

Załącznik Nr 1 do § 1 ust. 4 zarządzenia nr 56
Rektora UJ z 21 lipca 2004 roku

Imię i nazwisko autora rozprawy	Sonia Wróbel
Rok urodzenia autora rozprawy	1991
Imię i nazwisko promotora rozprawy	prof. dr hab. Ewa Stępień dr hab. Monika Piwowar
Wydział	Wydział Fizyki, Astronomii i Informatyki Stosowanej
Instytut/ Katedra	Instytut Fizyki
Dziedzina wg klasyfikacji KBN	fizyka
Nadawany tytuł	doktor

Tytuł rozprawy w języku polskim	Analiza korelacji kanonicznej danych pozyskanych z mikropęcherzyków zewnątrzkomórkowych ludzkiego czerniaka skóry oraz jej potencjalne zastosowanie w odkrywaniu biomarkerów.
Słowa kluczowe (maksymalnie 5)	korelacja kanoniczna, mikropęcherzyki zewnątrzkomórkowe, mikroRNA, czerniak skóry, bioinformatyka
Streszczenie rozprawy (maksymalnie 1 400 znaków)	<p>Niniejsza rozprawa doktorska prezentuje nową metodę opartą o analizę korelacji kanonicznej, która adresuje wyzwania związane z odkrywaniem biomarkerów czerniaka skóry. Zaproponowane rozwiązanie identyfikuje wysoce prawdopodobnych kandydatów na biomarkery, wykrywając molekularne sygnatury takie jak miRNA czy onkoproteiny związane z procesem nowotworzenia.</p> <p>Hipoteza robocza zakłada, że analiza korelacji kanonicznej może być z powodzeniem użyta do integracji danych omicznych takich jak transkryptom czy proteom i efektywnie korelować sygnatury molekularne. W rezultacie identyfikowane są wysoce istotne cechy biologiczne, które mogą być kandydatami na biomarkery w czerniaku skóry.</p> <p>Zaproponowana hipoteza była weryfikowana z użyciem modeli linii komórkowych ludzkiego czerniaka skóry o różnym stopniu złośliwości. Otrzymano listę 24 sygnatur molekularnych (spośród tysięcy możliwych), z których znakomita większość ma udowodnioną rolę w procesie nowotworzenia. Rezultat ten pozwolił na wygenerowanie biologicznie uzasadnionych hipotez, które mogą posłużyć naukowcom w projektowaniu eksperymentów koniecznych do zbadania potencjału klinicznego proponowanych biomarkerów.</p> <p>Zaprezentowane efekty potwierdzają hipotezę badawczą, że zastosowana metoda bioinformatyczna oparta o</p>

	analizę korelacji kanonicznej może być stosowana jako narzędzie identyfikacji nowych biomarkerów w czerniaku skóry.
--	---

Tytuł rozprawy w języku pracy *	Canonical correlation analysis of multi-omics data obtained from microvesicles of human skin melanoma cell lines and its possible application in biomarker discovery.
Słowa kluczowe (maksymalnie 5)	canonical correlation, extracellular vesicles, microRNA, cutaneous melanoma, bioinformatics
Streszczenie rozprawy (maksymalnie 1 400 znaków)	<p>This PhD Thesis demonstrates a new canonical correlation-based method that uses multiomics data to address the challenge of melanoma biomarker discovery. Proposed solution allows to identify circulating biomarkers candidates by detection of highly significant molecular signatures like cancer-associated miRNAs and oncoproteins.</p> <p>The working hypothesis is that canonical correlation analysis can be successfully used to integrate omics data such as transcriptome and proteome and, as a result, efficiently correlate molecular signatures. The algorithm highlights are biological features which are candidate biomarkers in cutaneous melanoma.</p> <p>The proposed hypothesis was verified using human melanoma models for primary and metastatic tumors. Omics data from conducted experiments and from open access molecular databases were collected and analyzed. A list of 24 molecular signatures (out of thousands of possible) was obtained and a vast majority of them have a proven role in the cancer process. This result allowed the generation of biologically valid functional and mechanistic hypotheses that could be used by scientists to design experiments necessary to test the clinical potential of the proposed biomarkers. Presented results confirm the validity of the research hypothesis that canonical correlation analysis can be applied for discovery of extracellular vesicles-derived melanoma biomarkers.</p>

Tytuł rozprawy w języku angielskim	Canonical correlation analysis of multi-omics data obtained from microvesicles of human skin melanoma cell lines and its possible application in biomarker discovery.
Słowa kluczowe (maksymalnie 5)	canonical correlation, extracellular vesicles, microRNA, cutaneous melanoma, bioinformatics

<p>Streszczenie rozprawy (maksymalnie 1 400 znaków)</p>	<p>This PhD Thesis demonstrates a new canonical correlation-based method that uses multiomics data to address the challenge of melanoma biomarker discovery. Proposed solution allows to identify circulating biomarkers candidates by detection of highly significant molecular signatures like cancer-associated miRNAs and oncoproteins.</p> <p>The working hypothesis is that canonical correlation analysis can be successfully used to integrate omics data such as transcriptome and proteome and, as a result, efficiently correlate molecular signatures. The algorithm highlights are biological features which are candidate biomarkers in cutaneous melanoma.</p> <p>The proposed hypothesis was verified using human melanoma models for primary and metastatic tumors. Omics data from conducted experiments and from open access molecular databases were collected and analyzed. A list of 24 molecular signatures (out of thousands of possible) was obtained and a vast majority of them have a proven role in the cancer process. This result allowed the generation of biologically valid functional and mechanistic hypotheses that could be used by scientists to design experiments necessary to test the clinical potential of the proposed biomarkers. Presented results confirm the validity of the research hypothesis that canonical correlation analysis can be applied for discovery of extracellular vesicles-derived melanoma biomarkers.</p>
---	---

* Jeżeli rozprawa jest napisana w języku polskim wystarczy wypełnić pierwszą rubrykę.