

# Multiplex8+ VÝSLEDKY



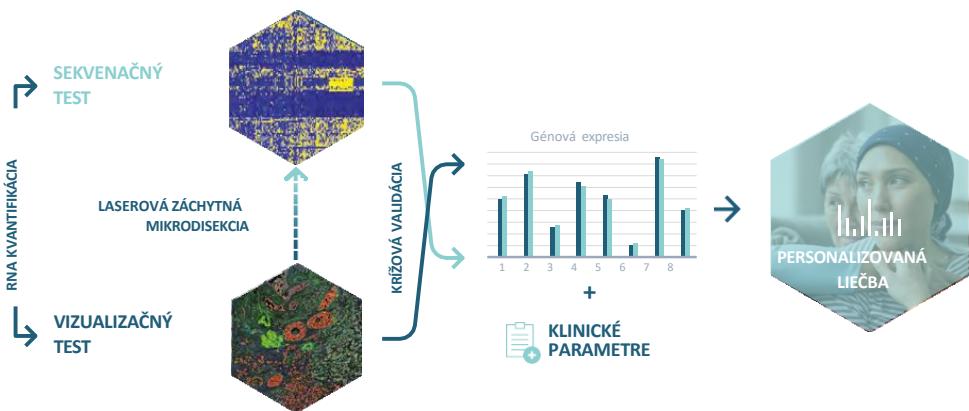
PACIENT	VZORKA	OŠETRUJÚCI LEKÁR
Meno:	ID vzorky: MDX-PT-19	Meno:
ID:	Dátum odberu:	Adresa:
Dátum správy:	Typ:	Kontakt:

## POPIS TESTU

Test Multiplex8+ na rakovinu prsníka hodnotí biomarkery na báze RNA vykonaním VIZUALIZAČNÉHO TESTU, ktorý využíva RNA fluorescenčnú in situ hybridizáciu (RNA-FISH) na vizualizáciu panelu biomarkerov. Na základe expresie týchto biomarkerov a histológie tkaniva sa na vyčlenenie záujmových oblastí používa laserová záchytná mikrodisekcia.

S týmito vzorkami obohatenými o nádor sa vykoná SEKVENAČNÝ TEST, ktorý využíva sekvenovanie novej generácie celkovej RNA na analýzu expresie génov s priestorovým rozlišením. Analytické overenie Multiplex8+ sa uskutočnilo na veľkej retrospektívnej kohorte 1 080 nádorov prsníka.

NIŽŠIE JE UVEDENÝ SÚHRN A ĎALŠIE PODROBNOSTI SÚ UVEDENÉ NA NASLEDUJÚCICH STRANÁCH.



TEST POSKYTUJE INFORMÁCIE O:

- STAVE RECEPTOROV:** pre expresiu RNA estrogénového receptora, progesterónového receptora, receptora Her2 a Ki67 meranú a krížovo overovanú dvoma testami.

- MOLEKULÁRNOM SUBTYPE:** na základe RNA expresie génov nádorovej biológie.
- GÉNOVEJ SIGNATÚRE:** personalizované pre nádorovú biológiu a klinický stav pacientov.

