

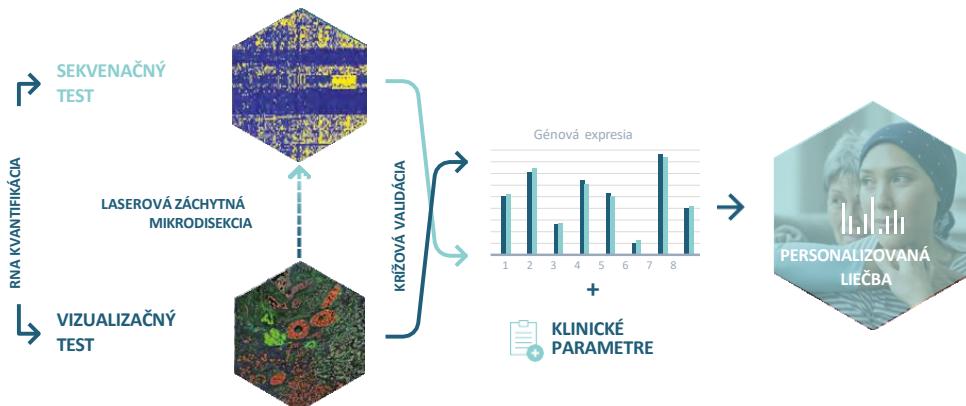
Multiplex8+ VÝSLEDKY



PACIENT	VZORKA	OŠETRUJÚCI LEKÁR
Meno:	ID vzorky: MDX-PT-72	Meno:
ID:	Dátum odberu:	Adresa:
Dátum správy:	Typ: Neoadjuvantný	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 tkانيva 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 génon s priestorovým rozlišením. Analytické overenie Multiplex8+ sa uskutočnilo na veľkej retrospektívnej kohorte 1 082 nádorov prsníka.



TEST POSKYTUJE INFORMÁCIE O:

- STAV RECEPTOROV:** pre expresiu RNA estrogénového receptora, progesterónového receptora, receptora Her2 a Ki67 meranú a krízovo overovanú dvoma testami.
- MOLEKULÁRNOM SUBTYPE:** na základe RNA expresie génon nádorovej biológie.
- GÉNOVEJ SIGNATÚRE:** personalizované pre nádorovú biológiu a klinický stav pacientov.

VYSVETLIVKY K INTERPRETÁCII

V nasledujúcom reporte je každému génu/génovej signatúre priradené percentilové skóre, ktoré hodnotí úroveň expresie v kontexte pacientov zaradených do našej retrospektívnej kohorty. Pre štyri hlavné biomarkery rakoviny prsníka, estrogénový receptor (ESR1), progesterónový receptor (PGR), receptor Her2 (ERBB2) a Ki67 (MKI67), sú tieto percentilové hodnotenia v kontexte všetkých 1 013 zaradených pacientov. V prípade všetkých ostatných génon/génových signatúr sú percentilové poradia v kontexte ostatných pacientov patriacich do toho istého MOLEKULÁRNEHO SUBTPU. Napríklad pre pacientov klasifikovaných ako luminálny A dostanú gény a génová signatúra percentilové skóre v porovnaní so všetkými vzorkami luminálneho A v našej retrospektívnej validácii. Percentilové skóre nemusí nevyhnutne znamenať danú úroveň citlivosti alebo rezistencie na liečbu.

Percentil vzorky
Nízky (1-33)
Stredný (<33-66)
Vysoký (>66-100)

Skupiny percentilov a rozsahy

Subtyp	# pacientov
Luminálny A	432
Luminálny B	313
Her2+	87
Basal-like	181
Všetci pacienti	1 013

Počet pacientov v každom molekulárnom subtypu a celkovej retrospektívnej kohorte, ktoré sa používajú na určenie percentilového poradia

Multiplex8+ VÝSLEDKY



ZHRNUTIE VÝSLEDKOV

NIŽŠIE JE UVEDENÉ ZHRNUTIE A ĎALŠIE PODROBNOSTI SÚ UVEDENÉ NA NASLEDUJÚCICH STRANÁCH.

