

### Popularnonaukowe streszczenie projektu:

Celem naszego projektu jest identyfikacja genów i cząsteczek, które wspomagają rozwój i progresję raka nerki. W naszych badaniach skupiamy się na najczęstszej formie raka nerki, zwanej rakiem nerkowokomórkowym typu jasnokomórkowego (w skrócie: ccRCC), rokrocznie diagnozowanej w Polsce u około 5000 osób, prowadzącej do śmierci około połowy z nich. Wysoka śmiertelność raka nerki wynika z częstego występowania przerzutów nowotworowych. ccRCC może być skutecznie leczony operacyjnie, gdy pozostaje zlokalizowany w nerce. Niestety, pojawienie się przerzutów sprawia, że skuteczne leczenie ccRCC staje się bardzo trudne.

W naszym projekcie postawiliśmy hipotezę, która zakłada, że wzrost i rozsiew ccRCC jest wspomagany przez komórki nienowotworowe, zwane mezenchymalnymi komórkami macierzystymi (w skrócie: MSC). Komórki te występują w różnych tkankach człowieka i biorą udział w procesach gojenia się ran. Kiedy jednak w organizmie pojawia się nowotwór, komórki MSC migrują w jego kierunku i wspomagają komórki nowotworowe w dalszym wzroście i tworzeniu przerzutów. Nasza hipoteza zakłada, że guzy ccRCC wydzielają różnego rodzaju cząsteczki, które stymulują MSC do migrowania w kierunku guza nowotworowego. Mamy nadzieję, że zablokowanie działania tych cząsteczek spowoduje, że uda się zahamować dalszy rozwój nowotworu.

Aby zrealizować nasz projekt, wykorzystamy próbki tkanek pobrane od chorych z ccRCC, a także hodowane w laboratorium linie komórkowe oraz myszy model ccRCC.

Dzięki realizacji naszego projektu uda się pozyskać wiedzę na temat mechanizmów prowadzących do rozwoju i progresji raka nerki. Mamy nadzieję, że wyniki naszego projektu staną się podstawą do przyszłych badań, mających na celu opracowanie nowych strategii leczenia chorych z ccRCC, a także do identyfikacji molekularnych markerów progresji ccRCC.