Beviljade ansökningar HMT projektmedel 2027 (6 st)

AI-stödd CTG-tolkning för att minska syrebrist vid förlossning och onödiga kejsarsnitt (AI-assisted CTG interpretation to reduce birth asphyxia and unnecessary cesarean sections)

Ansökningsnummer: FoUI-1050937
Sökande: Sophia Brismar Wendel

Sammanfattning
Detta projekt undersöker om artificiell intelligens (AI) kan förbättra fosterövervakningen under förlossningen. Fosterövervakning sker idag med CTG (kardiotokografi), där fostrets hjärtfrekvens och livmoderns sammandragningar registreras med sensorer på den gravida kvinnans mage och visas som kurvor på en skärm. Dessa tolkas av barnmorskor och läkare. CTG-tolkning är en komplex uppgift som kräver lång erfarenhet. En stor del av arbetstiden på förlossningsavdelningar går åt till att analysera CTG-kurvor. Syftet är att tidigt identifiera foster som riskerar att drabbas av syrebrist, men feltolkningar förekommer och kan leda till både allvarliga utfall för barnet och onödiga medicinska ingrepp. Vi har samlat in CTG-data och kopplat dem till kliniska utfallsdata från Graviditetsregistret och Svenska Neonatalvårdsregistret. Detta gör det möjligt att relatera specifika CTG-mönster till barnets hälsotillstånd efter födseln. Tillsammans med Kungliga Tekniska högskolan (KTH) utvecklar vi nu AI-algoritmer som tränas på dessa data för att identifiera tidiga tecken på syrebrist med högre precision än dagens metoder. På sikt kan projektet leda till ett kliniskt beslutsstöd (arbetsnamn iCTG) som förbättrar patientsäkerheten, minskar onödiga interventioner, som kejsarsnitt och sugklockeförlossningar utan medicinsk grund, och avlastar barnmorskor och läkare i förlossningsvården.

Beviljat belopp år 1: 950 000
Beviljat belopp år 2: 950 000
Beviljat belopp år 3: 1 000 000

Projektets frågeställning: 5,56
Vetenskaplig kvalitet och metod: 5,56
Förutsättningar för projektets genomförande (inklusive kompetens): 5,78
Relevans och nytta i vårdverksamheten: 5,89
Mervärde i form av nytänkande, innovation, ökad samverkan, inklusive samverkan med industri, samt långsiktighet i planeringen och framtida medfinansiering: 5,44
Progressrapport:

Poäng: 28,22
Sökt belopp (totalt): 2900000

Can we access biomarkers of the brain in the nasal region?

Ansökningsnummer: FoUI-1365977
Sökande: Niclas Roxhed

Sammanfattning
Teknikens och medicinens framsteg möjliggör idag precisionsanalys av sjukdomsorsaker från minimala provvolymer. Trots att molekylärdiagnostiska metoder revolutionerat forskningen, är deras kliniska användning begränsad, delvis på grund av bristande resurser och infrastruktur för realtidsuppföljning utanför sjukhusmiljön. Cerebrospinalvätska (CSV) spelar en avgörande roll vid diagnostik av neurologiska och psykiatriska sjukdomar. Vid Parkinsons sjukdom har exempelvis CSV-analyser bidragit till stora genombrott, och även vid läkemedelsutveckling är de centrala för att veta hur mycket av ett preparat som faktiskt når hjärnan. Men dagens metoder för CSV-provtagning är långt ifrån optimala. Den invasiva lumbalpunktionen är både obekväm och resurskrävande, kräver expertis och kan inte utföras på alla patienter eller i hemmiljö. Dessutom är det omöjligt att använda ryggvätskeprovtagning för upprepad och långvarig analys, vilket begränsar möjligheterna att noggrant följa sjukdomsförlopp och behandlingseffekter. Vårt forskningsprogram syftar till att förändra detta genom att utveckla en helt ny strategi för att identifiera CSV-markörer. Med patientcentrerad provtagning av små volymer runt och i näsan, kombinerat med högkänsliga analysmetoder tror vi oss kunna skapa en slags molekylär "dagbok" för varje individ. Tekniken har potential att utgöra ett genombrott för vår förståelse av hjärnans hälsa, dess sjukdomar och behandlingar, samt att bana väg för mer träffsäkra diagnoser och effektiva behandlingar i framtiden.

