

praktycznych możliwości od dziesięcioleci jest najwyższa w Europie umieralność z powodu raka szyjki macicy. Z drugiej strony dobrą wiadomością wynikającą z obserwacji epidemiologicznych jest rozejście się zachorowalności i umieralności z powodu nowotworów złośliwych piersi. Świadczy to o postępie w zakresie wczesnej diagnostyki leczenia tego schorzenia. Zjawisko to wskazuje na istniejące także w Polsce możliwości leżące we współpracy onkologów, lokalnych społeczności, organizacji kobiecych, itp.

Także w zakresie skuteczności leczenia potrzebne są dalsze działania i nakłady dla poprawy istniejących możliwości skutecznego leczenia (wynikające z istniejących skutecznych, evidence based programów leczenia).

3.

PROFIL EKSPRESJI GENÓW W GUZIE NOWOTWOROWYM: ZNACZENIE POZNAWCZE I DIAGNOSTYCZNE NA PRZYKŁADZIE RAKA BRODAWKOWATEGO

Jarząb B.

Zakład Medycyny Nuklearnej i Endokrynologii Onkologicznej, Centrum Onkologii-Instytut

Poznanie ludzkiego genomu dało silny impuls dla rozwoju nowych metod genomiki funkcjonalnej. Onkologia wiąże szczególnie duże nadzieje z techniką mikromacierzy DNA, która umożliwia jednoczesne badanie ekspresji wszystkich genów lub znacznej ich części - rzędu dziesięciudwudziestu tysięcy genów. W ostatnim czasie ukazało się szereg niezwykle interesujących publikacji dokumentujących możliwość zastosowania techniki mikromacierzy DNA dla nowej klasyfikacji guzów czy przewidywania przebiegu choroby nowotworowej i jej reakcji na leczenie. I tak badania z użyciem dedykowanej mikromacierzy cDNA (Lympho chip) pozwoliły na wyróżnienie dwóch podtypów chłoniaka z dużych komórek B, które istotnie różnią się rokowaniem. Z kolei w raku piersi możliwe stało się znacznie dokładniejsze niż dotychczasowe przewidywanie ryzyka przerzutów odległych, co stało się impulsem dla podjęcia prospet-

tywnych badań klinicznych. Jeżeli potwierdzą się wcześniejsze wnioski, badanie raka piersi techniką mikromacierzy DNA będzie dostarczało istotnej informacji o rokowaniu i rzutowało na leczenie. Nasze własne badania dotyczą raka brodawkowego tarczycy, w którym obserwujemy bardzo silny sygnał ekspresyjny, pozwalający na dobre odróżnienie raka od otaczającej tkanki już przy uwzględnieniu zestawu około 30 genów. W zdefiniowanym przez nas profilu ekspresji raka brodawkowego znajduje się szereg genów, które nie były dotąd opisywane w dotychczasowych doniesieniach i których znaczenie dla procesu transformacji nowotworowej jest przez nas aktualnie analizowane. Badamy również, czy istnieją różnice w profilu ekspresji genów, zależne od typu mutacji inicjującej transformację nowotworową. Jakkolwiek widzimy pewne różnice w ekspresji genów w zależności od obecności rearanżacji RET, to nie pozwalają one na jednoznaczne odróżnienie guzów z tą mutacją od guzów, w których nie udaje się ich wykryć i w których inne wydarzenie molekularne inicjuje transformację nowotworową. W podsumowaniu, dotychczasowe doświadczenia techniką mikromacierzy DNA pozwalają stwierdzić, że metoda ta daje onkologowi niezwykle narzędzie badawcze, które pozwala na formułowanie wielu nowych hipotez i kierunkowanie nowych badań klinicznych. Jakkolwiek praca nad ich weryfikacją zabierze wiele lat, już dzisiaj wyraźnie widoczne są perspektywy klinicznego zastosowania mikromacierzy DNA dla optymalizacji rozpoznania i leczenia raka.

4.

DIAGNOSTYKA MOLEKULARNA DZIEDZICZNEJ PREDYSPOZYCJI DO NOWOTWORÓW

Lubiński J.

Międzynarodowe Centrum Nowotworów Dziedzicznych

Predyspozycja do nowotworów wynika z uwarunkowań genetycznych jedno- i wielogenowych. Badania ostatnich lat dostarczyły danych, dzięki którym możliwa jest coraz bardziej efektywna diagnostyka no-