## ZHRNUTIE VÝSLEDKOV

### STAV RECEPTOROV

Vzorka	ESR1	PGR	ERBB2	MKI67
A	+	-	+	+
B	+	-	- nízky (low)	+

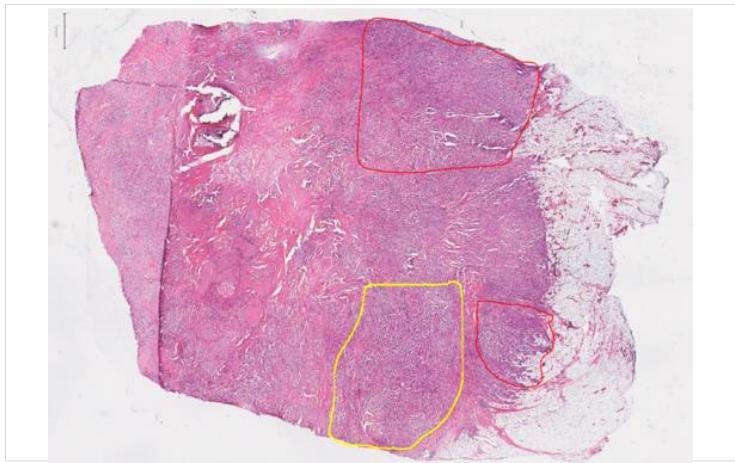
### MOLEKULÁRNY SUBTYP

Vlastný subtyp	TNBC subtyp
Luminálny B	-
Luminálny B	-

### RELEVANTNÁ LIEČBA

TERAPIA	KLÚČOVÉ ZISTENIA	KLINICKÝ BENEFIT
Anti-Her2	Génová expresia, génová expresná signatúra, molekulárny subtyp, klinické parametre	Predpokladaný benefit
Endokrinná terapia	Génová expresia, génová expresná signatúra, molekulárny subtyp, klinické parametre	Predpokladaný benefit
Sacituzumab govitekan (Trodelvy)	Génová expresia	Predpokladaný benefit

## LASEROVÁ ZÁCHYTNÁ MIKRODISEKCIÁ



Na základe histologického hodnotenia a expresie biomarkerov RNA-FISH boli dve vzorky podrobenej laserovej mikrodisekcií pre ďalšiu analýzu.

**Vzorka A** (červený obrys)

**Vzorka B** (žltý obrys)

## MOLEKULÁRNY SUBTYP

Vlastný subtyp	TNBC subtyp <sup>2-4</sup>
Luminálny B	-
Luminálny B	-

## INTERPRETÁCIA

- Biológia Luminálneho B typu nádoru je v súlade s imunohistochemickým a klinickým označením.
- Nádory subtypu Luminálny B sú zvyčajne ER+, ale môžu mať rôznu expresiu ER/PR a môžu byť Her2+ alebo Her2-. V porovnaní s nádormi subtypu Luminálny A môžu mať vyšší stupeň (grade), proliferáčnu aktivitu, horšie prognózy, a preto môžu vyžadovať okrem endokrinnej liečby aj chemoterapiu.

## GÉNOVÁ SIGNATÚRA

- Na základe prideleného molekulárneho subtypu a prípadného TNBC subtypu sme hodnotili niekoľko jednotlivých génon a génových signatúr, ktoré preukázali prognostický a prediktívny potenciál pre terapiu v skorých a pokročilých/metastatických štadiách.

Typ liečby / Dráha	Génová signatúra	Popis	Vzorka A percentil	Vzorka B percentil
Prognóza	Consensus prognostic signature	Prognostická signatúra je odvozená z konsenzu troch prognostických signatúr založených na výskume: 21-génovej signatúry Oncotype DX <sup>5</sup> , 70-génovej signatúry GENE70 <sup>6</sup> a 50-génovej signatúry rizika relapsu založenej len na subtype (ROR-S) <sup>7</sup> . Prognostické signatúry sú určené pre pacientky s včasným štadiom karcinomu prsníka s ER+/Her2- IHC, negatívnymi lymfatickými uzlinami alebo 1 - 3 pozitívnymi lymfatickými uzlinami. Skóre sa uvádzajú ako vysoké, stredné alebo nízke. Pacientky s vysokým skóre signatúry majú vyššie riziko relapsu a môžu mať prospech z adjuvantnej chemoterapie, zatiaľ čo pacientky s nízkym skóre majú nižšie riziko relapsu a nemusia mať prospech z adjuvantnej chemoterapie.	N/A	N/A

## STAV RECEPTOROV

Vzorka	ESR1	PGR	ERBB2	MKI67
A	+	-	+	+
B	+	-	-	nízky (low) +

Stav receptorov bol určený použitím **VIZUALIZAČNÉHO TESTU** ako aj **SEKVENAČNÉHO TESTU**: tabuľka znázorňuje výsledky po krízovej validácii.

