



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI DI BARI
ALDO MORO

ALLEGATO 1

IDEA PROGETTUALE

CODICE SELEZIONE R850/2015

DIPARTIMENTO	Dipartimento Dell'Emergenza e dei Trapianti di Organi (DETO)
SSD	MED/24 - Urologia
AREA SSD	Area 06 - Scienze mediche
NOME PROGETTO	Analisi integrata del profilo metabolomico e trascrittomico del carcinoma renale a cellule chiare per la identificazione di nuove pathway molecolari.
IDEA PROGETTUALE (in italiano)	<p>Il carcinoma a cellule renali (RCC) rappresenta il più comune tipo di neoplasia renale dell'età adulta (circa il 3% di tutte le neoplasie) e rende conto di circa il 90-95% di tutti i tumori che hanno origine dal rene, dalla pelvi renale o dall'uretere. Nonostante i progressi nella diagnosi precoce, il 20-30% dei pazienti presenta una malattia metastatica al momento della diagnosi. Per quanto riguarda invece pazienti che vengono sottoposti ad intervento chirurgico di nefrectomia radicale con intento curativo, circa il 30% svilupperà una recidiva di malattia con insorgenza di metastasi. Il presente progetto di ricerca ha come scopo principale lo studio del profilo metabolomico e trascrittomico della cellula neoplastica del carcinoma renale a cellule chiare al fine di identificare nuove vie molecolari coinvolte nella patogenesi di questo tumore. Inoltre l'analisi integrata dei dati attraverso un approccio bioinformatico della biologia dei sistemi permetterà l'identificazione di nuovi biomarcatori ai fini diagnostici e prognostici e la caratterizzazione di nuovi target terapeutici.</p>
DENOMINAZIONE	Integration of metabolomics and transcriptomics for identification of novel molecular pathways in clear cell-renal cell carcinoma
IDEA PROGETTUALE (in inglese)	<p>Renal cell carcinoma (RCC) is the most common type of kidney cancer in adults. It accounts for approximately 3% of adult malignancies and 90-95% of neoplasms arising from the kidney. Despite advances in diagnosis around 20-30% of the patients still have metastatic RCC at the time of diagnosis. Around 20-30% of patients undergoing nephrectomy will experience relapse and develop metastasis. In the present study, we will conduct a global metabolite profiling analysis in a cohort of RCC patients to identify critical metabolite alterations that may contribute to the pathogenesis of this tumor. We then will search for gene surrogates that will be significantly correlated with the key metabolites using transcriptomic profiling data. The integrative analysis of metabolomics and transcriptomics data will be used to identify novel diagnostic and prognostic biomarkers.</p>