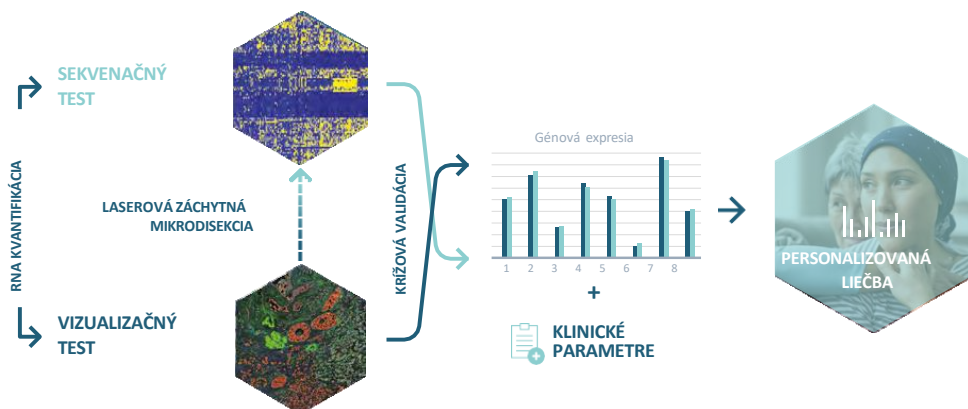


PACIENT	VZORKA	OŠETRUJÚCI LEKÁR
Meno:	ID vzorky: MDX-PT-78	Meno:
ID:	Dátum odberu:	Adresa:
Dátum správy:	Typ:	Kontakt:

## 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 expície 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 expície génov s priestorovým rozlíšením. Analytické overenie Multiplex8+ sa uskutočnilo na veľkej retrospektívnej kohorte 1 082 nádorov prsníka.



TEST POSKYTUJE INFORMÁCIE O:

- STAVE RECEPTOROV:** pre expíciu RNA estrogénového receptora, progesterónového receptora, receptora Her2 a Ki67 meranú a krížovo overovanú dvoma testami.
- MOLEKULÁRNOM SUBTYPE:** na základe RNA expície génov 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 expície 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 génov/génových signatúr sú percentilové poradia v kontexte ostatných pacientov patriacich do toho istého MOLEKULÁRNEHO SUBTYPU. 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 subtype a celkovej retrospektívnej kohorte, ktoré sa používajú na určenie percentilového poradia

## ZHRNUTIE VÝSLEDKOV

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

### STAV RECEPTOROV

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

### MOLEKULÁRNY SUBTYP

Vlastný subtyp	TNBC subtyp
Luminálny A	-

### RELEVANTNÁ LIEČBA

TERAPIA	KLÚČOVÉ ZISTENIA	KLINICKÝ BENEFIT
Endokrinná terapia	Molekulárny subtyp, génová expresia, génová expresná signatúra	Predpokladaný benefit
Gemcitabín a kapecitabín	Génová expresia	Predpokladaný benefit
Trastuzumab deruxtekan (Enhertu)	Génová expresia	Predpokladaný benefit
Sacituzumab govitekan (Trodelvy)	Génová expresia	Predpokladaný benefit
5-fluorouracil (5-FU)	Génová expresia	Predpokladaný benefit
ADC v klinických skúškach	Génová expresia	Predpokladaný benefit (off-label, klinická skúšania)
Chemoterapia antracyklínmi/taxánmi	Molekulárny subtyp, génová expresia, génové expresné signatúry	Žiadny predpokladaný benefit
Metotrexát	Génová expresia	Žiadny predpokladaný benefit

## LASEROVÁ ZÁCHYTNÁ MIKRODISEKCIA



Na základe histologického hodnotenia a expresie biomarkerov RNA-FISH bola jedna vzorka (**Vzorka A**) podrobená laserovej mikrodisekcii pre ďalšiu analýzu.

## STAV RECEPTOROV

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

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

### INTERPRETÁCIA

- K vzorke neboli dodané žiadne výsledky IHC.

## MOLEKULÁRNY SUBTYP

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

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 AIMS<sup>1</sup>. Prípadný TNBC subtyp, bol klasifikovaný podľa Lehmana<sup>2-4</sup>.