## INTERPRETÁCIA

- Výsledky z RNA-FISH aj RNA-SEQ sú v súlade s imunohistochemickými nálezmi.

## GÉNOVÁ SIGNATÚRA

Type liečby / Dráha	Génová signatúra	Popis	Vzorka A percentil	Vzorka B percentil
Luminálne signatúry	ESR1	Gény ESR1 a PGR kódujú estrogénové (ER) a progesterónové (PR) receptory, ktoré sa podieľajú na raste, metabolizme a reprodukčných funkciách. Vysoký ER/PR je prediktívny pre endokrinnú liečbu a nízky alebo negatívny ER/PR sa spája so zlou prognózou <sup>8</sup> .	Vysoká (97%)	Vysoká (97%)
	PGR		Stredná (37%)	Stredná (34%)
	ESR1_PGR average	Priemerná expresia génov ESR1 a PGR. Vyšie hladiny hormonálnych receptorov sú prediktívnymi markermi pre endokrinnú liečbu.	Vysoká (95%)	Vysoká (96%)
	E2F4_score	Táto génová signatúra hodnotí aktivitu transkripčného faktora E2F4 a jeho cieľov. Vysoká hodnota E2F4 signatúry sa spája s endokrinnou rezistenciou na inhibítory aromatázy a môže predpovedať citlivosť na inhibítory CDK4/6 <sup>9</sup> .	Vysoká (70%)	Stredná (41%)
Her2	ERBB2	Gén ERBB2 kóduje Her2, receptorovú tyrozínskú kinasu, ktorá sa podieľa na raste/proliferácii buniek a je prognostickým markerom a prediktívnym ukazovateľom odpovede na terapiu cielenú na Her2 <sup>8</sup> .	Vysoká (89%)	Vysoká (73%)
	MUC4	Mucín 4 (MUC4) je glykoproteín, ktorý sa podieľa na rezistencii voči trastuzumabu prostredníctvom interakcií s receptorom Her2. Vysoká expresia MUC4 sa spája so zníženou citlivosťou na trastuzumab <sup>10</sup> .	Nízka (11%)	Nízka (6%)
	NRG1	NRG1 kóduje neuregulin 1, ligand receptora Her3. V štúdii NeoSphere fázy II bola vysoká expresia génu NRG1 spojená so zníženou odpovedou na neoadjuvantný trastuzumab, ale nie s kombináciou trastuzumab-pertuzumab <sup>11</sup> .	Vysoká (83%)	Vysoká (86%)
	pSTAT3-GS	Signatúra, ktorá predpovedá fosforyláciu STAT3 a o ktorej sa zistilo, že predpovedá rezistenciu voči trastuzumabu v štúdii FinHer <sup>12</sup> .	Nízka (10%)	Nízka (25%)
	Her2 amplicon_MDX	Vlastná 43-génová signatúra MDX, ktorá sa používa na hodnotenie stavu Her2.	Vysoká (92%)	Vysoká (76%)
	Module7_ERBB2	Signatúra Her2 signalizácie predpovedajúca odpoveď na viacnásobnú anti-Her2 liečbu v štúdii I-SPY2 <sup>13</sup> .	Vysoká (87%)	Stredná (66%)
Proliferácia	AURKA	Gén AURKA kóduje proteín Aurora Kinázu A, ktorý sa podieľa na proliferácii buniek a je nezávislým prognostickým markerom pri rakovine prsníka.	Stredná (60%)	Stredná (50%)
	MKI67	MKI67 kóduje marker proliferácie, Ki67 proteín, ktorý je markerom zlej prognózy v ER+/Her2- nádoroch, ale nie v Her2+ alebo TNBC nádoroch. Zvýšená hladina Ki67 predpovedá aj citlivosť na neoadjuvantnú endokrinnú terapiu a chemoterapiu <sup>8</sup> .	Vysoká (74%)	Stredná (65%)
	Module11_proliferation	Proliferačný index použitý v štúdii I-SPY2 všeobecne predpovedá patologickú kompletívnu odpoveď u pacientov s pozitívou hormonálnych receptorov <sup>4</sup> .	Vysoká (87%)	Vysoká (73%)
	Proliferation_MDX	Vlastná 7-génová signatúra MDX používaná na hodnotenie bunkovej proliferácie.	Vysoká (77%)	Stredná (56%)
Inhibítory CDK4/6	CDK4	Cyklin-dependentné kinázy 4 a 6 (CDK4 a CDK6) sú dôležité proteíny, ktoré regulujú priebeh bunkového cyklu z fázy G1 do fázy S. Sú hlavnými cievními inhibítormi CDK4/6, ako sú palbociklib (Ibrance), ribociklib (Kisqali) a abemaciclib (Verzenio); nie je však jasné, či úroveň ich expresie predpovedá citlivosť na inhibítory CDK4/6.	Vysoká (91%)	Vysoká (72%)
	CDK6		Stredná (56%)	Stredná (57%)
	CCNE1		Vysoká (67%)	Stredná (59%)
	CCND3	Zvýšená expresia regulátorov G1/S fáz bunkového cyklu, CCNE1, CCND3, a CDKN2D, bola spojená s rezistenciou na palbociklib (Ibrance) v jednoramennej neoadjuvantnej štúdii fázy II (NeoPalAna) <sup>14</sup> .	Stredná (66%)	Stredná (37%)
	CDKN2D		Stredná (61%)	Stredná (36%)