Beviljat belopp år 1: 1 000 000
Beviljat belopp år 2: 1 000 000
Beviljat belopp år 3: 1 000 000

Projektets frågeställning: 5,63
Vetenskaplig kvalitet och metod: 5,25
Förutsättningar för projektets genomförande (inklusive kompetens): 5,38
Relevans och nytta i vårdverksamheten: 5,75
Mervärde i form av nytänkande, innovation, ökad samverkan, inklusive samverkan med industri, samt långsiktighet i planeringen och framtida medfinansiering: 5,88
Progressrapport:

Poäng: 27,88
Sökt belopp (totalt): 3000000

Introducing next-generation of tissue diagnostic assays for novel antibody-drug conjugates and immune-checkpoint inhibitors using bladder cancer as a model disease

Ansökningsnummer: FoUI-1052070
Sökande: Anders Ullén

Sammanfattning
Urinblåsecancer är en av våra vanligaste cancerformer. För patienter vars sjukdom spridit sig i kroppen är prognosen dålig med en överlevnad begränsad till ca 2.5 år. Under senaste åren har flera nya behandlingar tillkommit, såsom immunterapier och målriktade läkemedel. Variationen i effekt och nytta hos patienterna är dock stor och vi saknar idag diagnostiska test för att kunna individualisera behandlingarna för varje patient. Projektet adresserar det direkta behovet av

bättre diagnostiska metoder för att identifiera vilken behandling som bäst gynnar varje patient, med fokus på nya immunterapier och målriktade läkemedel. Målen är att 1) att utveckla nya diagnostiska metoder för behandlingsval vid urinblåsecancer, 2) automatisera analys av bilddata och generera kliniskt relevanta resultat, samt 3) att implementera metoderna i vården. Med teknisk expertis och state of the art instrument vid KTH och SciLifeLab kommer vi att utveckla nya mikroskopibaserade metoder som möjliggör simultan detektion av relevanta proteiner för olika aktuella målriktade läkemedel och immunterapier. Genom forskarteamet vid Region Stockholm kommer de nya metoderna kunna testas, valideras och implementeras i den kliniska rutinsjukvården. Projektet har potential att förbättra patientvården och utveckla precisionsmedicin för patienter med urinblåsecancer, samtidigt som resursutnyttjandet effektiviseras. De utvecklade testerna kan även appliceras vid många andra diagnoser där immunterapi och målriktade läkemedel ingår i standardbehandlingen.

Beviljat belopp år 1: 1 000 000
Beviljat belopp år 2: 1 000 000
Beviljat belopp år 3: 1 000 000

Projektets frågeställning: 5,67
Vetenskaplig kvalitet och metod: 5,56
Förutsättningar för projektets genomförande (inklusive kompetens): 5,78
Relevans och nytta i vårdverksamheten: 5,78
Mervärde i form av nytänkande, innovation, ökad samverkan, inklusive samverkan med industri, samt långsiktighet i planeringen och framtida medfinansiering: 5,89
Progressrapport:

Poäng: 28,67
Sökt belopp (totalt): 3000000

LAMBI: Levator Ani Muscle injury in childbirth - from Biomechanics to clinical Imaging biomarkers

Ansökningsnummer: FoUI-1365834
Sökande: Matilda Larsson

Sammanfattning
Var tredje kvinna som föder barn vaginalt drabbas av en skada i bäckenbottenmuskeln levator ani, den viktigaste muskeln för att stödja bäckenorganen. Sådana skador kan senare i livet leda till problem som urininkontinens, framfall och smärta. Trots detta saknas idag tillräckligt avancerade metoder för att mäta hur muskeln belastas under förlossning samt för att upptäcka muskelskador. I projektet LAMBI utvecklar vi nya avancerade ultraljudsmetoder för att undersöka hur muskeln deformeras, sträcks och belastas under förlossning och vid bäckenbottenaktivering. Målet är att hitta mätbara ultraljudsmarkörer som kan upptäcka, beskriva och förutsäga förlossningsrelaterade muskelskador. Forskningen genomförs i tre delar. Först utvecklas och testas ultraljudsmetoder i mänsklig vävnad ex vivo där realistiska förlossningsbelastningar kan simuleras. Därefter studeras kvinnor under vaginal förlossning för att undersöka om muskelns rörelser och töjning kan kopplas till senare skada. Slutligen används metoderna för att undersöka bäckenbottenfunktionen hos kvinnor efter förlossning och hos friska kvinnor för att förstå normal

funktion och återhämtning. Projektet kombinerar biomekanik, medicinsk bildteknik och klinisk forskning. Den nya kunskapen kan bidra till bättre diagnostik av bäckenbottenskador, förbättrad riskbedömning under förlossning samt utveckling av mer individanpassad rehabilitering och förebyggande behandling. På sikt kan detta minska långvariga besvär och förbättra kvinnors hälsa och livskvalitet.

