c(C(=O)N5C[C@H]6CC67C5=CC(=O)c5ccc	'=		0,012	nM	Cytotoxici	HL-60	HL-60	0	0	0,000012	1
16	Cpd043903	CHEMBL2207326	C/C=C(\C)[C@H](O)[C@H](C)[C@H]1C/C=C(\C)C(=O)O[C@H](CC(C)C)C(=O)N[C@H]1C	'=		0,012	nM	Cytotoxici	K562	K562	0	0	0,000012	1
17	Cpd005501	CHEMBL262368	COc1ccc(C[C@H]2NC(=O)/C=C/C[C@@H]([C@H](C)[C@H](O)[C@@H](Cl)c3ccccc3)C1C	'=		0,014	nM	In vitro cyt	CCRF-CEM	CCRF-CEM	0	0	0,000014	1
18	Cpd002409	CHEMBL331014	COc1ccc(C[C@H]2NC(=O)/C=C/C[C@@H]([C@H](C)[C@H](O)[C@@H](Cl)c3ccccc3)C1C	'=		0,016	nM	In vitro cyt	CCRF-CEM	CCRF-CEM	0	0	0,000016	1
19	Cpd014706	CHEMBL1254818	COc1cc(-c2nnc(C)c2-c2ccc(N(C)C)cc2)cc(Cl)c1OC.Cl	'=		0,02	nM	Cytotoxici	HL-60	HL-60	0	0	0,00002	1
20	Cpd004034	CHEMBL313330	COc1ccc(C[C@H]2NC(=O)/C=C/C[C@@H]([C@H](C)C3O[C@@H]3c3ccccc3)OC(=O)[C@H]1C	'=		0,022	nM	In vitro cyt	CCRF-CEM	CCRF-CEM	0	0	0,000022	1
21	Cpd016348	CHEMBL2158588	CSSC(C)(C)CCC(=O)Nc1ccc2[nH]c(C(=O)Nc3ccc4[nH]c(C(=O)N5C[C@@H](CCl)c6c5ccc(C	'=		0,025	nM	Cytotoxici	HL-60	HL-60	0	0	0,000025	1
22	Cpd018145	CHEMBL511905	COc1c(C(=O)C2=CN3C=CSC3N=C2)c(O)c(OC)c2occc12	'=		0.0255	nM	Cytotoxici	HL-60	HL-60	0	0	2.55E-05	1



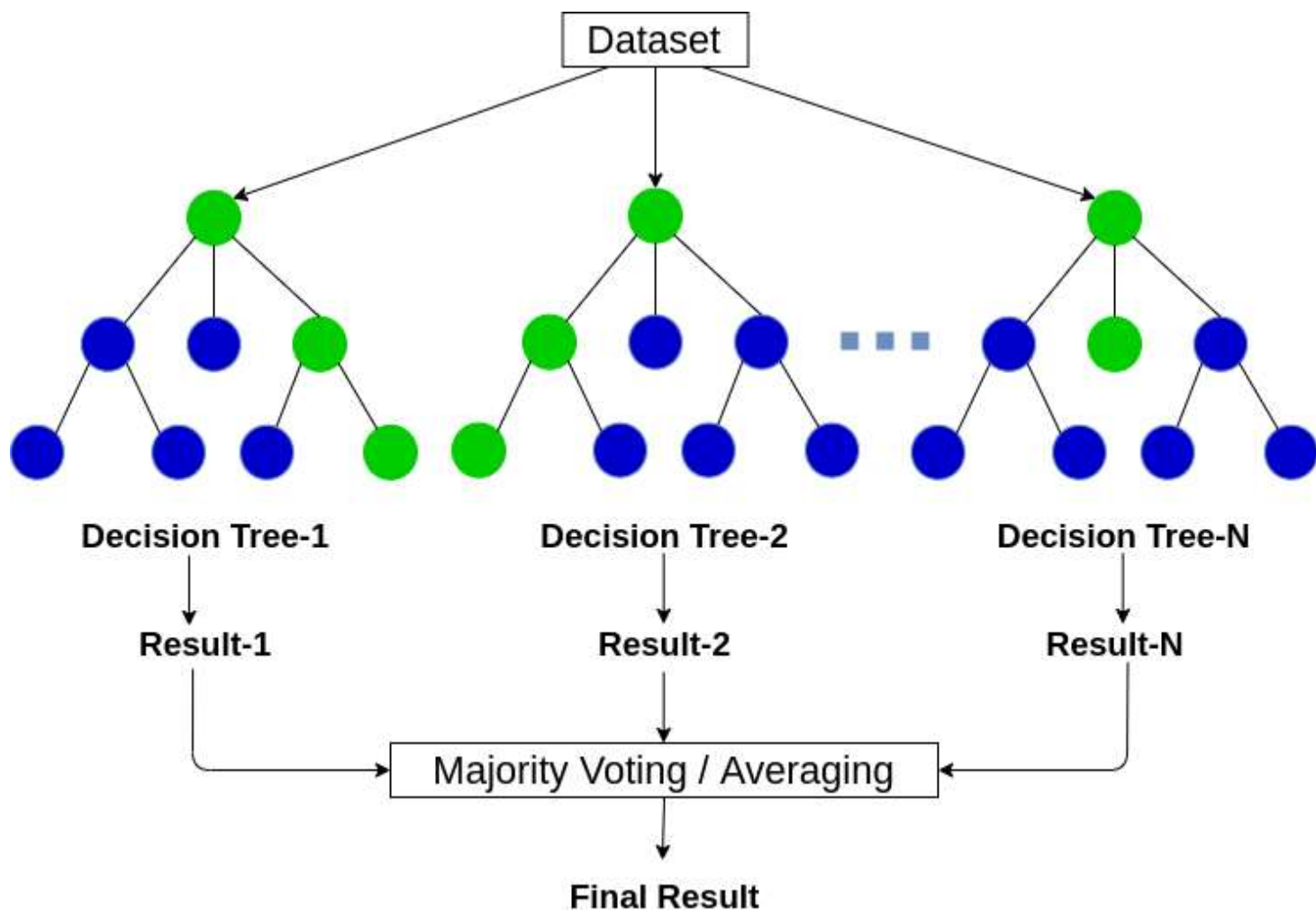
Un modello di AI per scoprire nuovi farmaci antitumorali