## GÉNOVÁ SIGNATÚRA

Typ liečby / Dráha	Génová signatúra	Popis	Vzorka A percentil	Vzorka B percentil
Chemoterapia	TOP1	Gén kódujúci DNA topoizomerázu I, enzým kritický pre transkripciu DNA, je cieľom protinádorových liekov.	Vysoká (98%)	Vysoká (99%)
	TOP2A	Gén kódujúci DNA topoizomerázu IIa, enzým kritický pre transkripciu DNA, je cieľom protinádorových liekov.	Stredná (59%)	Nízka (18%)
	RAD51	Proteín DNA opravy RAD51 homológ 1 (RAD51) sa podieľa na oprave poškodenia DNA a je asociovaný s rezistenciou voči chemoterapii.	Stredná (47%)	Stredná (54%)
	ERCC1	Proteín excíznej DNA opravy ERCC-1 (ERCC1) sa podieľa na oprave poškodenia DNA a je asociovaný s rezistenciou voči chemoterapii.	Vysoká (86%)	Stredná (61%)
	TYMS	Gén TYMS kóduje enzym timidilát syntetázu, ktorý sa podieľa na biosyntéze DNA a je cieľom antimetabolitovej chemoterapie 5-fluorouracil <sup>15</sup> .	Stredná (60%)	Stredná (52%)
	SLC29A1	Gén SLC29A1 kóduje proteín ENT1 (equilibrative nucleoside transporter 1), nukleozidový transportér, ktorý sa podieľa na transporte gemcitabínu a kapecitabínu <sup>16</sup> .	Vysoká (90%)	Vysoká (81%)
	DHFR	Dihydrofolátreduktáză je enzym kódovaný génom DHFR a podieľa sa na metabolizme folátov a raste buniek. Je cieľom antimetabolitovej chemoterapie metotrexát <sup>17</sup> .	Vysoká (83%)	Vysoká (75%)
	SLC19A1	Gén SLC19A1 kóduje proteín RFC1 (reduced folate carrier 1), ktorý prenáša metotrexát do bunky <sup>17</sup> .	Vysoká (77%)	Vysoká (70%)
	CDK12	Proteínový produkt génu CDK12 (Cyclin Dependent Kinase 12) reguluje transkripciu, dráhy opravy DNA a bunkový cyklus <sup>18</sup> .	Vysoká (84%)	Stredná (62%)
	MAPs_Mitotic_kinases_neoadj_chemo18	118-génová signatúra predpovedajúca odpoveď na neoadjuvantnú chemoterapiu pomocou liečiva taxán <sup>19</sup> .	Vysoká (79%)	Vysoká (70%)
	MAPs_Mitotic_kinases_neoadj_chemo17	17-génová signatúra predpovedajúca odpoveď na neoadjuvantnú chemoterapiu pomocou liečiva taxán <sup>19</sup> .	Stredná (50%)	Nízka (23%)
	Early_Relapse_ER.Neg	Génová signatúra chemorezistencia predpovedajúca skorý relaps u pacientov s negatívou ER (ER-) po chemoterapii liečivami taxán-antracyklin <sup>20</sup> .	Vysoká (85%)	Stredná (55%)
	Residual_disease_ER.Neg	Génová signatúra chemorezistence predpovedajúca reziduálne ochorenie u pacientov s negatívou ER (ER-) po chemoterapii liečivami taxán-antracyklin <sup>20</sup> .	Vysoká (73%)	Stredná (56%)
	Pathologic_response_ER.Neg	Génová signatúra chemosenzitivity predpovedajúca patologickú úplnú odpoveď u pacientov s negatívou ER (ER-) po chemoterapii liečivami taxán-antracyklin <sup>20</sup> .	Vysoká (97%)	Vysoká (88%)
	Early_Relapse_ER.Pos	Génová signatúra chemorezistence predpovedajúca skorý relaps u pacientov s pozitívou ER (ER+) po chemoterapii liečivami taxán-antracyklin <sup>20</sup> .	Vysoká (77%)	Vysoká (70%)
	Residual_disease_ER.Pos	Génová signatúra chemorezistence predpovedajúca reziduálne ochorenie u pacientov s pozitívou ER (ER+) po chemoterapii liečivami taxán-antracyklin <sup>20</sup> .	Vysoká (92%)	Vysoká (91%)
	Pathologic_response_ER.Pos	Génová signatúra chemosenzitivity predpovedajúca patologickú úplnú odpoveď u pacientov s pozitívou ER (ER+) po chemoterapii liečivami taxán-antracyklin <sup>20</sup> .	Vysoká (77%)	Vysoká (83%)