STAV RECEPTOROV

Vzorka	ESR1	PGR	ERBB2	MKI67
A (B2)	+	+	-	+
B (B5)	+	-	+	-

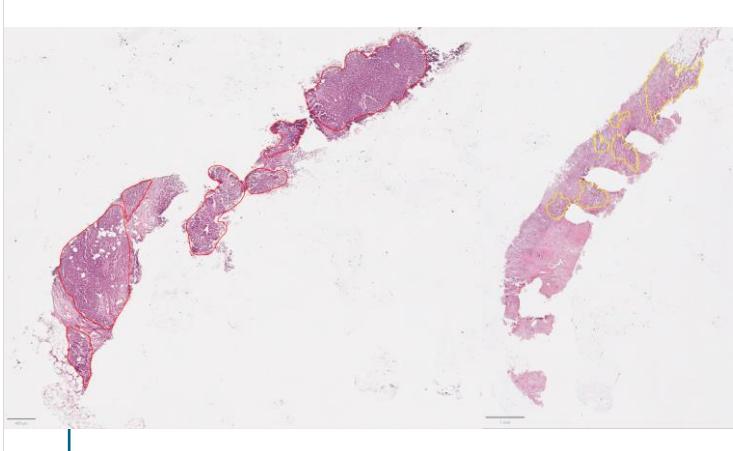
MOLEKULÁRNY SUBTYP

Vlastný subtyp	TNBC subtyp
Luminálny B	-
Luminálny B	-

RELEVANTNÁ LIEČBA

TERAPIA	Kľúčové zistenia	KLINICKÝ BENEFIT
Endokrinná terapia	Molekulárny subtyp, génová expresia, génová expresná signatúra, klinické parametre	Predpokladaný benefit
Anti-Her2	Génová expresia, génové expresné signatúry, klinické parametre	Predpokladaný benefit
CDK 4/6 inhibítory	Molekulárny subtyp, génová expresia, génové expresné signatúry	Predpokladaný benefit
Gemcitabín a kapecitabín	Génová expresia	Predpokladaný benefit
5-fluorouracil (5-FU)	Génová expresia	Predpokladaný benefit
Trastuzumab deruxtekan (Enhertu)	Génová expresia	Predpokladaný benefit
Sacituzumab govitekan (Trodelvy)	Génová expresia	Predpokladaný benefit
ADC v klinických skúškach	Génová expresia	Predpokladaný benefit (off-label, klinické skúšania)
Chemoterapia antracyklinmi/taxánmi	Génová expresia, génové expresné signatúry	Žiadny predpokladaný benefit
Trastuzumab emtanzín (T-DM1)	Génová expresná signatúra	Žiadny 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 (B2) (červený obrys)

Vzorka B (B5) (žltý obrys)

STAV RECEPTOROV

Vzorka	ESR1	PGR	ERBB2	MKI67
A (B2)	+	+	-	+
B (B5)	+	-	+	-

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

INTERPRETÁCIA

- Výsledky z Multiplex8+ sú v prípade bloku B2 v súlade s imunohistochemickými nálezmi.
- V prípade bloku B5 Multiplex8+ ukázal negatívnu expresiu markera PGR, ktorý bol podľa IHC neurčitý.

MOLEKULÁRNY SUBTYP

Vlastný subtyp	TNBC subtyp ²⁻⁴
Luminálny B	-
Luminálny B	-

Na základe **SEKVENAČNÉHO TESTU** sme na klasifikáciu vnútorného molekulárneho subtypu použili konsenzuálny prístup využívajúci našu vlastnú viac ako 293-génovú signatúru na molekulárnu subtypizáciu, výskumom podložený test PAM50 a metódu AIMS¹. Prípadný TNBC subtyp, bol klasifikovaný podľa Lehmanna²⁻⁴.

