

## Analiza interakcji pomiędzy płytkami krwi edukowanymi przez nowotwór a komórkami raka jajnika

---

Rak jajnika stanowi główną przyczynę śmierci wśród nowotworów ginekologicznych i czwartą najczęstszą przyczynę śmierci u kobiet z nowotworem. Umieralność z powodu raka jajnika w Polsce jest o ponad 15% wyższa niż przeciętna dla krajów Unii Europejskiej: tylko w 2012 roku liczba zgonów z powodu tej choroby wyniosła 2 692, a zachorowań odnotowano 4 456.

W raku jajnika standardowym testem stosowanym przy diagnozie i ocenie skuteczności terapii jest badanie poziomu markera CA-125. Choć CA-125 jest pomocny przy wykrywaniu choroby, brakuje mu specyficzności i czułości. Nie u wszystkich chorych na raka jajnika obserwuje się wysoki poziom CA-125, z kolei wzrost tego markera towarzyszy też stanom takim jak ciąża, endometrioza czy marskość wątroby. Dodatkowo, marker CA-125 jest mało dynamiczny, a więc jego poziom nie zmienia się szybko, gdy tylko terapia przestaje przynosić skutki. Nie pozwala to na wiarygodną ocenę odpowiedzi na leczenie, ani nie wykrywa choroby resztkowej.

Narzędziem o ogromnym potencjale diagnostycznym mogą się okazać płytki krwi TEP (ang. *Tumor Educated Platelets*) – płytki „wiedukowane” przez guza. Płytki TEP to efekt oddziaływania nowotworu na komórki znajdujące się w jego środowisku. Komórki, jak i płytki krwi, zmieniają swoje zachowanie pod wpływem sygnałów wysyłanych przez guza. Zmiany te można śledzić we krwi pacjenta onkologicznego, w tzw. płynnej biopsji – rewolucyjnym rodzaju badania pozwalającym wykryć zmieniony pod wpływem nowotworu profil RNA płytek krwi.

Aby płynne biopsje były skutecznym narzędziem diagnostycznym w raku jajnika, konieczne jest zbadanie podłoża molekularnego interakcji zachodzących pomiędzy komórkami nowotworu a płytkami. W związku z tym, zaplanowano serię eksperymentów bazujących na tzw. ko-hodowlach linii komórkowych raka jajnika z płytkami. Płytki wyeksponowane na kontakt z komórkami nowotworowymi powinny zmieniać swoje zachowanie, co przełoży się ich zmienioną zawartość (występowanie innych cząsteczek RNA). Owe zmiany zostaną zbadane za pomocą bardzo nowoczesnej technologii, umożliwiającej sekwencjonowanie RNA na poziomie pojedynczych komórek. Jest to innowacyjne podejście, pozwalające na jednoczesne, cyfrowe odczytywanie tysięcy, a nawet milionów fragmentów sekwencji RNA. Taka analiza wyjaśni oddziaływanie komórek z płytkami z niespotykaną dotąd wnikliwością.

Wyniki prac uzyskanych w ramach Projektu będą stanowiły krok w kierunku spersonalizowanej medycyny. Analiza płynnych biopsji pobieranych przy każdej wizycie chorej w klinice pozwoli dynamicznie śledzić postęp choroby nowotworowej, a najnowsze osiągnięcia technologiczne umożliwią szybszą i dokładniejszą analizę tego typu materiału. W dłuższej perspektywie, wyniki projektu przyczynią się do obniżenia śmiertelności wśród chorych oraz zwiększenia ich komfortu życia podczas terapii. Uzyskane wyniki mogą się również okazać przydatne w pracach nad innymi rodzajami nowotworów.