



Revista Española de Medicina Nuclear e Imagen Molecular



CO140 - COMPARACIÓN DE LA PLATAFORMA APROMISE Y MATLAB EN LA OBTENCIÓN DE VARIABLES SEMICUANTITATIVAS DEL TUMOR PROSTÁTICO MEDIANTE 18F-DCFPYL-PET/TC

Cristina Lucas Lucas¹, Ana María García Vicente², Mariano Amo Salas³, Pablo Borrelli⁴, Laura García Zoghby¹, Marcos Cruz Montijano¹, María del Prado Talavera Rubio¹, Francisco José Pena Pardo¹ y Víctor Manuel Poblete García¹

¹Servicio de Medicina Nuclear, Hospital General Universitario de Ciudad Real, Ciudad Real, España. ²Servicio de Medicina Nuclear, Complejo Hospitalario Universitario de Toledo, Toledo, España. ³Departamento de Matemáticas, Universidad de Castilla La Mancha, Ciudad Real, España. ⁴Departamento de Fisiología Clínica, Hospital Universitario de Sahlgrenska, Gotemburgo, Suecia.

Resumen

Objetivo: El objetivo fue validar el rendimiento del *software* automated Prostate Molecular Imaging Standardized Evaluation (aPROMISE) en la obtención de variables semicuantitativas de cáncer de próstata (CaP) de intermedio-alto riesgo con 18F-DCFPyL-PET/TC.

Material y métodos: Incluimos pacientes consecutivamente con diagnóstico reciente de CaP de intermedio-alto riesgo, sin bloqueo androgénico, realizándoles 18F-DCFPyL-PET/TC (uso compasivo) para su estadificación. Obtuvimos el grado ISUP (grupo de grado de la Sociedad Internacional de Patología Urológica) 1 a 5 tras biopsia prostática. Dos observadores evaluaron de forma independiente cortes axiales de próstata de 18F-DCFPyL-PET/TC. En estudios positivos, se realizó segmentación (incluyendo estructuras adyacentes infiltradas manualmente) automática del tumor mediante aPROMISE y se comparó con segmentación semiautomática-manual mediante Matlab desarrollado por el grupo de Oncología Matemática (MOLab). Los valores SUVmax, SUVmedio, SUVpico, volumen metabólico tumoral (VMT) y actividad lesional total (ALT) se compararon con ambos *software* (coeficiente de correlación intraclase [CCI] para valorar su concordancia, T-muestras apareadas y ANOVA). Se sumaron los VMT y ALT (total) en casos con > 1 volumen tumoral segmentado.

Resultados: Se incluyeron 54 pacientes en el análisis (4 excluidos por negatividad en PET). El 85,2% de alto riesgo y el 43,4% ISUP 4 o 5. En el análisis global, observamos buena correlación entre MOLab y aPROMISE respecto al SUVmax seguido de ALT y SUVpico (CCI de 1, 0,950 y 0,833, respectivamente; $p < 0,001$), sin mostrar diferencias significativas de forma individual para los diferentes grados ISUP y categorías de riesgo. Sin embargo, hubo diferencias significativas entre ambos *software* atendiendo a los diferentes grados ISUP y categorías de riesgo, excepto ALT con el grado ISUP.

Conclusiones: En nuestra muestra, aPROMISE muestra buen rendimiento en SUVmax y ALT tras segmentación del tumor prostático comparada con MOLab. Sin embargo, existen diferencias

significativas entre prácticamente todas las variables semicuantitativas para los diferentes grupos ISUP y categorías de riesgo.