INTERPRETÁCIA

- Biológia luminálneho B typu nádoru je v súlade s imunohistochemickým a klinickým označením.
- Nádory subtypu luminálny B sú zvyčajne ER+, ale môžu mať rôznú 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 génov 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 odvodená z konsenzu troch prognostických signatúr založených na výskume: 21-génovej signatúry GENE21 ⁵ , 70-génovej signatúry GENE70 ⁶ a 50-génovej signatúry rizika relapsu založenej len na subtype (ROR-S) ⁷ . 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

GÉNOVÁ SIGNATÚRA

Typ liečby / Dráha	Génová signatúra	Popis	Vzorka A percentil	Vzorka B percentil
Luminálne signatóry	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 ⁸ .	Vysoký (78)	Vysoký (67)
	PGR		Vysoký (69)	Stredný (40)
	ESR1_PGR average	Priemerná expresia génov ESR1 a PGR. Vyššie hladiny hormonálnych receptorov sú prediktívnymi markermi pre endokrinnú liečbu.	Vysoký (78)	Stredný (44)
	E2F4_score	Táto génová signatúra hodnotí aktivitu transkripcného 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 ⁹ .	Vysoký (79)	Stredný (60)
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 ⁸ .	Nízky (11)	Vysoký (67)
	MUC4	Mucin 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 ¹⁰ .	Stredný (56)	Vysoký (83)
	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 ¹¹ .	Nízky (25)	Stredný (58)
	pSTAT3-GS	Signatúra, ktorá predpovedá fosforyláciu STAT3 a o ktorej sa zistilo, že predpovedá rezistenciu voči trastuzumabu v štúdii FinHer ¹² .	Nízky (14)	Stredný (49)
	Her2 amplicon_MDX	Vlastná 43-génová signatúra MDX, ktorá sa používa na hodnotenie stavu Her2.	Nízky (14)	Vysoký (74)
	Module7_ERBB2	Signatúra Her2 signalizácie predpovedajúca odpoveď na viacnásobnú anti-Her2 liečbu v štúdii I-SPY2 ¹³ .	Nízky (13)	Stredný (64)
	T-DM1_pred	Prediktívna signatúra trastuzumab emtanzín (T-DM1) je klasifikátor určený len na výskumné účely, ktorý kombinuje 19 génov/génových signatúr zapojených do mechanizmu účinku T-DM1 a preukázal, že predpovedá odpoveď v ramene T-DM1 štúdie I-SPY2 (https://www.nature.com/articles/s41467-024-55583-2).	Nízky (4)	Nízky (7)
Proliferácia	AURKA	Gén AURKA kóduje proteín Aurora Kinázu A, ktorý sa podieľa na proliferácii buniek a je nezávislým prognostickým markerom pri rakovine prsníka.	Stredný (51)	Vysoký (78)
	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 ⁸ .	Vysoký (74)	Nízky (15)
	Module11_proliferation	Proliferačný index použitý v štúdii I-SPY2 všeobecne predpovedá patologickú kompletnú odpoveď u pacientov s pozitívou hormonálnych receptorov ⁴ .	Vysoký (74)	Stredný (54)
	Proliferation_MDX	Vlastná 7-génová signatúra MDX používaná na hodnotenie bunkovej proliferácie a križovú validáciu MKI67.	Stredný (64)	Stredný (34)
Inhibitory 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 cieľmi inhibítarov CDK4/6, ako sú palbociklib (Ibrance), ribociklib (Kisqali) a abemaciciklib (Verzenio); nie je však jasné, či úroveň ich expresie predpovedá citlivosť na inhibitory CDK4/6.	Nízky (0)	Stredný (54)
	CDK6		Nízky (1)	Stredný (60)
	CCNE1		Nízky (12)	Nízky (15)
	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) ¹⁴ .	Stredný (44)	Nízky (2)
	CDKN2D		Vysoký (93)	Stredný (56)
PIK3CA mutácie	PIK3CA-GS	Génová signatúra, ktorá predpovedá mutácie v géne PIK3CA a následne aj odpoveď na liečbu inhibitorom PI3K alpelisibom (Piqray). Vysoké skóre PIK3CA-GS sa spája aj s aktiváciou dráhy PI3K/AKT a stratou signalizácie mTORC1, čo môže mať význam pre odpoveď na inhibitory mTOR (napr. everolimus) ¹⁵ .	Stredný (50)	Nízky (23)