## INTERPRETÁCIA

- Nádory subtypu Luminálny A sú charakterizované expresiou ER a/alebo PR a negatívnou alebo nízkou expresiou Her2 a markera proliferácie Ki-67.
- Nádory subtypu Luminálny A sú nízkeho stupňa (grade), majú priaznivú prognózu a dobre reagujú na endokrinnú liečbu, ako je tamoxifén alebo inhibítory aromatázy.

## 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 štádiách.

Typ liečby / Dráha	Génová signatúra	Popis	Vzorka A percentil	
Prognóza	Consensus prognostic signature	Prognostická signatúra je odvodená z konsenzu troch prognostických signatúr založených na výskume: 21-génovej signatúry GENE21 <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 štádiom karcinómu prsníka s ER+/Her2- IHC, negatívnymi lymfatickými uzlinami alebo 1 - 3 pozitívnymi lymfatickými uzlinami. Skóre sa uvádza 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.	Nízke	

## GÉNOVÁ SIGNATÚRA

Typ liečby / Dráha	Génová signatúra	Popis	Vzorka A 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 predikčný pre endokrinnú liečbu a nízky alebo negatívny ER/PR sa spája so zlou prognózou <sup>8</sup> .	Vysoký (79)
	PGR		Stredný (63)
	ESR1_PGR average	Priemerná expresia génov ESR1 a PGR. Vyššie hladiny hormonálnych receptorov sú predikčnými markermi pre endokrinnú liečbu.	Vysoký (73)
	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> .	Stredný (57)
Her2	ERBB2	Gén ERBB2 kóduje Her2, receptorovú tyrozínkinázu, ktorá sa podieľa na raste/proliferácii buniek a je prognostickým markerom a predikčným ukazovateľom odpovede na terapiu cieleň na Her2 <sup>8</sup> .	Stredný (59)
	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> .	Nízky (9)
	NRG1	NRG1 kóduje neuregulín 1, ligand receptora Her3. V štúdií NeoSphere fázy II bola vysoká expresia génu NRG1 spojená so zníženou odpoveďou na neoadjuvantný trastuzumab, ale nie s kombináciou trastuzumab-pertuzumab <sup>11</sup> .	Stredný (60)
	pSTAT3-GS	Signatúra, ktorá predpovedá fosforyláciu STAT3 a o ktorej sa zistilo, že predpovedá rezistenciu voči trastuzumabu v štúdií FinHer <sup>12</sup> .	Stredný (54)
	Her2 amplicon_MDX	Vlastná 43-génová signatúra MDX, ktorá sa používa na hodnotenie stavu Her2.	Stredný (45)
	Module7_ERBB2	Signatúra Her2 signalizácie predpovedajúca odpoveď na viacnásobnú anti-Her2 liečbu v štúdií I-SPY2 <sup>13</sup> .	Nízky (28)
	T-DM1_pred	Predikčná 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 ( <a href="https://www.nature.com/articles/s41467-024-55583-2">https://www.nature.com/articles/s41467-024-55583-2</a> ).	Nízky (13)
Proliferácia	AURKA	Gén AURKA kóduje proteín Aurora Kináza A, ktorý sa podieľa na proliferácii buniek a je nezávislým prognostickým markerom pri rakovine prsníka.	Nízky (25)
	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> .	Nízky (31)
	Module11_proliferation	Proliferačný index použitý v štúdií I-SPY2 všeobecne predpovedá patologickú kompletnú odpoveď u pacientov s pozitívou hormonálnych receptorov <sup>4</sup> .	Stredný (58)
	Proliferation_MDX	Vlastná 7-génová signatúra MDX používaná na hodnotenie bunkovej proliferácie a krížovú validáciu MKI67.	Vysoký (69)
Inhibítory CDK4/6	CDK4	Cyklín-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 inhibítorov CDK4/6, ako sú palbociklib (Ibrance), ribociklib (Kisqali) a abemaciklib (Verzenio); nie je však jasné, či úroveň ich expície predpovedá citlivosť na inhibítory CDK4/6.	Vysoký (93)
	CDK6		Nízky (16)
	CCNE1		Nízky (16)
	CCND3		Nízky (9)
	CDKN2D		Stredný (66)
PIK3CA mutácie	PIK3CA-GS	Génová signatúra, ktorá predpovedá mutácie v géne PIK3CA a následne aj odpoveď na liečbu inhibítorom 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 inhibítory mTOR (napr. everolimus) <sup>15</sup> .	Nízky (11)