Abbiamo usato diversi algoritmi per generare i modelli, nello specifico:

- Naive Bayes
- K-nearest neighbour
- Multi Layer Perceptron
- Support Vector Classifier
- Random Forest
- Gradient Boosting



Un modello di AI per scoprire nuovi farmaci antitumorali



1. Ridurre il numero di features: abbiamo usato alcuni filter methods, Forward feature selection, algoritmi genetici.

2. PCA per ridurre le dimensioni a 3 e visualizzare i dati.

3. t-SNE

4. Utilizzo della media mobile di Box-Jenkins, che permette di incorporare più condizioni di saggio sperimentale in un unico modello per la previsione di attività simultanea.



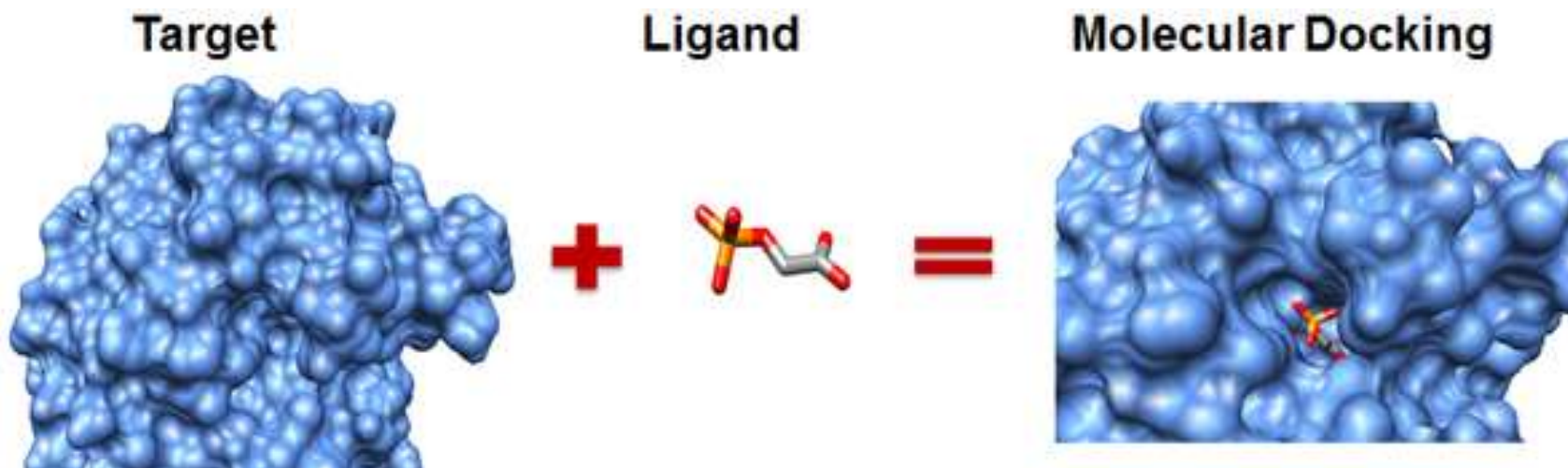
Un modello di AI per scoprire nuovi farmaci antitumorali

