

Rak jajnika (OC) pozostaje jednym z najbardziej śmiertelnych nowotworów kobiecych na świecie. Surowiczy rak jajnika o wysokim stopniu złośliwości (HGSOC) wyróżnia się jako najbardziej agresywny i śmiertelny podtyp OC. Zazwyczaj diagnozowany jest dopiero w zaawansowanym stadium, a większość pacjentek doświadcza nawrotu choroby mimo początkowej, dobrej odpowiedzi na chemioterapię opartą na związkach platyny. Co więcej, mimo wstępnych nadziei, immunoterapia która zrewolucjonizowała leczenie wielu innych nowotworów wykazuje znikomą skuteczność w HGSOC. Sugeruje to istnienie nieznanych dotąd mechanizmów utrudniających skuteczne leczenie tej choroby.

Dlatego coraz większe znaczenie zyskują badania nad czynnikami molekularnymi, które mogą odgrywać kluczową rolę w rozwoju HGSOC. Szczególną uwagę naukowców przyciąga rodzina białek TRIM (tripartite motif-containing proteins). Białka te pełnią istotne funkcje w komórkach uczestnicząc m.in. w regulacji cyklu komórkowego, apoptozy, odpowiedzi immunologicznej i degradacji białek. Co ciekawe, wiele z nich jest aktywnych w komórkach nowotworowych i może sprzyjać lub hamować rozwój raka w zależności od jego typu.

Niektóre białka TRIM, takie jak TRIM24 czy TRIM27, były już badane w kontekście raka jajnika. Rola większości z nich, w tym TRIM32 i TRIM34, pozostaje jednak nieznaną. Tymczasem nasze wstępne badania wykazały, że TRIM32 i TRIM34 są znacznie bardziej aktywne w komórkach raka jajnika niż w zdrowych tkankach jajowodu strukturalnej, z której, jak się obecnie uważa, wywodzi się HGSOC. To odkrycie sugeruje, że białka te mogą być związane z mechanizmami napędzającymi rozwój choroby, a być może również z jej opornością na leczenie.

Celem niniejszego projektu jest zbadanie roli TRIM32 i TRIM34 w patogenezie HGSOC, zarówno pod kątem ich znaczenia biologicznego, jak i potencjalnej wartości klinicznej. Korzystając z zaawansowanych technik biologii molekularnej i bioinformatyki, chcemy określić, w jaki sposób TRIM32 i TRIM34 wpływają na rozwój nowotworu, jego interakcje z układem odpornościowym oraz odpowiedź na leczenie.

Podsumowując, zrozumienie funkcji TRIM32 i TRIM34 w HGSOC może mieć przełomowe znaczenie. Badania te mogą doprowadzić do odkrycia nowych szlaków molekularnych odpowiedzialnych za progresję choroby i jej oporność na terapię, a także umożliwić opracowanie skuteczniejszych, bardziej spersonalizowanych metod leczenia. W przyszłości lekarze, wyposażeni w nową wiedzę, mogliby trafniej przewidywać przebieg choroby oraz skuteczniej dopasowywać terapię do konkretnego pacjenta, zwiększając szanse na dłuższe i lepsze życie.