

EGY GÉN NEM ELÉG! (A ROSSZINDULATÚ DAGANATOS BETEGEK TERÁPIÁS VÁLASZÁNAK ÉS TÚLÉLÉSÉNEK ELŐREJELZÉSÉRE)

Dr. Györfly Balázs

MTA TTK Lendület Onkológiai Biomarker Kutatócsoport

A szolid tumorok várható prognózisának előrejelzése jelentős klinikai probléma az onkológiai betegek kezelése során. A mai genomikai technológiák lehetővé teszik, hogy valamennyi gén működését egyidejűleg megvizsgáljuk. Kutatásaink során genom-szintű adatok felhasználásával a betegek túlélését előre jelező biomarkereket azonosítunk.

Létrehoztunk egy olyan online elérhető rendszert, amely egyes gének kifejeződésének a túlélésre gyakorolt hatását vizsgálja. Ehhez 9 ezer emlő-, tüdő-, petefészek- és gyomorrákos betegből 54 ezer gén expressziós adatait integráltuk egy közös adatbázisba (www.kmplot.com). Egy konkrét gén esetén klinikai paraméterek függvényében ki tudjuk számolni, hogy mekkora a gén mérhető hatása a betegek túlélésére, és milyen mértékben lehet biomarkerként használni. Felhasználók száma alapján a rendszer az onkológiai túlélés-elemzés és biomarker-validáció terén világviszonylatban is az első helyen van.

A genomikai adatok egy másik szintjét alkotják a génekben megjelenő mutációk. Ezen mutációk és génexpresszió összekapcsolása lehetséges a „genotype to outcome” (www.g-2-o.com) rendszer segítségével. A kb. 8000 beteg adatait felhasználó algoritmus nemcsak azt mondja meg, hogy mi lesz egy adott mutáció esetén a várható túlélés, de a molekulárisan célzott terápia során legígéretesebb géneket is azonosíthatjuk. Ezáltal a kutatási eredmények közvetlen gyógyszeripari hasznosítását is lehetővé tesszük.