Risultati		
Training set	Test set	Validation set
Sensitivity: 67.2%	Sensitivity: 93.7%	Sensitivity: 93.9%
Specificity: 94.3%	Specificity: 73.4%	Specificity: 72.5%
Accuracy: 87.1%	Accuracy: 88.3%	Accuracy: 88.2%
F1 score: 0.74	F1 score: 0.77	F1 score: 0.77
	MCC: 0.69	MCC: 0.69
	ROC AUC: 0.84	ROC AUC: 0.83



Quali le applicazioni di AI emergenti e più promettenti per lo studio, la diagnosi e il trattamento del cancro?

5. MOLECULAR DOCKING



6. PREVEDERE LE COMBINAZIONI DI FARMACI

7. SORVEGLIANZA DEL CANCRO NELLA POPOLAZIONE



Quali le applicazioni di AI emergenti e più promettenti per lo studio, la diagnosi e il trattamento del cancro?

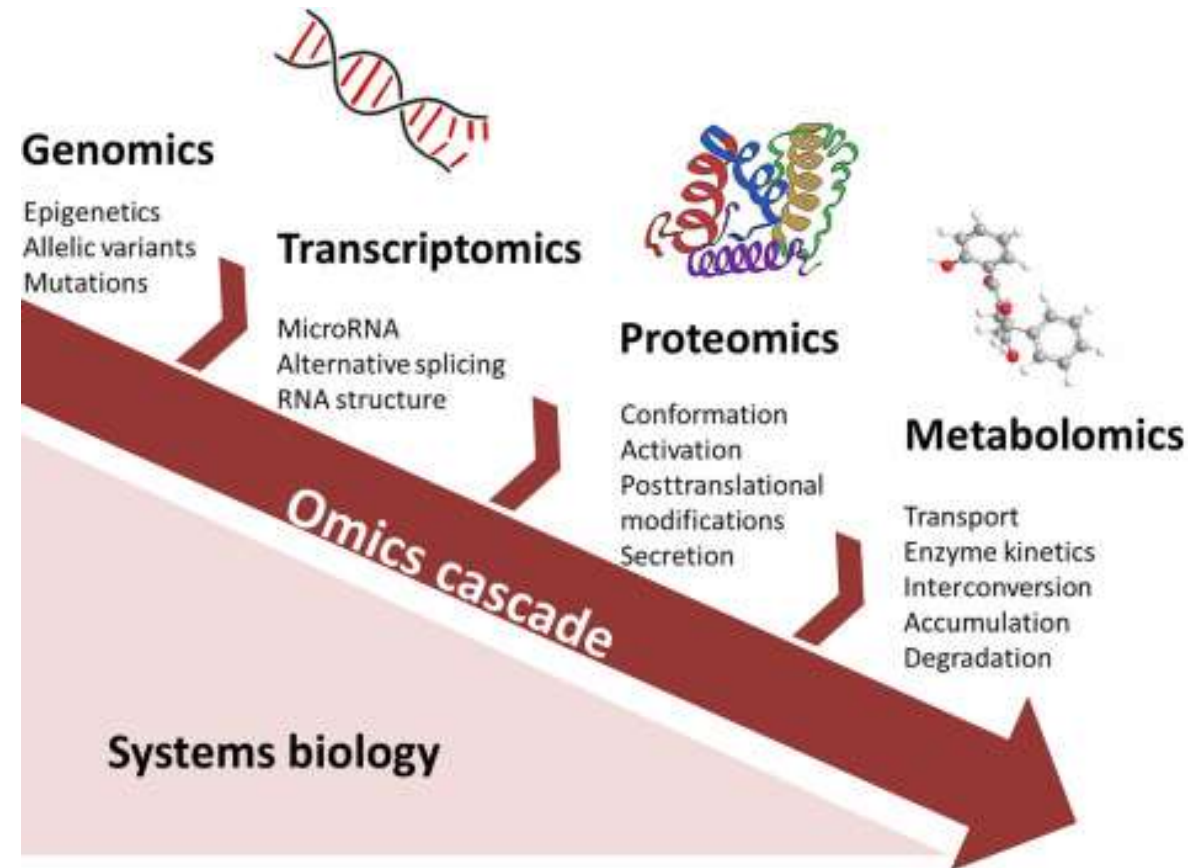
1. IMAGING
2. IMPARARE A FARE PROGNOSI IN MANIERA SEMIAUTONOMA
3. PREVEDERE LA RISPOSTA A TERAPIE ANTITUMORALI
4. PROGETTARE NUOVE TERAPIE ANTITUMORALI
6. PREVEDERE LE COMBINAZIONI DI FARMACI
7. SORVEGLIANZA DEL CANCRO NELLA POPOLAZIONE
8. AI APPLICATA ALLE SCIENZE OMICHE