GÉNOVÁ SIGNATÚRA

Typ liečby / Dráha	Génová signatúra	Popis	Vzorka A percentil	Vzorka B percentil
Chemoterapia	TOP1	Gén kódujúci DNA topoizomerázu I, enzym kritický pre transkripciu DNA, je cieľom protinádorových liekov.	Nízky (27)	Vysoký (70)
	TOP2A	Gén kódujúci DNA topoizomerázu IIa, enzym kritický pre transkripciu DNA, je cieľom protinádorových liekov.	Vysoký (81)	Stredný (65)
	RAD51	Proteín DNA opravy RAD51 homológ 1 (RAD51) sa podieľa na oprave poškodenej DNA a je asociovaný s rezistenciou voči chemoterapii.	Vysoký (81)	Vysoký (73)
	ERCC1	Proteín excíznej DNA opravy ERCC-1 (ERCC1) sa podieľa na oprave poškodenia DNA a je asociovaný s rezistenciou voči chemoterapii.	Stredný (53)	Nízky (11)
	TYMS	Gén TYMS kóduje enzym timidát syntetázu, ktorý sa podieľa na biosyntéze DNA a je cieľom antimetabolitovej chemoterapie 5-fluorouracil ¹⁶ .	Vysoký (80)	Nízky (9)
	SLC29A1	Gén SLC29A1 kóduje proteín ENT1 (equilibrative nucleoside transporter 1), nukleozidový transportér, ktorý sa podieľa na transporte gemcitabínu a kapecitabínu ¹⁷ .	Vysoký (84)	Stredný (61)
	DHFR	Dihydrofolátreduktázta je enzym kódovaný génom DHFR a podieľa sa na metabolizme folátov a raste buniek. Je cieľom antimetabolitovej chemoterapie metotrexát ¹⁸ .	Vysoký (75)	Nízky (32)
	SLC19A1	Gén SLC19A1 kóduje proteín RFC1 (reduced folate carrier 1), ktorý prenáša metotrexát do bunky ¹⁸ .	Nízky (23)	Stredný (39)
	CDK12	Proteínový produkt génu CDK12 (Cyclin Dependent Kinase 12) reguluje transkripciu, dráhy opravy DNA a bunkový cyklus ¹⁹ .	Nízky (9)	Vysoký (69)
	MAPs_Mitotic_kinases_neoadj_chemo118	118-génová signatúra predpovedajúca odpoveď na neoadjuvantnú chemoterapiu pomocou liečiva taxán ²⁰ .	Stredný (51)	Stredný (62)
	MAPs_Mitotic_kinases_neoadj_chemo17	17-génová signatúra predpovedajúca odpoveď na neoadjuvantnú chemoterapiu pomocou liečiva taxán ²⁰ .	Vysoký (81)	Stredný (50)
	Early_Relapse_ER.Neg	Génová signatúra chemorezistencia predpovedajúca skorý relaps u pacientov s negativitou ER (ER-) po chemoterapii liečivami taxán-antracyklín ²¹ .	Stredný (50)	Vysoký (85)
	Residual_disease_ER.Neg	Génová signatúra chemorezistence predpovedajúca reziduálne ochorenie u pacientov s negativitou ER (ER-) po chemoterapii liečivami taxán-antracyklín ²¹ .	Nízky (7)	Stredný (49)
	Pathologic_response_ER.Neg	Génová signatúra chemosenzitivity predpovedajúca patologickú úplnú odpoveď u pacientov s negativitou ER (ER-) po chemoterapii liečivami taxán-antracyklín ²¹ .	Nízky (21)	Stredný (48)
	Early_Relapse_ER.Pos	Génová signatúra chemorezistence predpovedajúca skorý relaps u pacientov s pozitivitou ER (ER+) po chemoterapii liečivami taxán-antracyklín ²¹ .	Vysoký (88)	Vysoký (77)
	Residual_disease_ER.Pos	Génová signatúra chemorezistence predpovedajúca reziduálne ochorenie u pacientov s pozitivitou ER (ER+) po chemoterapii liečivami taxán-antracyklín ²¹ .	Stredný (34)	Stredný (38)
	Pathologic_response_ER.Pos	Génová signatúra chemosenzitivity predpovedajúca patologickú úplnú odpoveď u pacientov s pozitivitou ER (ER+) po chemoterapii liečivami taxán-antracyklín ²¹ .	Stredný (36)	Stredný (48)

