

Abstract

Baarmoederhalskanker is wereldwijd de op vier na meest voorkomende vorm van kanker bij vrouwen en wordt veroorzaakt door een infectie met het humaan papillomavirus. Daarnaast zijn echter ook genetische veranderingen in het genoom van de geïnfecteerde cel nodig om uiteindelijk baarmoederhalskanker te ontwikkelen. Het onderzoek van Viktorian Miok heeft zich gericht op het ontwikkelen en toepassen van statistische modellen voor het in kaart brengen van deze genetische veranderingen. Biomarkers gebaseerd op genetische veranderingen zullen de efficiëntie van het huidige bevolkingsonderzoek kunnen verbeteren en de huidige behandelingsstrategieën kunnen verfijnen. Vooral met de komst van HPV-gebaseerde screening en preventieve vaccins is dit van groot belang.

Met behulp van een uniek cellijn model, meerdere genomwijde moleculaire analyses en ontwikkelde multivariate dynamische statistische methoden is bepaald welke moleculaire veranderingen optreden gedurende de ontwikkeling van baarmoederhalskanker en hoe de interactie is tussen de veranderingen. De resultaten hebben geleid tot de identificatie van een aantal afwijkend functionerende biologische signaleringsroutes die een belangrijke bijdrage leveren aan het ontwikkelen van baarmoederhalskanker. De klinische relevantie van deze bevindingen wordt momenteel nog onderzocht. Samenvattend heeft dit onderzoek, naast nieuwe statistische methoden voor de analyse van tijdsafhankelijke moleculaire data, het huidige moleculaire inzicht in het ontstaan van baarmoederhalskanker verbeterd en aanknopingspunten gegenereerd voor verder onderzoek.