## GÉNOVÁ SIGNATÚRA

Typ liečby / Dráha	Génová signatúra	Popis	Vzorka A percentil	Vzorka B percentil
Imunitný systém	PDCD1	PDCD1 kóduje marker imunitného kontrolného bodu PD-1. PD-1 je cieľom liečiva pembrolizumab (Keytruda), imunoterapie schválenej na liečbu prvej línie metastatického TNBC.	Stredná (34%)	Nízka (19%)
	CD274	Gén CD274 kóduje marker imunitného kontrolného bodu PD-L1. PD-L1 je cieľom liečiva atezolizumab (Tecentriq), imunoterapie schválenej na liečbu prvej línie metastatického TNBC.	Stredná (38%)	Stredná (55%)
	CTLA4	Antigén 4 asociovaný s cytotoxickými T-lymfocytmi (CTLA4) je marker imunitného kontrolného bodu a cieľ niekoľkých imunoterapeutických liekov, ako napríklad durvalumab (Imfinzi).	Stredná (45%)	Nízka (24%)
	Module5_TcellBcell	Imunitné signatúry predpovedajúce odpoveď na pembrolizumab pacientov s TNBC zaradených do štúdie I-SPY2 <sup>14</sup> . Všetky signatúry, s výnimkou mastocytovej (Mast_cells), boli spojené so zvýšenou pravdepodobnosťou dosiahnutia patologickej kompletnej odpovede.	Stredná (53%)	Stredná (44%)
	Chemokine12		Stredná (50%)	Nízka (29%)
	STAT1		Stredná (60%)	Stredná (54%)
	Dendritic_cells		Stredná (44%)	Stredná (47%)
	Mast_cells		Vysoká (85%)	Vysoká (94%)
DNA poškodenie a oprava	VCpred_TN	Signatúra reparácie poškodenia DNA / imunity predpovedajúca odpoveď na veliparib (inhibitor PARP) a karboplatinu (štúdia I-SPY2) <sup>14</sup> .	Stredná (34%)	Vysoká (73%)
Angiogenéza / hypoxia	VEGFA	Gén kódujúci vaskulárny endotelový rastový faktor, proteín, ktorý sa podieľa na angiogenéze, vazodilatácii a raste endotelových buniek. VEGF je cieľom lieku bevacizumab (Avastin).	Stredná (51%)	Stredná (38%)
	Hypoxia / Angiogenesis / Inflammatory_MDX	Vlastná 7-génová signatúra používaná na hodnotenie hypoxie, angiogenézy a zápalu. Signatúra zahŕňa gény, o ktorých je známe, že predpovedajú odpoveď na bevacizumab (Avastin) v neoadjuvantnej štúdii GeparQuinto <sup>21</sup> .	Stredná (61%)	Stredná (54%)
