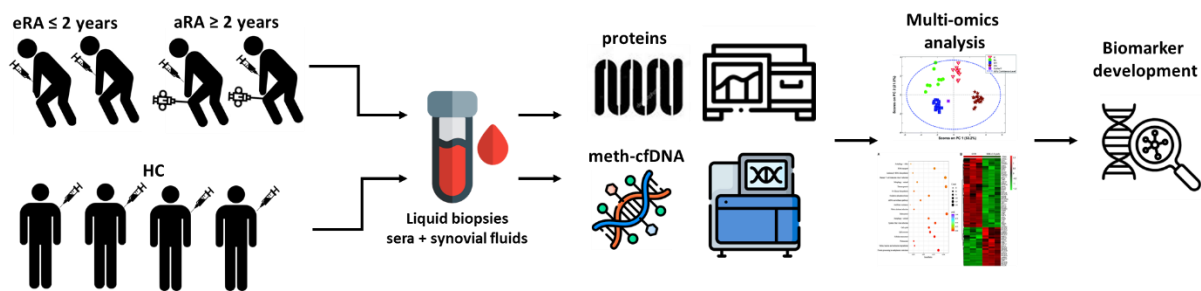


Popularyzatorski opis rezultatów projektu

Reumatoidalne zapalenie stawów (RZS) to przewlekła choroba autoimmunologiczna, która powoduje zapalenie stawów. Na całym świecie choroby reumatyczne są jedną z głównych przyczyn zwolnień lekarskich i przechodzenia na rentę inwalidzką. Dlatego poszukiwanie markerów diagnostycznych w RZS jest kluczowe, aby wcześniej wykryć RZS zanim dojdzie do trwałych uszkodzeń stawów i innych narządów. Wczesne wykrycie pozwala na szybkie rozpoczęcie leczenia, co może zahamować postęp choroby i zmniejszyć ryzyko powikłań.

W naszych badaniach udało się znaleźć bardzo czułe i specyficzne biomarkery, czyli małe cząsteczki obecne w krwi takie jak miRNA, białka, czy zmetylowane DNA (**Rysunek 1**), pozwalające na dokładniejsze i wczesne rozpoznać RZS oraz pozwoliły na monitorowanie aktywności choroby i skuteczności podjętego leczenia takimi lekami jak barycetynybem. Takie podejście umożliwia bardziej indywidualne dostosowanie terapii do pacjenta tzw. medycyna spersonalizowana. Ponadto testowano nowoczesne leki epigenetyczne jak budezonid i RG108, które modyfikują stan zapalny i produkcję enzymów odpowiedzialnych za degradację stawu w RZS.

Wyniki uzyskane z tych badań są nie tylko ważne, ale wręcz niezbędne dla skutecznego zarządzania chorobą i poprawy jakości życia pacjentów cierpiących na RZS. Ponadto uzyskane wyniki zostały opublikowane w prestiżowych czasopismach o zasięgu światowym oraz zaprezentowane na międzynarodowych i krajowych konferencjach. Natomiast, wiedza zdobyta za pośrednictwem tego projektu może mieć istotne znaczenie w planowaniu strategii leczenia chorób reumatycznych opartych o nowatorskie wielkoskalowe analizy danych.



Rysunek 1. Schemat procesu identyfikacji biomarkerów na podstawie ciekłych biopsji (liquid biopsies) pochodzących od pacjentów z wczesnym stadium reumatoidalnego zapalenia stawów (early RA, eRA) oraz zaawansowanym stadium choroby (advanced RA, aRA) względem osób zdrowych (healthy control, HC). Analizy przeprowadzono z wykorzystaniem zintegrowanego podejścia multiomicznego, obejmującego dane uzyskane ze spektrometrii masowej w zakresie globalnej proteomiki oraz sekwencjonowania całogenomowej metylacji DNA (whole-genome bisulfite sequencing, WGBS).

Popularizing description of the project results

Rheumatoid arthritis (RA) is a chronic autoimmune disease that causes inflammation of the joints. Rheumatic diseases are one of the leading causes of sick leave and disability pensions worldwide. Therefore, identification of diagnostic markers in RA is crucial to detect RA early before it causes permanent damage to joints and other organs. Early detection allows for early treatment, which can suppress the progression of the disease and reduce the risk of complications.

Our research has found very sensitive and specific biomarkers, i.e. small molecules present in the blood such as miRNA, proteins, or methylated DNA (**Figure 1**), which allowed for a more accurate diagnosis of RA compared to other rheumatic diseases and allowed for monitoring of disease activity and effectiveness of treatment with drugs such as baricitinib. This approach allows for a more individual adjustment of therapy to the patient, the so-called personalized medicine. In addition, modern epigenetic drugs such as budesonide and RG108 were tested. These drugs modify the inflammation and production of enzymes responsible for joint degradation in RA.

The results obtained from these studies are not only important, but also essential for effective disease management and improving the quality of life of patients suffering from RA. Moreover, the obtained results have been published in prestigious global recognised journals and presented at international and national conferences. Moreover, the knowledge gained through this project may be of significant importance in planning treatment strategies for rheumatic diseases based on innovative large-scale data analyses.

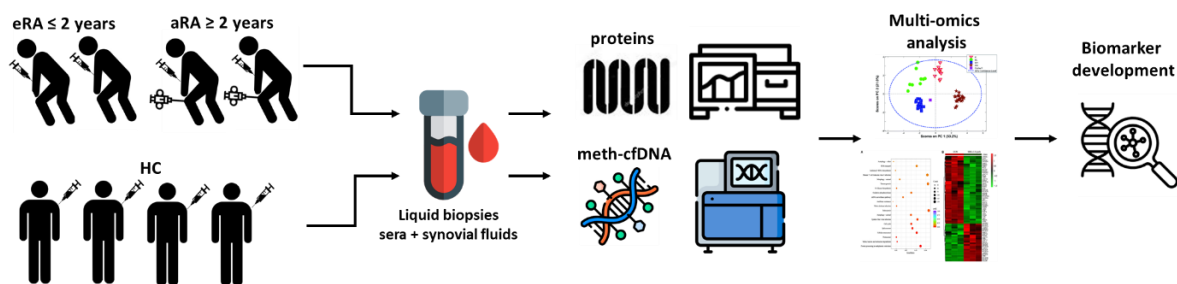


Figure 1. Workflow of the biomarker identification process based on liquid biopsies from patients with early RA (eRA) and advanced RA (aRA) versus healthy controls (HC). Analyses were performed using an integrated multiomics approach, incorporating data from global proteomics mass spectrometry and whole-genome bisulfite sequencing (WGBS).