

**Uchwała nr 110/2024**

**Senatu Uniwersytetu Medycznego w Białymstoku**

**z dnia 23.05.2024 r.**

**w sprawie opinii dotyczącej wniosku o przyznanie nagrody zespołowej Ministra Zdrowia za znaczące osiągnięcia w zakresie działalności wdrożeniowej prof. dr hab. Adamowi Jackowi Krętowskiemu, dr n. chem. Magdalenie Niemirze, prof. dr hab. Michałowi Ciborowskiemu, dr n. med. Annie Erol, dr n. med. Agnieszce Bielskiej, dr n. med. Karolinie Pietrowskiej, dr n. med. Patrycji Mojsak**

Na podstawie:

§ 28 ust. 1 pkt 20 Statutu Uniwersytetu Medycznego w Białymstoku oraz § 5 ust. 4 pkt 1 Rozporządzenia Ministra Zdrowia z dnia 13 czerwca 2019 r. w sprawie nagród ministra właściwego do spraw zdrowia dla nauczycieli akademickich (Dz.U. poz. 1150) uchwała się, co następuje:

**§ 1**

Senat Uniwersytetu Medycznego w Białymstoku pozytywnie opiniuje zasadność wystąpienia z wnioskiem o przyznanie nagrody ministra właściwego do spraw zdrowia zespołowej za znaczące osiągnięcia w zakresie działalności wdrożeniowej prof. dr hab. Adamowi Jackowi Krętowskiemu, dr n. chem. Magdalenie Niemirze, prof. dr hab. Michałowi Ciborowskiemu, dr n. med. Annie Erol, dr n. med. Agnieszce Bielskiej, dr n. med. Karolinie Pietrowskiej, dr n. med. Patrycji Mojsak. Uzasadnienie wystąpienia z wnioskiem stanowi załącznik nr 1 do niniejszej uchwały.

**§ 2**

Uchwała wchodzi w życie z dniem podjęcia.

**Z up. Przewodniczącego Senatu**

**Prof. dr hab. Marcin Moniuszko**

Załącznik nr 1 do Uchwały nr 110/2024 Senatu UMB z dnia 23.05.2024 r.

Uzasadnienie wystąpienia z wnioskiem o przyznanie nagrody ministra właściwego do spraw zdrowia zespołowej za znaczące osiągnięcia w zakresie działalności wdrożeniowej prof. dr hab. Adamowi Jackowi Krętowskiemu, dr n. chem. Magdalenie Niemirze, prof. dr hab. Michałowi Ciborowskiemu, dr n. med. Annie Erol, dr n. med. Agnieszce Bielskiej, dr n. med. Karolinie Pietrowskiej, dr n. med. Patrycji Mojsak

Analizy „omiczne” stały się integralną częścią badań translacyjnych i są głównym źródłem kluczowych informacji na temat mechanizmu i przebiegu wielu chorób człowieka, w szczególności ich mechanizmów na poziomie molekularnym. Pozwalają na holistyczne spojrzenie na złożoność procesów biologicznych. Szeroko prowadzone badania multiomiczne są szansą na poznanie i zrozumienie przemian biochemicznych związanych z rozwojem chorób, a w konsekwencji, m.in. opracowanie nowych metod leczenia i odkrywanie użytecznych biomarkerów diagnostyczno-prognostycznych czy pozwalających na ocenę skuteczności leczenia. Centrum Badań Klinicznych UMB to jedyna w Polsce jednostka, która w sposób kompleksowy specjalizuje się w technologiach „omicznych”, takich jak genomika, proteomika, czy metabolomika. Prowadzone analizy w sposób holistyczny opisują genom (sekwencje genów), epigenom (czynniki modulujące funkcje genów), transkryptom (ekspresję genów), proteom (sekwencje i szlaki sygnałowe) oraz metabolom (stężenia i przepływy metabolitów komórkowych i pozakomórkowych). W ramach Centrum Badań Klinicznych działają m.in. Laboratorium Genomiki i Analiz Epigenetycznych (LGAE) oraz Laboratorium Metabolomiki (LM), które specjalizują się, odpowiednio, w badaniach genomicznych i metabolomicznych. Laboratorium Genomiki i Analiz Epigenetycznych wykonuje m.in. badania zmienności genetycznej i somatycznej w metodach sekwencjonowania całogenomowego (WGS) i całoeksomowego (WES), analizy transkryptomiczne, w których oceniana jest ekspresja genów (RNA-seq), krótkiego niekodującego RNA (smallRNA-seq), metylomu, dotyczące zmian w profilu i poziomie metylacji DNA, jak również sekwencjonowanie pojedynczej komórki (scRNA-seq). Laboratorium zajmuje się również profilowaniem mikroRNA (miRNA) w płynach ustrojowych tzw. liquid biopsy – płynna biopsja.