**GÉNOVÁ SIGNATÚRA**

Typ liečby / Dráha	Génová signatúra	Popis	Vzorka A percentil
Chemoterapia	TOP1	Gén kódujúci DNA topoizomerázu I, enzým kritický pre transkripciu DNA, je cieľom protinádorových liekov.	Vysoký (89)
	TOP2A	Gén kódujúci DNA topoizomerázu IIa, enzým kritický pre transkripciu DNA, je cieľom protinádorových liekov.	Vysoký (69)
	RAD51	Proteín DNA opravy RAD51 homológ 1 (RAD51) sa podieľa na oprave poškodenej DNA a je asociovaný s rezistenciou voči chemoterapii.	Nízky (28)
	ERCC1	Proteín excíznej DNA opravy ERCC-1 (ERCC1) sa podieľa na oprave poškodenia DNA a je asociovaný s rezistenciou voči chemoterapii.	Stredný (34)
	TYMS	Gén TYMS kóduje enzým tymidilát syntetázu, ktorý sa podieľa na biosyntéze DNA a je cieľom antimetabolitovej chemoterapie 5-fluorouracil <sup>16</sup> .	Vysoký (74)
	SLC29A1	Gén SLC29A1 kóduje proteín ENT1 (equilibrative nucleoside transporter 1), nukleozidový transportér, ktorý sa podieľa na transporte gemcitabínu a kapecitabínu <sup>17</sup> .	Stredný (65)
	DHFR	Dihydrofolátreduktáza je enzým kódovaný génom DHFR a podieľa sa na metabolizme folátov a raste buniek. Je cieľom antimetabolitovej chemoterapie metotrexát <sup>18</sup> .	Stredný (60)
	SLC19A1	Gén SLC19A1 kóduje proteín RFC1 (reduced folate carrier 1), ktorý prenáša metotrexát do bunky <sup>18</sup> .	Stredný (49)
	CDK12	Proteínový produkt génu CDK12 (Cyclin Dependent Kinase 12) reguluje transkripciu, dráhy opravy DNA a bunkový cyklus <sup>19</sup> .	Nízky (14)
	MAPs_Mitotic_ki nases_neoadj_ch emo118	118-génová signatúra predpovedajúca odpoveď na neoadjuvantnú chemoterapiu pomocou liečiva taxán <sup>20</sup> .	Vysoký (87)
	MAPs_Mitotic_ki nases_neoadj_ch emo17	17-génová signatúra predpovedajúca odpoveď na neoadjuvantnú chemoterapiu pomocou liečiva taxán <sup>20</sup> .	Stredný (64)
	Early_Relapse_ER.Neg	Génová signatúra chemorezistencie predpovedajúca skorý relaps u pacientov s negatívnou ER (ER-) po chemoterapii liečivami taxán-antracyklín <sup>21</sup> .	Nízky (0)
	Residual_disease_ER.Neg	Génová signatúra chemorezistencie predpovedajúca reziduálne ochorenie u pacientov s negatívnou ER (ER-) po chemoterapii liečivami taxán-antracyklín <sup>21</sup> .	Vysoký (74)
	Pathologic_response_ER.Neg	Génová signatúra chemosenzitivity predpovedajúca patologickú úplnú odpoveď u pacientov s negatívnou ER (ER-) po chemoterapii liečivami taxán-antracyklín <sup>21</sup> .	Nízky (4)
	Early_Relapse_ER.Pos	Génová signatúra chemorezistencie predpovedajúca skorý relaps u pacientov s pozitívnou ER (ER+) po chemoterapii liečivami taxán-antracyklín <sup>21</sup> .	Vysoký (71)
	Residual_disease_ER.Pos	Génová signatúra chemorezistencie predpovedajúca reziduálne ochorenie u pacientov s pozitívnou ER (ER+) po chemoterapii liečivami taxán-antracyklín <sup>21</sup> .	Stredný (57)
Pathologic_response_ER.Pos	Génová signatúra chemosenzitivity predpovedajúca patologickú úplnú odpoveď u pacientov s pozitívnou ER (ER+) po chemoterapii liečivami taxán-antracyklín <sup>21</sup> .	Stredný (50)	

