

Όνομα Υποψήφιου Διδάκτορα: ΠΑΠΑΔΑΚΗ ΜΑΡΙΑΝΝΑ

Τριμελής επιτροπή:

1)ΠΑΠΑΔΑΥΙΔ ΕΥΑΓΓΕΛΙΑ (Επιβλέπων)

2.)ΠΑΠΠΑ ΒΑΣΙΛΙΚΗ

3.)ΠΙΠΕΡΗ ΧΡΙΣΤΙΝΑ

Τίτλος διδακτορικής διατριβής:

**Διερεύνηση των μηχανισμών που εμπλέκονται στην παθογένεια των Τ-Δερματικών λεμφωμάτων και των υποψήφιων φαρμάκων, με τη χρήση μοριακών τεχνικών και βιοπληροφορικής ανάλυσης, με σκοπό τη βελτίωση της πρόγνωσης, της διάγνωσης και της θεραπείας**

Περίληψη:

Τα Τ-Δερματικά λεμφώματα (CTCL) αντιπροσωπεύουν μια ετερογενή ομάδα εξωλεμφαδενικών non-Hodgkin λεμφωμάτων, προερχόμενα από κακοήγη κλωνικά ώριμα Τ λεμφοκύτταρα τα οποία διηθούν το δέρμα. Οι δύο πιο σημαντικοί τύποι των Τ-Δερματικών λεμφωμάτων είναι η σπογγοειδής μυκητίαση και το σύνδρομο Sezary. Παρόλο που πολλές μελέτες έχουν επικεντρωθεί στην κατανόηση των μηχανισμών που εμπλέκονται στην παθογένεια των Τ-Δερματικών λεμφωμάτων, το πεδίο είναι ακόμα ασαφές και το πλήρες πεδίο των CTCL χρειάζεται να διασαφηνιστεί.

Στόχος της παρούσας διδακτορικής διατριβής είναι, με τη βοήθεια μοριακών τεχνικών και εργαλείων βιοπληροφορικής, να δώσει πιθανές λύσεις και να δημιουργήσει τη βάση για την ανάπτυξη εξατομικευμένης μοριακής προσέγγισης στη διάγνωση, πρόγνωση και θεραπεία διαφόρων σταδίων των CTCL.

Συγκεκριμένα, σκοπός της εργασίας είναι να 1) αποκαλύψει γονίδια σημαντικά για την παθογένεια της νόσου και πιο συγκεκριμένα να ξεχωρίσει τα υπερ/ύπο-κφρασμένα γονίδια 2) να εντοπίσει σημαντικούς, κοινούς και μη, μοριακούς μηχανισμούς και μονοπάτια μεταξύ των διαφόρων σταδίων των CTCL 3) να προσδιορίσει νέες χρήσεις στα ήδη υπάρχοντα φάρμακα (επαναπροσδιορισμένα φάρμακα) στα CTCL και να εξετάσει την αποτελεσματικότητά τους σε κυτταρικές σειρές CTCL (και σε ζωικό μοντέλο αν χρειαστεί) 4) να μελετήσει τα miRNAs ως πιθανούς στόχους θεραπειών και ως βιοδεικτών.

---

Name of PhD Candidate: **PAPADAKI MARIANNA**

Three-member committee:

PAPADAVID EVANGELIA (Supervisor)

PAPPA VASILIKI

PIPERI CHRISTINA

Title of PhD thesis:

**Investigation of the mechanisms involved in the pathogenesis of T-cell lymphomas and of the candidate drugs, using molecular techniques and bioinformatics, in order to improve prognosis, diagnosis and therapy**

Abstract:

Cutaneous T-cell lymphoma (CTCL), a common subtype of primary T-cell lymphoproliferative disorder of skin, is a group of malignancies derived from skin-homing T cells representing a heterogeneous group of lymphoproliferative disorders. Among the CTCL, Mycosis Fungoides (MF) and Sezary Syndrome (SS) are the two major players. Although many studies have focused on the understanding the mechanisms of CTCL, the field is still ambiguous and the complete network of CTCL needs to be elucidated.

This PhD-thesis aims to combine molecular techniques along with different system bioinformatics approaches in order to offer potential solutions and prepare the groundwork for the development of personalized molecular approach toward diagnosis, prognosis, and treatment of different stages of CTCL.

In particular, the purpose of this study is to 1) reveal genes important to disease pathogenesis and more specifically to highlight over and under expressed genes 2) identify common and exclusive significant molecular mechanisms and pathways between different stages of CTCL 3) identify new uses of the already existing drugs (drug repurposing) in CTCL and examine their efficacy in CTCL cell lines (and in animal model if needed) 4) provide an insight for microRNA-based treatment approach and biomarker investigation.