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.	Stredný (51)	Stredný (51)
	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.	Stredný (41)	Stredný (44)
	CTLA4	Antígen 4 asociovaný s cytotoxickými T-lymfocytmi (CTLA4) je marker imunitného kontrolného bodu.	Nízky (27)	Stredný (38)
	Module5_TcellBcell	Imunitné signatúry predpovedajúce odpoveď na pembrolizumab pacientov s TNBC zaradených do štúdie I-SPY2 ¹³ . Všetky signatúry, s výnimkou mastocytovej (Mast_cells), boli spojené so zvýšenou pravdepodobnosťou dosiahnutia patologickej kompletnej odpovede.	Nízky (26)	Stredný (37)
	Chemokine12		Nízky (10)	Nízky (33)
	STAT1		Nízky (19)	Stredný (40)
	Dendritic_cells		Stredný (62)	Vysoký (82)
	Mast_cells		Stredný (57)	Stredný (52)
DNA poškodenie a oprava	VCpred_TN	Signatúra reparácie poškodenia DNA / immunity predpovedajúca odpoveď na veliparib (inhibítorm PARP) a karboplatinu (štúdia I-SPY2) ¹³ .	Nízky (30)	Stredný (42)
Angiogenéza / hypoxia	VEGFA	Gén kódajúci vaskulárny endotelový rastový faktor, proteín, ktorý sa podieľa na angiogenéze, vazodilatáciu a raste endotelových buniek. VEGF je cieľom lieku bevacizumab (Avastin).	Stredný (57)	Nízky (5)
	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 ²² .	Nízky (6)	Nízky (3)
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) ²³ .	Nízky (11)	Vysoký (67)
	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 HR+/HER2– alebo TNBC ²⁴ a tiež liečiva datopotamab deruxtekan (Datronway), ADC skúmaného v klinických štúdiach pre metastatický HR+/HER2– karcinóm prsníka ²⁵ .	Vysoký (79)	Stredný (37)
	NECTIN4	Gén NECTIN4 kóduje Nectin Cell Adhesion Molecule 4, bunkovú adhéznu molekulu, ktorá je cieľom konjugátov protilátkov s liečivami (antibody-drug conjugates) v klinických štúdiách rakoviny prsníka.	Nízky (14)	Nízky (31)
	ERBB3	ERBB3 kóduje proteín rodiny receptorov epidermálneho rastového faktora (EGFR) receptorových tyrozínkínáz. Skúma sa v klinických skúškach pre konjugát protilátky a liečiva (antibody-drug conjugate) patritumab deruxtekan.	Stredný (53)	Stredný (56)
	FOLR1	FOLR1 kóduje folatóvý receptor alfa, ktorý je cieľom konjugátu protilátky a liečiva (antibody-drug conjugate) skúmaným v niekoľkých klinických štúdiach fázy 1 a 2 rakoviny prsníka.	Stredný (58)	Vysoký (77)
	F3	F3 kóduje tkaninový faktor, koagulačný faktor III, ktorý je cieľom niekoľkých konjugátov protilátkov a liečiv (antibody-drug conjugates) vo fáze 1 a 2 klinických skúšok.	Nízky (31)	Stredný (35)
	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.	Vysoký (94)	Stredný (50)
	CD276	Tento gén kóduje marker imunitného kontrolného bodu nazývaný CD276 (známy aj ako B7-H3). Je cieľom konjugátu protilátky a liečiva (Mirzotamab clezutoclax) (ABBV-155), ktorý je vo fáze 1 a 2 klinického skúšania pokročilých solídnych nádorov vrátane karcinómu prsníka.	Nízky (6)	Vysoký (79)

