



Dr Sabina Lichołai

Uniwersytet Jagielloński – Collegium Medicum

Rozmowa z autorką pracy: „MikroRNA jako potencjalny marker tętniaków aorty brzusznej”

Jak, w sposób niespecjalistyczny, scharakteryzowałaby Pani identyfikację profili molekularnych związanych z tętniakami aorty brzusznej?

Proces identyfikacji profili molekularnych związanych z chorobami naczyń można podzielić na dwa główne etapy: wykonywanie wysokoprzepustowych badań molekularnych oraz przeprowadzanie analiz obliczeniowych. Każdy z tych etapów jest kluczowy dla uzyskania pełnego obrazu molekularnego pacjenta i ma ogromne znaczenie diagnostyczne. Pierwszy etap polega na zastosowaniu nowoczesnych technik biologii molekularnej, takich jak sekwencjonowanie następnej generacji (NGS), proteomika czy metabolomika. Te techniki pozwalają nam na jednoczesne zbadanie tysięcy genów, białek i metabolitów w próbkach od pacjentów. Dzięki tym technologiom jesteśmy w stanie uzyskać szczegółowy profil molekularny, który pokazuje, jakie zmiany zachodzą na poziomie genetycznym, białkowym i metabolicznym w organizmach osób cierpiących na choroby naczyń. Drugi etap to zaawansowane analizy obliczeniowe. Po uzyskaniu surowych danych z badań molekularnych, korzystamy z narzędzi bioinformatycznych i statystycznych, aby zintegrować, przetworzyć i zinterpretować te dane.

Jakie znaczenie mają Pani badania w kontekście diagnostyki i terapii pacjentów z tą chorobą?

Nasze analizy obejmują między innymi porównywanie profili molekularnych pacjentów z grupą kontrolną, co pozwala na identyfikację kluczowych biomarkerów oraz tworzenie modeli predykcyjnych. Modele te mogą pomóc w przewidywaniu przebiegu choroby i odpowiedzi na leczenie. Połączenie dwóch warstw badań, o których wspomniałam wcześniej, pozwala nam na stworzenie kompleksowych profili molekularnych pacjentów, które mogą być użyte w diagnostyce i personalizacji terapii. Dzięki temu jesteśmy też w stanie dokładniej zrozumieć mechanizmy leżące u podstaw różnych zaburzeń, na przykład chorób naczyń, co może w przyszłości prowadzić do opracowania bardziej skutecznych strategii leczenia.

Czy możemy poprosić o komentarz dotyczący potrzeby – ale też możliwości – współczesnego rozwoju diagnostyki w oparciu o narzędzia informatyczne?

Tradycyjnie, diagnostyka molekularna koncentrowała się na analizie białek, które są bezpośrednimi efektorami wielu procesów biologicznych. Metody takie jak ELISA, western blotting, czy spektrometria masowa były powszechnie używane do identyfikacji i ilościowego oznaczania białek w próbkach biologicznych. Chociaż te metody dostarczyły wielu cennych informacji, obecnie poszukiwanie nowych biomarkerów za ich pośrednictwem wydaje się nieco zwalniać, a pula produktów białkowych też jest ograniczona. Nowym, obiecującym kierunkiem w diagnostyce są niekodujące kwasy nukleinowe, takie jak mikroRNA (*miRNA*), długie niekodujące RNA (*lncRNA*) oraz inne małe niekodujące RNA. NcRNA odgrywają kluczową rolę w regulacji genów i są związane z wieloma procesami chorobowymi, co czyni je potencjalnie wartościowymi biomarkerami diagnostycznymi. Identyfikacja i analiza ncRNA wymagają zaawansowanych technologii, takich jak sekwencjonowanie wysokoprzepustowe (NGS – *next generation sequencing*). NGS umożliwia równoczesne sekwencjonowanie milionów fragmentów DNA lub RNA, co jest kluczowe dla odkrywania nowych biomarkerów w dużych i złożonych zestawach danych. Wykorzystanie wy-