Typ liečby / Dráha	Génová signatúra	Popis	Vzorka A 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.	Nízky (8)	
	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.	Nízky (26)	
	CTLA4	Antigén 4 asociovaný s cytotoxickými T-lymfocytmi (CTLA4) je marker imunitného kontrolného bodu.	Nízky (6)	
	Module5_TcellBcell	Imunitné signatúry predpovedajúce odpoveď na pembrolizumab pacientov s TNBC zaradených do štúdie I-SPY2 <sup>13</sup> . Všetky signatúry, s výnimkou mastocytovej (Mast_cells), boli spojené so zvýšenou pravdepodobnosťou dosiahnutia patologickej kompletnej odpovede.	Nízky (22)	
	Chemokine12		Nízky (21)	
	STAT1		Nízky (33)	
	Dendritic_cells		Stredný (43)	
	Mast_cells		Stredný (45)	
DNA poškodenie a oprava	VCpred_TN	Signatúra reparácie poškodenia DNA / imunity predpovedajúca odpoveď na veliparib (inhibitor PARP) a karboplatinu (štúdia I-SPY2) <sup>13</sup> .	Stredný (37)	
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).	Nízky (27)	
	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>22</sup> .	Nízky (21)	
Ciele konjugátov protilátky a liečiva (ADC)	ERBB2	Gén ERBB2 kóduje proteínový receptor Her2, ktorý je cieľom klasickej anti-Her2 liečby. Nízke a ultranízké hladiny Her2 môžu byť vhodné na liečbu konjugátom protilátky a liečiva (antibody-drug conjugate) trastuzumab deruxtekan (Enhertu) <sup>23</sup> .	Stredný (59)	
	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 <sup>24</sup> a tiež liečiva datopotamab deruxtekan (Datroway), ADC skúmaného v klinických štúdiách pre metastatický HR+/HER2- karcinóm prsníka <sup>25</sup> .	Vysoký (96)	
	NECTIN4	Gén NECTIN4 kóduje Nectin Cell Adhesion Molecule 4, bunkovú adhéziu molekulu, ktorá je cieľom konjugátov protilátok s liečivami (antibody-drug conjugates) v klinických štúdiách rakoviny prsníka.	Nízky (22)	
	ERBB3	ERBB3 kóduje proteín rodiny receptorov epidermálneho rastového faktora (EGFR) receptorových tyrozínkináz. Skúma sa v klinických skúškach pre konjugát protilátky a liečiva (antibody-drug conjugate) patritumab deruxtekan.	Vysoký (78)	
	FOLR1	FOLR1 kóduje folátový receptor alfa, ktorý je cieľom konjugátu protilátky a liečiva (antibody-drug conjugate) skúmaným v niekoľkých klinických štúdiách fázy 1 a 2 rakoviny prsníka.	Vysoký (68)	
	F3	F3 kóduje tkanivový faktor, koagulačný faktor III, ktorý je cieľom niekoľkých konjugátov protilátok a liečiv (antibody-drug conjugates) vo fáze 1 a 2 klinických skúšok.	Vysoký (81)	
	SLC39A6	Gény SLC39A6 kódujú transportér zinku LIV-1, ktorý je vysoko exprimovaný v luminálnych karcinómoch prsníka a skúma sa v niekoľkých klinických štúdiách fázy 1 a 2.	Vysoký (96)	
	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 (31)	

Typ liečby / Dráha	Génová signatúra	Popis	Vzorka A 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 (28)
	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 (90)

