

## POPULARNONAUKOWE STRESZCZENIE PROJEKTU

Choroby nowotworowe są jedną z najczęstszych przyczyn zgonów na świecie, szczególnie w krajach rozwiniętych. Według danych Światowej Organizacji Zdrowia w 2015 roku około 9 milionów ludzi na świecie zmarło z powodu raka i przewiduje się, że przy utrzymaniu obecnych tendencji liczba ta wzrośnie do 11,5 miliona w roku 2030. Niemal każdy zetknął się tą chorobą mniej lub bardziej bezpośrednio. Metody leczenia raka są bezsprzecznie co raz to skuteczniejsze, jednak prawdziwy przełom wymaga podejścia kompleksowego. Dlatego zarówno naukowcy jak i lekarze pracujący bezpośrednio z pacjentem doceniają potrzebę zintegrowania danych w wielu skalach przestrzennych i czasowych, od genów do tkanek, w celu pełnego zrozumienia procesu chorobowego.

Istnieje wiele różnic zarówno pomiędzy komórkami prawidłowymi a nowotworowymi, jak i pomiędzy tkankami zdrowymi a zmienionymi chorobowo. Te pierwsze dotyczą właściwości pojedynczych komórek, tego jak szybko ulegają podziałom, migrują czy wymykają się normalnemu procesowi śmierci, zaś drugie dotyczą przede wszystkim procesów naciekania (inwazji) nowotworu na tkanki i tworzenia przerzutów. Na pewnym etapie rozwoju nowotworu litego komórki z pierwotnej masy guza migrują i naciekają otaczającą tkankę. To właśnie naciekanie tkanek jest pierwszym etapem w złożonym procesie wtórnego rozprzestrzeniania choroby, w którym komórki rakowe przemieszczają się do innych miejsc w organizmie chorego i tworzą nowe ogniska nowotworowe zwane przerzutami. Przerzuty są odpowiedzialne za około 90% wszystkich zgonów spowodowanych rakiem. Dokładniejsze poznanie i zrozumienie w jaki sposób i gdzie komórki nowotworowe atakują miejscową tkankę ma szansę istotnie przyczynić się do opracowania lepszych protokołów leczenia i w rezultacie umożliwi skuteczniejszą, bardziej zindywidualizowaną terapię pacjenta. Trzeba jednak pamiętać, że procesy naciekania i tworzenia przerzutów są ze swej natury bardzo skomplikowane - obejmują wiele powiązanych procesów w szerokim zakresie skal przestrzennych i czasowych, dlatego teoretyczne wsparcie ze strony biomatematyki i biologii systemowej w zrozumieniu tych procesów okazuje się niezwykle potrzebne. Ostatnie dziesięciolecia to czas olbrzymich postępów w naszym rozumieniu molekularnych podstaw budowy i funkcji komórek. Biolodzy molekularni i biochemicy osiągnęli imponujące rezultaty w wyjaśnianiu mechanizmów sygnalizacji międzykomórkowej oraz jej wpływu na kontrolę ekspresji genów, proliferację komórek czy ich motorykę. Wraz z dynamicznym rozwojem metod eksperymentalnych uzyskano ogromne ilości danych genetycznych, proteomicznych i biochemicznych. Równoległe nastąpił rozwój „strony teoretycznej” poprzez opracowanie matematycznych i obliczeniowych modeli różnych aspektów chorób nowotworowych. Budowane we współpracy z biologami i lekarzami modele wielokrotnie umożliwiały weryfikację istniejących i sformułowanie nowych hipotez badawczych, a także ułatwiały projektowanie nowych eksperymentów.

Projekt jest poświęcony rozwojowi nowych metod asymilacji danych uzyskiwanych przy pomocy różnych technik obrazowania medycznego w modelach opisujących dynamikę chorób nowotworowych, w szczególności w modelach inwazji nowotworowej. W ramach projektu chcielibyśmy rozwinąć metodologię estymacji parametrów modelu inwazji na podstawie danych rzeczywistych, przede wszystkim obrazowych. Chcemy zatem, łącząc dane kliniczne z najnowszymi modelami matematycznymi i symulacjami numerycznymi, przyczynić się do stworzenia predykcyjnej platformy symulacyjnej, dzięki której będzie można podejmować lepsze, bardziej obiektywne decyzje kliniczne, tym samym zwiększając skuteczność leczenia i w rezultacie poprawić współczynniki przeżycia pacjentów z chorobami nowotworowymi.