Typ liečby / Dráha	Génová signatúra	Popis	Vzorka A percentil	Vzorka B percentil
	VTCN1	V-Set Domain Containing T Cell Activation Inhibitor 1 (VTCN1 nazývaný aj B7-H4) je marker imunitného kontrolného bodu a cieľ konjugátu protilátky a liečiva SGN-B7H4V, ktorý sa skúma vo fáze 1 a 2 klinického skúšania pokročilých solídnych nádorov vrátane karcinómu prsníka.	Nízky (1)	Nízky (6)
	CEACAM5	Gén, ktorý kóduje proteín CEA Cell Adhesion Molecule 5, cieľ konjugátu protilátky a liečiva Tusamitamab ravtansine (SAR408701), ktorý sa skúma v 2. fáze klinického skúšania pokročilých solídnych nádorov vrátane karcinómu prsníka.	Vysoký (92)	Nízky (15)

INTERPRETÁCIA A ODPORÚČANIE

- Zaradenie do subtypu luminálny B a pozitívna expresia ESR1/PGR v oboch vzorkách naznačujú, že endokrinná liečba, ako je tamoxifén a inhibítory aromatáz, môže byť prospešná. Vysoké skóre E2F4 vo Vzorke A však naznačuje potenciálnu rezistenciu na inhibítory aromatáz.
- Vzorka B vykazuje vysoké hladiny ERBB2 a stredné/vysoké skóre signatúr pre Her2 (Her2 amplicon_MDX a Module7_ERBB2). To naznačuje, že terapie súvisiace s Her2, ako sú trastuzumab, pertuzumab, trastuzumab deruxtekan, tukatinib, lapatinib, margetuximab a neratinib, môžu byť prospešné. Všimnite si však, že Vzorka B má vysokú expresiu markera rezistencie MUC4 a strednú/vysokú expresiu estrogénových/luminálnych markerov.
- Vysoké skóre signatúry E2F4 vo Vzorke A naznačuje potenciálnu rezistenciu na inhibítory aromatáz. Retrospektívna analýza štúdie Pre-Operative Palbociclib (POP) ukázala, že palbociklib znížil skóre signatúry E2F4, čo naznačuje, že títo pacienti môžu reagovať na inhibítory CDK4/6 samostatne alebo v kombinácii s endokrinnou liečbou⁹. Potenciálny prínos inhibítordov CDK4/6 podporuje mierna až stredná expresia markerov rezistencie na inhibítory CDK4/6 (napr. CCNE1 a CCND3) a stredná až vysoká expresia markerov proliferácie (AURKA, MKI67, Module11_proliferation, Proliferation_MDX). Je však dôležité si všimnúť, že Vzorka A má vysokú expresiu markera rezistencie CDKN2D.
- Úrovne expresie nukleozidových transportérov, ako je SLC29A1, sú spojené s citlivosťou na gemcitabín a kapecitabín, pričom stredné/vysoké hladiny v oboch vzorkách predpovedajú citlivosť. Takisto vysoké hladiny TYMS vo Vzorke A môžu predpovedať odpoveď na 5-fluorouracil (5-FU) a chemoterapiu, ktorá sa metabolizuje na 5-FU (napr. kapecitabín).
- Vzorka B má zvýšenú hladinu TOP1, ktorý je cieľom cytotoxickej zložky konjugátu protilátky a liečiva (ADC) trastuzumabu deruxtekanu (Enhertu). Vysoké hladiny cieľa antigénu aj cytotoxickej zložky naznačujú, že trastuzumab deruxtekan môže byť účinný v pokročilom/metastatickom štádiu.