Ciele konjugátov protilátky a liečiva (ADC)	ERBB2	Gén ERBB2 kóduje proteínový receptor Her2, ktorý je cieľom klasickej anti-Her2 liečby. Nízke a ultranízke hladiny Her2 môžu byť vhodné na liečbu konjugátom protilátky a liečiva (antibody-drug conjugate) trastuzumab deruxtekan (Enhertu) <sup>22</sup> .	Vysoká (89%)	Vysoká (73%)
	TACSTD2	Gén TACSTD2 kóduje Tumor-associated calcium signal transducer 2, nazývaný aj Trop-2, ktorý je cieľom liečiva sacituzumab govitekan (Trodelvy), konjugátu protilátky a liečiva (antibody-drug conjugate) schváleného na liečbu metastatického TNBC <sup>23</sup> .	Vysoká (77%)	Vysoká (98%)
	NECTIN4	Gén NECTIN4 kóduje Nectin Cell Adhesion Molecule 4, bunkovú adhéznu molekulu, ktorá je cieľom konjugátov protilátkov s liečivami (antibody-drug conjugates) v klinických štúdiach rakoviny prsníka.	Vysoká (84%)	Stredná (65%)
	ERBB3	ERBB3 kóduje protein rodiny receptorov epidermálneho rastového faktora (EGFR) receptorových tyrozínníká. Skúma sa v klinických skúškach pre konjugát protilátky a liečiva (antibody-drug conjugate) patritumab deruxtekan.	Vysoká (88%)	Vysoká (83%)
	FOLR1	FOLR1 kóduje folátový receptor alfa, ktorý je cieľom konjugátu protilátky a liečiva (antibody-drug conjugate) skúmaný na liečbu metastatického TNBC v niekoľkých klinických štúdiach fázy 1 a 2.	Stredná (57%)	Nízka (15%)
	F3	F3 kóduje tkaninový faktor, koagulačný faktor III, ktorý je cieľom niekoľkých konjugátov protilátkov a liečiv (antibody-drug conjugates) vo fáze 1 klinických skúšok.	Vysoká (75%)	Stredná (57%)
	SLC39A6	Gény SLC39A6 kódajú transportér zinku LIV-1, ktorý je vysoko exprimovaný v luminálnych karcinómoch prsníka a skúma sa v niekoľkých klinických štúdiach fázy 1 a 2.	Stredná (65%)	Vysoká (90%)
	TPBG	Trofoblastový glikoproteín (TPBG) je nadmerne exprimovaný v mnohých prípadoch rakoviny prsníka a je cieľom najmenej dvoch konjugátov protilátky a liečiva, ktoré sú vo fáze 1 klinických skúšok.	Stredná (40%)	Nízka (26%)