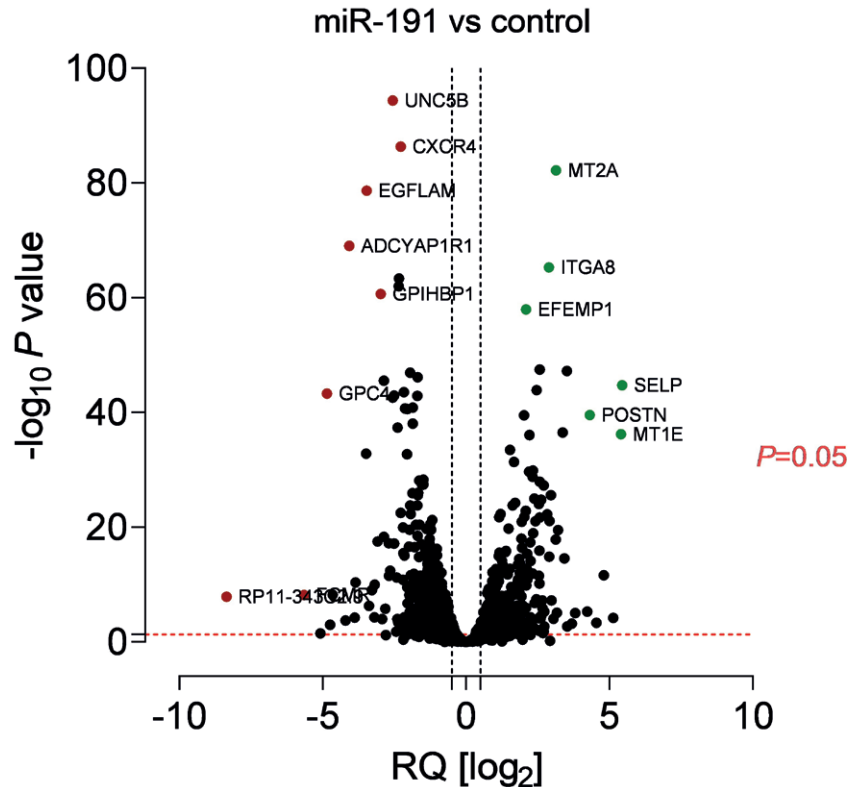
sokoprzepustowego sekwencjonowania generuje natomiast ogromne ilości danych, które muszą być efektywnie analizowane i interpretowane. Tutaj na scenę wchodzi zaawansowane narzędzia informatyczne czy infrastruktura, jak klastry obliczeniowe oraz dedykowane algorytmy bioinformatyczne, które pozwalają na efektywne przetwarzanie tak dużych zbiorów danych.

W jaki sposób, w powyższym zakresie, zasoby Cyfronetu przysłużyły się Pani badaniom?

ACK Cyfronet AGH dostarcza polskim naukowcom możliwość wykonywania badań z wykorzystaniem klastrów obliczeniowych. Zapewniana moc obliczeniowa jest niezbędna do wykonania wymaganych analiz z powodu ogromnych ilości generowanych danych, złożoności analiz oraz potrzeby szybkiego ich przetwarzania. Wykonanie tego typu procedur nie jest możliwe na przykład w oparciu o typowe laptopy czy nawet komputery projektowane do gier. Poza tym, duże ilości danych wymagają nie tylko mocy obliczeniowej, ale także odpowiednich systemów do ich przechowywania i zarządzania. Oferowana przez Cyfronet infrastruktura zapewnia tutaj skalowalne rozwiązania do przechowywania i przetwarzania danych na dużą skalę na potrzeby badań naukowych.

O czym, według Pani, powinni pamiętać studenci i studentki na początku ścieżki doktorskiej?

Podkreśliłabym przede wszystkim wagę odpowiedniego wyboru tematu badawczego. Według mnie powinien być to obszar, który z jednej strony nas mocno interesuje, ale też stanowi swojego rodzaju niszę w dziedzinie. Warto przy tym patrzeć na interdyscyplinarne kierunki badań, które łączą nawet skrajnie różne dziedziny. Takie podejście może prowadzić do nowatorskich rozwiązań, ponieważ umożliwia spojrzenie na problem z różnych perspektyw i wykorzystanie metod oraz narzędzi z różnych dyscyplin. Powiedziałabym też, że warto już na wczesnym etapie uczestniczyć w konferencjach naukowych i spotkaniach branżowych. Pozwala to nawiązać cenne kontakty, wymieniać się doświadczeniami i być na bieżąco z najnowszymi trendami w danej dziedzinie.



Zmiany w zakresie ekspresji genów na poziomie transkryptomu pod wpływem czynników epigenetycznych