Wdrożone w Laboratorium Genomiki i Analiz Epigenetycznych przez Zespół kandydujący do nagrody metody genomowe w 2023 roku zostały zaimplementowane do diagnostyki genetycznej proponowanej pacjentom. Wprowadzone badania z użyciem technologii sekwencjonowania DNA nowej generacji (NGS), w tym panele diagnostyczne, analizy całoeksomowe (WES) są wykorzystywane w Pracowni Genomiki Klinicznej i Diagnostyki Genetycznej Uniwersyteckiego Szpitala Klinicznego w Białymstoku, jedynym Laboratorium w regionie z prezentowaną ofertą badań (jednostka wpisana do Krajowej Izby Diagnostów Laboratoryjnych. Dodatkowo, wdrożone metody badawcze znajdowały się w ofercie usług

komercyjnych w latach 2022 – 2023 w spółce Genomika Polska sp. z o.o. – skierowanej do instytucji naukowych. Laboratorium Genomiki i Analiz Epigenetycznych posiada certyfikaty jakości uzyskane podczas oceny przez Europejską Sieć Kontroli Jakości Badań Genetycznych (EMQN) i agencję Oceny Jakości Genetycznej w zakresie analiz całoeksomowych (WES) i całogenomowych (WGS) w latach 2022 i 2023. Laboratorium uzyskało najwyższą ocenę, a wygenerowane przez Laboratorium dane sekwencyjne uzyskały najwyższe wartości i zostały najwyżej sklasyfikowane z blisko 130 ośrodków z całego świata (platforma NovaSeq 6000 i NovaSeq X Plus, Illumina).

Ponadto, laboratorium prowadzi badania własne nad niskozróżnicowanym surowiczym rakiem jajnika (HGSOC), których efektem jest zgłoszenie patentowe i rozpoczęcie działań mających na celu komercjalizację wynalazku. Rak jajnika jest jednym z najczęstszych nowotworów złośliwych żeńskich narządów płciowych, cechującym się wysoką śmiertelnością. Podstawowym problemem w jego diagnostyce jest najczęściej zupełny brak objawów we wczesnym stadium, a w późniejszych stadiach, gdy pojawiają się już przerzuty, objawów niespecyficznych, często mylonych z tymi pochodzącymi od układu pokarmowego. Niestety do chwili obecnej, pomimo wielu badań, wciąż brakuje wiarygodnych markerów diagnostycznych oraz metod wczesnego wykrywania tej choroby, jak również środków do monitorowania jej leczenia i/lub progresji. Wartość diagnostyczna szeroko stosowanej ultrasonografii przezpochwowej oraz oznaczenie w surowicy antygenu CA125 okazała się niewystarczająca z powodu zbyt niskiej czułości skuteczności. Co więcej, często jedynym sposobem na identyfikację nowotworu staje się zabieg chirurgiczny, który niejednokrotnie nie jest konieczny. Istnieje więc ogromne zapotrzebowanie na proste badania krwi, które będą mogły wesprzeć dotychczasową nieinwazyjną diagnostykę raka jajnika. Stworzony przez Zespół kandydujący do nagrody model został dopasowany, poprzez wyznaczenie odpowiednich punktów odcięcia, do ogólnodostępnej metody ekspresji genów na poziomie transkryptu, tj. reakcji łańcuchowej polimerazy z analizą ilości produktu w czasie rzeczywistym (ang. qRT-PCR, quantitative reverse-transcription polymerase chain reaction). Badanie opiera się na komercyjnie dostępnych specyficznych i zoptymalizowanych starterach. Uzyskane znormalizowane dane z reakcji qPCR należy jedynie zaimplementować do zbudowanego modelu diagnostycznego, który umożliwi wyliczenie indywidualnego prawdopodobieństwa wystąpienia u pacjentki niskozróżnicowanego surowiczego raka jajnika (HGSOC). Opracowany przez Zespół test okazał się skuteczny w ocenie prawdopodobieństwa wystąpienia choroby w różnych jej stadiach, co więcej nawet we wczesnych etapach. Jest więc on szansą na szybsze ukierunkowanie pacjentek na prawidłową ścieżkę diagnostyczno-terapeutyczną, co może stanowić dodatkową, skuteczną pomoc przy niejednoznacznych wynikach diagnostyki obrazowej. Mógłby on również być stosowany do badań przesiewowych u kobiet z grup ryzyka, co ułatwiłoby wyłonienie pacjentek z nowotworem na wczesnym stopniu