AI applicata alle scienze omiche

Le scienze omiche sono quelle discipline che utilizzano tecnologie di analisi che consentono la produzione massiva di dati utili per la descrizione e l'interpretazione del sistema biologico.

Genomica
Trascrittomica
Proteomica
Metabolomica



https://www.ted.com/talks/danny_hillis_understanding_cancer_through_proteomics



ALMA MATER STUDIORUM
UNIVERSITÀ DI BOLOGNA

AI applicata alle scienze omiche

RENOVO

Esistono decine di migliaia di varianti genomiche. Alcune associate al rischio di sviluppare tumori (“varianti patogeniche”) altre “benigne”.

La maggiorparte di esse, però, viene considerata di significato incerto (VUS, Variant of Unknown Significance), o, addirittura discordanti (Conflicting Interpretation of Pathogenicity, CIP).

Altre, infine, vengono inizialmente interpretate in un modo, per poi essere corrette nel corso degli anni.

In questo studio i ricercatori per costruire il loro modello di classificazione hanno usato Random Forest, e le informazioni riguardanti i geni e le loro variazioni sono state estratte utilizzando ClinVar, un database pubblico che contiene dati su oltre 600.000 varianti genetiche.





ALMA MATER STUDIORUM
UNIVERSITÀ DI BOLOGNA

Le sfide per l'utilizzo dell'AI nella pratica clinica

Valentina Pellicioni

Studente di Dottorato in «Scienza e Cultura del
Benessere e degli Stili di Vita»

Dipartimento di Scienze per la Qualità della vita

Gli ostacoli

La maggior parte dei metodi di IA infatti non viene mai implementata nella clinica.

- Mancanza di linee guida. A Gennaio 2021 la Food and Drug Administration (FDA) ha emesso l' «Artificial Intelligence/Machine Learning (AI/ML)-Based Software as a Medical Device (SaMD) Action Plan»
- I nuovi metodi di AI devono integrarsi all'interno dei flussi di lavoro clinici esistenti oppure sostituirli.
- Assenza di un software user-friendly per facilitare l'uso dell'IA nella clinica.



Altri ostacoli

- Non sempre il modello è interpretabile
- Non sempre i modelli sono robusti
- Mancanza di digitalizzazione
- Comunicazione tra patologi e clinici



Le sfide

- Gli sviluppatori di AI dovranno offrire soluzioni che non siano solo accurate "in media", ma che offrano anche una misura di affidabilità a livello individuale o di decisione del paziente.
- Gli strumenti di AI distribuiti nella pratica clinica devono essere sottoposti a un regolare monitoraggio e controllo della qualità dopo l'implementazione.



Quanto sono importanti trasparenza, riproducibilità e convalida?





ALMA MATER STUDIORUM
UNIVERSITÀ DI BOLOGNA

Il futuro dell'AI nella ricerca contro il cancro

Valentina Pellicioni

Studente di Dottorato in «Scienza e Cultura del
Benessere e degli Stili di Vita»

Dipartimento di Scienze per la Qualità della vita

Cosa prevede il futuro dell'AI nella ricerca contro il cancro?

Breve termine

- Studi per valutare l'utilità clinica dell'IA per i pazienti con il cancro
- Diagnosi precoce del cancro
- Miglioramento delle informazioni diagnostiche

Lungo termine

- Studi per identificare terapie personalizzate combinate e loro dosaggi
- Identificazione di nuovi target terapeutici
- Migliorare le associazioni tra biomarcatori ed efficacia



Stromae - quand c'est ?





ALMA MATER STUDIORUM
UNIVERSITÀ DI BOLOGNA

Valentina Pellicioni

Dipartimento di Scienze per la Qualità della Vita

valentina.pellicion2@unibo.it

www.unibo.it