## INTERPRETÁCIA A ODPORÚČANIE

- Zaradenie do subtypu lumnálny A a pozitívna expresia ESR1/PGR naznačuje, že endokrinná liečba, ako je tamoxifén a inhibítory aromatázy, môže byť prospešná. Stredne vysoké skóre E2F4 však naznačuje potenciálnu rezistenciu na inhibítory aromatázy.
- Vzorka bola klasifikovaná ako nízko riziková podľa našej prognostickej signatúry Consensus prognostic signature, pričom všetky tri prognostické klasifikátory (GENE21, GENE70, ROR-S) ju klasifikovali ako nízko rizikovú. Pacientky klasifikované ako nízko rizikové podľa všetkých troch molekulárnych klasifikátorov a klinického rizika mali lepšie výsledky v troch veľkých retrospektívnych kohortách (MDX-BRCA, TCGA-BRCA a METABRIC)<sup>26</sup>. Pacientky klasifikované ako nízko rizikové podľa multigénových prognostických signatúr nemusia mať dodatočný prínos z chemoterapie v porovnaní so samotnou endokrinnou liečbou a môžu byť vhodnými kandidátmi na deeskaláciu chemoterapie. **Poznámka: ak má pacientka viac ako tri pozitívne lymfatické uzliny, signatúra Consensus prognostic signature sa nedá použiť.**
- Úrovně expresie nukleozidových transportérov, ako je SLC29A1, sú spojené s citlivosťou na gemcitabín a kapecitabín, pričom stredné/vysoké hladiny predpovedajú citlivosť. Takisto vysoké hladiny TYMS môžu predpovedať odpoveď na 5-fluorouracil (5-FU) a chemoterapiu, ktorá sa metabolizuje na 5-FU (napr. kapecitabín).
- Keďže vzorka je klasifikovaná ako ERBB2-low, pacientka môže mať prospech z konjugátu protilátky a liečiva (ADC) trastuzumabu deruxtekanu (Enhertu), ktorý je schválený pre pacientky s metastatickým karcinómom prsníka s nízkou expresiou Her2. Cytotoxická zložka tohto ADC, deruxtekan, je cieleňá na TOP1, ktorý je exprimovaný vo vysokých hladinách. Expresia oboch, antigénu aj cieľa cytotoxickej zložky naznačuje, že trastuzumab deruxtekan môže byť účinný v pokročilom/metastatickom štádiu.
- Vysoké hladiny TACSTD2 predpovedajú citlivosť na ADC cieleňý na Trop-2, sacituzumab govitekan (Trodelvy). Vysoké hladiny TOP1, ktorý je cieľom SN-38 cytotoxickej zložky sacituzumabu govitekanu sa zameriava na TOP1, podporujú očakávaný prínos.
- Vzorka vykazuje vysokú expresiu niekoľkých cieľov pre konjugáty protilátok a liečiva vrátane ERBB3, FOLR1, SLC39A6 a CEACAM5. Tie sa v súčasnosti skúmajú v klinických štúdiách pre HR-pozitívny, HER2-negatívny karcinóm prsníka.
- Citlivosť na neoadjuvantnú/adjuvantnú antracyklínovú/taxánovú chemoterapiu podporuje stredná/vysoká expresia génových signatúr pre taxánovú chemoterapiu (MAPs\_Mitotic\_kinases\_neoadj\_chemo17 a MAPs\_Mitotic\_kinases\_neoadj\_chemo118). Vo vzorke sú však prítomné aj markery rezistencie, vrátane označenia molekulárneho subtypu ako lumnálny A, nízkeho Consensus prognostic signature, vysokého skóre signatúry Early\_Relapse\_ER.Pos a stredného skóre signatúr Residual\_disease\_ER.Pos a Pathologic\_response\_ER.Pos. Preto sa nepredpokladá prínos neoadjuvantnej/adjuvantnej chemoterapie antracyklínmi/taxánmi.
- Nízka expresia CDK12 predpovedá, že pacientka nebude mať prospech z metotrexátu.

## REFERENCIE

- Gendoo, D.M.A. et al. *Bioinformatics* 32(7): 1097–1099 (2016).
- Lehmann, B. D. et al. *J Clin Invest* 121: 2750–2767 (2011).
- Lehmann, B. D. et al. *PLoS One* 11: e0157368 (2016).
- Bareche, Y. et al. *Ann Oncol* 29: 895–902 (2018).
- Paik, S. et al. *N Engl J Med* 351(27): 2817–2826 (2004).
- van't Veer, L.J. et al. *Nature* 415(6871): 530–536 (2002).
- Parker, J.S. et al. *J Clin Oncol* 27(8): 1160–1167 (2009).
- Cardoso, F. et al. *Ann Oncol* 30(8): 1194–1220 (2019).
- Guerrero-Zotano, A.L. et al. *Clin Cancer Res* 24(11): 2517–2529 (2018).
- Mercogliano, M.F. et al. *Clin Cancer Res* 23(3): 636–648 (2017).
- 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. Paul, E.D. et al. *Nat Commun* 16: 226 (2025).