## INTERPRETÁCIA A ODPORÚČANIE

- Zvýšená hladina ERBB2 a jeho príbuznej signatúry Her2 amplikónu spolu s nízkou expresiou markerov rezistencie (MUC4 a pSTAT3-GS) indikujú, že liečba súvisiaca s Her2, ako je trastuzumab, pertuzumab, trastuzumab emtanzín, a tukatinib, môže byť prospešná. Vysoká expresia ERBB2 a TOP1, ktorá je cieľom cytotoxickej zložky pre ADC trastuzumab deruxtekan, naznačuje, že aj táto liečba môže byť prospešná. Je však dôležité spomenúť vysokú expresiu markera rezistencie NRG1.
- Vysoká expresia ER stredná expresia PR, klasifikácia subtypu ako Luminálny B a klinické parametre (IHC) indikujú liečbu endokrinnou terapiou.
- Vzorky A aj B mali vysokú expresiu TACSTD2 (77. a 98. percentil). TACSTD2 je cieľom liečiva sacituzumab govitekan, ADC, ktorý je schválený na liečbu metastatického TNBC. Cytotoxicická zložka tohto ADC, SN-38, je cielená na TOP1 (98. a 99. percentil). Vysoké hladiny protilátok aj cieľov cytotoxicických zložiek naznačujú, že sacituzumab govitekan môže byť účinný v pokročilom/metastatickom štádiu.
- Vysoká expresia ERBB3 naznačuje možnosť liečby pomocou konjugátu protilátky a liečiva patritumab deruxtekan, ktorý sa v súčasnosti skúma v klinických skúškach.
- Nádor obsahuje niekoľko markerov naznačujúcich odpoveď na chemoterapiu, ako je gemcitabín a kapecitabín (vysoká expresia SLC29A1) a metotrexát (vysoká expresia DHFR a SLC19A1).

## REFERENCIE

1. Gendoo, D.M.A. et al. Bioinformatics 32(7): 1097–1099 (2016).
2. Lehmann, B. D. et al. J Clin Invest 121: 2750–2767 (2011).
3. Lehmann, B. D. et al. PLoS One 11: e0157368 (2016).
4. Bareche, Y. et al. Ann Oncol 29: 895–902 (2018).
5. Paik, S. et al. N Engl J Med 351(27): 2817–2826 (2004).
6. van't Veer, L.J. et al. Nature 415(6871): 530–536 (2002).
7. Parker, J.S. et al. J Clin Oncol 27(8): 1160–1167 (2009).
8. Cardoso, F. et al. Ann Oncol 30(8): 1194–1220 (2019).
9. Guerrero-Zotano, A.L. et al. Clin Cancer Res 24(11): 2517–2529 (2018).
10. Mercogliano, M.F. et al. Clin Cancer Res 23(3): 636–648 (2017).
11. Guardia, C. et al., Clin Cancer Res 27(18): 5096–5108 (2021).
12. Sonnenblick, A. et al. BMC Med 13:177 (2015).
13. Wolf, D. M. et al. Cancer Cell 40: 609–623.e6 (2022).
14. Ma, C.X. et al. Clin Cancer Res 23(15): 4055–4065 (2017).
15. Foekens, J.A. et al. Cancer Res. 61: 1421–1425 (2001).
16. Mackey, J.R. et al. Clin Cancer Res. 8(1): 110–116 (2002).
17. Yang, V. et al. RSC Med Chem. 11(6): 646–664 (2020).
18. Filippone, M.G. et al. Nat Commun. 13(1): 2642 (2022).
19. Rodrigues-Ferreira, S. et al. Proc Natl Acad Sci USA 116(47): 23691–23697 (2019).
20. Hatzis, C. et al. JAMA 305(18): 1873–81 (2011).
21. Karn, T. et al. Clin Cancer Res 26: 1896–1904 (2020).
22. Modi, S. et al. N Engl J Med 387: 9–20 (2022).
23. Michaleas, S. et al. ESMO Open 7 (2022).