zaawansowania. Dodatkowo, użycie modelu mogłoby wspierać proces leczenia, poprzez monitorowanie jego skuteczności, w trakcie jak również po zakończeniu terapii. Oczekiwany efektem prac Zespołu będzie test, który bezpośrednio w próbkach pacjentek w prostej reakcji, będzie zapewniał precyzyjny pomiar ultraniskich poziomów cząsteczek miRNA. Będzie to ogromny krok w stronę medycyny spersonalizowanej, która opiera się na oszczędnym, szybkim i dokładnym wykrywaniu nowej generacji biomarkerów.

Laboratorium Metabolomiki prowadzi celowane i niecelowane badania metabolomiczne i lipidomiczne. Ważnym elementem działalności laboratorium było wdrożenie przez Zespół kandydujący do nagrody metod analitycznych pozwalających na ilościowe oznaczanie dużej liczby metabolitów w próbkach biologicznych. Dane metabolomiczne uzyskane przy wykorzystaniu takich metod nie wymagają od badacza stosowania zaawansowanych i czasochłonnych metod bioinformatycznych do analizy danych spektralnych i identyfikacji metabolitów, a wyniki oznaczeń pozyskiwane są w stosunkowo krótkim czasie. Wyniki, w postaci stężeń nawet tysiąca metabolitów w kilkuset próbkach, można uzyskać już w ciągu tygodnia. Dzięki wprowadzeniu tych rozwiązań wysokoprzepustowe badania metabolomiczne stały się bardziej przystępne dla naukowców z różnych obszarów medycyny, zainteresowanych wykorzystaniem metabolomiki w swoich badaniach. Jak dotąd, przy pomocy wdrożonych metod do celowanej metabolomiki, laboratorium przeprowadziło pomiary metabolitów w ponad 3 000 próbek. Laboratorium Metabolomiki jest aktualnie jednym z 20 (jedynym w Polsce) certyfikowanych laboratoriów firmy Biocrates. Certyfikat ten daje gwarancję, że wykonywane oznaczenia spełniają wysokie standardy jakości, które są kontrolowane przez w/w firmę. Wdrożone przez Zespół metody wykorzystywane są nie tylko w ramach współprac naukowych, ale również oferowane komercyjnie w postaci usługi. Jak dotąd dane metabolomiczne wygenerowane dzięki zastosowaniu w/w rozwiązań zostały wykorzystane w 5 opublikowanych pracach naukowych oraz 2 zakończonych przewodach doktorskich.

Powyższe osiągnięcia w pełni uzasadniają wystąpienie z wnioskiem o przyznanie nagrody ministra właściwego do spraw zdrowia zespołowej za znaczące osiągnięcia w zakresie działalności wdrożeniowej prof. dr hab. Adamowi Jackowi Krętowskiemu, dr n. chem. Magdalenie Niemirze, prof. dr hab. Michałowi Ciborowskiemu, dr n. med. Annie Erol, dr n. med. Agnieszce Bielskiej, dr n. med. Karolinie Pietrowskiej, dr n. med. Patrycji Mojsak.

**Z up. Przewodniczącego Senatu**

**Prof. dr hab. Marcin Moniuszko**