Beviljat belopp år 1: 1 000 000
Beviljat belopp år 2: 1 000 000
Beviljat belopp år 3: 0

Projektets frågeställning: 5,44
Vetenskaplig kvalitet och metod: 5,56
Förutsättningar för projektets genomförande (inklusive kompetens): 5,56
Relevans och nytta i vårdverksamheten: 5,44
Mervärde i form av nytänkande, innovation, ökad samverkan, inklusive samverkan med industri, samt långsiktighet i planeringen och framtida medfinansiering: 5,44
Progressrapport:

Poäng: 27,44
Sökt belopp (totalt): 3000000

Novel oligonucleotide-based genetic analysis and treatment validation in tandem-repeats disorders

Ansökningsnummer: FoUI-1050888
Sökande: Rula Zain

Sammanfattning
Det finns en grupp av ärftliga neurologiska sjukdomar som beror på en rubbning som leder till att vissa sekvenser i arvsmassan upprepas för många gånger. Friska individer har i sin arvsmassa några sådana repetitioner, men får man för långa repetitioner utvecklas sjukdom. Antalet upprepningar och om sekvensen är obruten ger information om sjukdomens debutålder och patientens prognos. Dagens genetiska analyser har svårt att avläsa sekvensen, vilket är otillfredsställande. Kunskapen kring orsaken till själva upprepningen av dessa DNA sekvenser är också inte helt klarlagd. Vi kombinerar avancerade RNA-och DNA-sekvenseringsteknologier för att ta analysera upprepningsmönstret och proteinmängder i olika vävnader. Vi kommer att vidareutveckla vår DNA-sekvenseringsmetod som underlättar genomläsningen av dessa långa sekvenser och därmed förbättrar den genetiska analysen. Dessutom kommer vi att använda den nya metoden för att validera vår experimentella behandlingsstrategi för Huntingtons sjukdom (HD) och Friedreichs ataxi, (FRDA). Vårt koncept bygger på att syntetisera korta bitar av kemiskt modifierad arvsmassa som binder till sjukdomsanlagen och påverkar dess uttryck samt förhindrar själva sekvensensupprepningen som är roten till sjukdom. Liknande syntetisk arvsmassa har redan godkänts som medicin för en rad andra genetiska sjukdomar. De förväntade resultaten innebär en förbättrad genetisk analys och diagnostik av HD och FRDA samt framtagande av avancerad terapi för dessa sjukdomar som än idag saknar behandling.

Beviljat belopp år 1: 1 000 000
Beviljat belopp år 2: 0
Beviljat belopp år 3: 0

Projektets frågeställning: 5,56
Vetenskaplig kvalitet och metod: 5,67
Förutsättningar för projektets genomförande (inklusive kompetens): 5,78
Relevans och nytta i vårdverksamheten: 4,78
Mervärde i form av nytänkande, innovation, ökad samverkan, inklusive samverkan med industri, samt långsiktighet i planeringen och framtida medfinansiering: 5,22
Progressrapport:

Poäng: 27
Sökt belopp (totalt): 3000000

Precise detection and induction of tolerance of the central nervous system auto-aggressive disease, multiple sclerosis (MS), and other T cell-driven diseases.

Ansökningsnummer: FoUI-1365696
Sökande: Torbjörn Gräslund

Sammanfattning
Inflammatory diseases such as multiple sclerosis (MS) comprise T cells of the immune system that periodically enter the central nervous system (CNS), where they cause damage to nerve tracts. Between individuals with MS, the specificities of the T cells differ, and a routine method to determine T cell specificity in MS is in urgent need. Identification of their specificity is important for early detection of MS, and to give a personalized prognosis for the individual patient as well as help suggest the most suitable treatment. We have previously established the EpiTCer platform for the identification of T cell specificities in individual patients. This allows for individual profiling of blood samples from patients with MS. In this project, we aim to implement this unique and sensitive method as a complement to the current standard diagnosis in the Stockholm region. Secondly, we will also investigate correlations between T cell autoreactive specificity and disease progression and response to therapy. Thirdly, we aim to employ the EpiTCer platform to investigate the T cell component of other neuroinflammatory diseases. F Collectively, the efforts should result in earlier and precise detection of MS in persons in the Stockholm region, minimizing impairment from early MS attacks and aid the physicians in prescribing a suitable treatment. The results will also boost the progress toward the goal of stopping MS progression and give a template for stopping disease progression of also other autoimmune diseases.

Beviljat belopp år 1: 1 000 000
Beviljat belopp år 2: 1 000 000
Beviljat belopp år 3: 1 000 000

Projektets frågeställning: 5,56
Vetenskaplig kvalitet och metod: 5,78
Förutsättningar för projektets genomförande (inklusive kompetens): 6

Relevans och nytta i vårdverksamheten: 5,33
Mervärde i form av nytänkande, innovation, ökad samverkan, inklusive samverkan med industri, samt långsiktighet i planeringen och framtida medfinansiering: 5,67
Progressrapport: 4,8

Poäng: 28,33
Sökt belopp (totalt): 3000000