

Celem naszego projektu jest identyfikacja genów, które wspomagają rozwój i progresję raka nerki, a właściwie jego najczęstszej formy, zwanej rakiem nerkowokomórowym typu jasnokomórkowego (w skrócie: ccRCC). Rokrocznie ccRCC jest diagnozowany w Polsce u około 5000 osób, podczas gdy śmierć z jego powodu ponosi około 2600 pacjentów.

W projekcie będziemy się skupiać na genach regulujących funkcjonowanie jąder, małych struktur zlokalizowanych w obrębie jąder komórkowych, biorących udział w syntezie cząsteczek tzw. rybosomalnego RNA. Nasza hipoteza zakłada, że zmiany w działaniu genów jąderkowych wpływają na wzrost guza oraz tworzenie przerzutów. Mamy nadzieję, że zablokowanie działania tych genów spowoduje, że uda się zahamować dalszy rozwój nowotworu. W projekcie wykorzystamy próbki tkanek pobrane od chorych z ccRCC, a także hodowane w laboratorium linie komórkowe oraz myszy model ccRCC. Mamy nadzieję, że wyniki naszego projektu staną się podstawą do opracowania nowych strategii leczenia chorych z ccRCC i molekularnych markerów progresji ccRCC.