

Popularnonaukowe streszczenie projektu

Pośród najczęściej występujących nowotworów złośliwych w Polsce są nowotwory płuc oraz jelit. Nowotwory nerki występują rzadziej, jednak ze względu na późną diagnozę zajmują wysokie miejsce pod względem śmiertelności. Z tych powodów niezwykle ważne jest poznanie molekularnych mechanizmów związanych z progresją nowotworową, a także z procesem wznowy choroby. Ścieżka Notch jest konserwatywnym ewolucyjnie mechanizmem regulacji aktywności genów odgrywającym kluczową rolę w rozwoju organizmów wielokomórkowych poprzez determinację losów komórek i regulację różnych procesów komórkowych takich jak proliferacja i różnicowanie komórek czy angiogeneza. Zgodnie z tym należy przypuszczać, że zaburzenia w sygnalizacji szlaku Notch przyczyniają się do zapoczątkowania i progresji choroby nowotworowej. Nasze badania wstępne oparte o analizy bioinformatyczne oceny ryzyka wznowy choroby w zależności od poziomu ekspresji poszczególnych genów szlaku Notch potwierdziły założenia, że w zależności od typu nowotworu oraz profili ekspresji genów, szlak ten może mieć charakter zarówno onkogenny jak i supresorowy. Ponadto dzięki analizie *in silico* jesteśmy w stanie określić różnice biologiczne między grupami korzystnego i niekorzystnego rokowania pod względem wznowy choroby. Niniejszy projekt zakłada pogłębienie wiedzy na temat procesów biologicznych regulowanych przez szlak Notch doprowadzających do wznowy wybranych nowotworów: jasnokomórkowego raka nerki, brodawkowego raka nerki, chromofobnego raka nerki, płaskonabłonkowego raka płuc, gruczolakoraka płuc oraz raka jelita, a ponadto zidentyfikowanie potencjalnych celów terapeutycznych.