- Vysoké hladiny TACSTD2 vo Vzorke A predpovedajú citlivosť na ADC zameranú na Trop-2, sacituzumab govitekan. Nízke hladiny TOP1, ktorý je cieľom cytotoxickej náplne SN-38 sacituzumabu govitekanu ale zmierňujú očakávaný prínos.
- Vzorka A vykazuje vysokú expresiu niekoľkých cieľov pre konjugátu protilátku a liečiva vrátane SLC39A6 a CEACAM5. Tie sa v súčasnosti skúmajú v klinických štúdiach pre HR-positívny, HER2-negatívny karcinóm prsníka.
- Citlivosť na neoadjuvantnú/adjuvantnú chemoterapiu antracyklími/taxánmi podporuje stredná až vysoká expresia génových signatúr pre chemoterapiu (MAPs_Mitotic_kinases_neoadj_chemo118 a MAPs_Mitotic_kinases_neoadj_chemo17) v oboch vzorkách. Avšak stredné hodnoty Pathologic_response_ER_Pos a Residual_disease_ER_Pos a vysoké hodnoty Early_Relapse_ER_Pos v oboch vzorkách naznačujú rezistenciu na neoadjuvantnú/adjuvantnú antracyklínovú/taxánovú chemoterapiu. Taktiež je dôležité si všimnúť, že obe vzorky majú vysokú expresiu markera rezistencie na chemoterapiu RAD51.
- Skóre signatúry T-DM1_pred bolo v oboch vzorkách negatívne, čo naznačuje, že pacientka nemá predpokladaný prínos z konjugátu protilátky a liečiva trastuzumabu emtanzínu (T-DM1).
- Poznámka:** Multiplex8+ ukázal nesúlad v testovaní ERBB2 pre vzorku B (B5), pričom RNA sekvenovanie klasifikovalo vzorku ako negatívnu a RNA-FISH ako pozitívnu. Krížová validácia výsledkov pomocou RNA sekvenovania, RNA-FISH a IHC však dáva pozitívny výsledok testu. Tento nesúlad môže odrážať heterogenitu expresie ERBB2, čo potvrdzujú výsledky IHC pre HER2, ktoré boli negatívne vo vzorke A (B2) a pozitívne vo vzorke B (B5). Je známe, že pacienti s heterogenitou HER2 vykazujú zníženú citlivosť na anti-HER2 liečbu, ako sa preukázalo v analýzach štúdie fázy 2 T-DM1²⁶ a klinickej štúdie NCT02326974²⁷.

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.** Loi, S. et al. PNAS 107(22): 10208–10213 (2010). **16.** Foekens, J.A. et al. Cancer Res. 61: 1421–1425 (2001). **17.** Mackey, J.R. et al. Clin Cancer Res. 8(1): 110–116 (2002). **18.** Yang, V. et al. RSC Med Chem. 11(6): 646–664 (2020). **19.** Filippone, M.G. et al. Nat Commun. 13(1): 2642 (2022). **20.** Rodrigues-Ferreira, S. et al. Proc Natl Acad Sci USA 116(47): 23691–23697 (2019). **21.** Hatzis, C. et al. JAMA 305(18):1873–81 (2011). **22.** Karn, T. et al. Clin Cancer Res 26: 1896–1904 (2020). **23.** Modi, S. et al. N Engl J Med 387: 9–20 (2022). **24.** Michaleas, S. et al. ESMO Open 7 (2022). **25.** Bardia, A. et al. J Clin Oncol 43(3): 285–296 (2025). **26.** Metzger-Filho, O. et al. Cancer Discov. 11(10): 2474–2487. **27.** Li, Z. et al. J Clin Invest. 134(7): e176454. doi: 10.1172/JCI176454.