Desarrollo de un perfil de 5 genes con valor pronóstico en cáncer de mama con RH negativos

E. Espinosa[1], I. Sánchez Navarro[2], A. Gámez Pozo[2], A. Lamarca[1], A. Pinto[1], E. Ciruelos[3], J.A. Fresno Vara[2]

H. La Paz[1], INGEMM[2] (IdiPAZ), H. Doce de Octubre[3] (i+12)

Málaga 2011 SEOM

Introducción

- Cáncer de mama RH-
  - QT adyuvante es estándar
  - ¿Quién se beneficia de la QT?
- Perfiles génicos
  - Desarrollados en RH+
- Objetivo: encontrar perfil relacionado con supervivencia libre de metástasis en RH- tratado con QT adyuvante

Material y métodos (1)

- Tumor
  - Ductal infiltrante
  - Ambos RH negativos
- Tratamiento
  - Tumorectomía + RT o mastectomía
  - QT adyuvante
- Seguimiento 8 años
- Muestra disponible en parafina

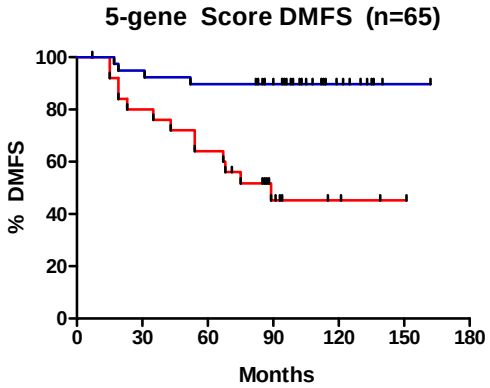
Material y métodos (2)

- Aislamiento del ARN
- RT-qPCR: plataforma TaqMan Arrays
  - Genes seleccionados de la literatura
- Normalización de datos
- Validación de ensayos en parafina
- Selección de los que mejor correlacionan con supervivencia libre de metástasis
- Construcción del perfil
  - Método supervisado de componentes principales
  - Validación interna y con series de la literatura

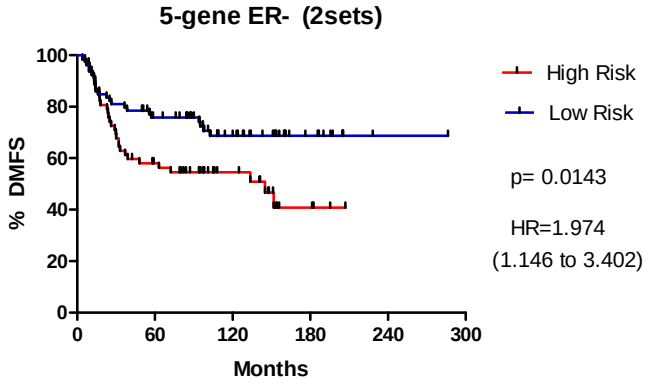
Resultados (1)

N=65		N	%
Edad	<50	17	26
	>50	48	74
T	1	22	34
	2	43	66
N	0	39	60
	1	26	40
Grado	1	2	3
	2	6	9
	3	55	84
Recidiva	No	48	74
	Sí	17	26

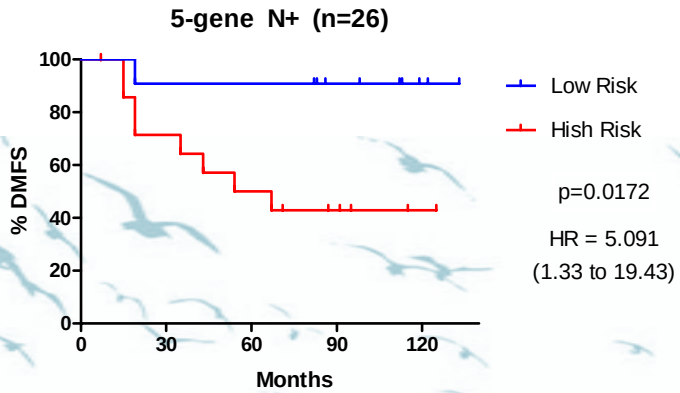
Resultados (2)



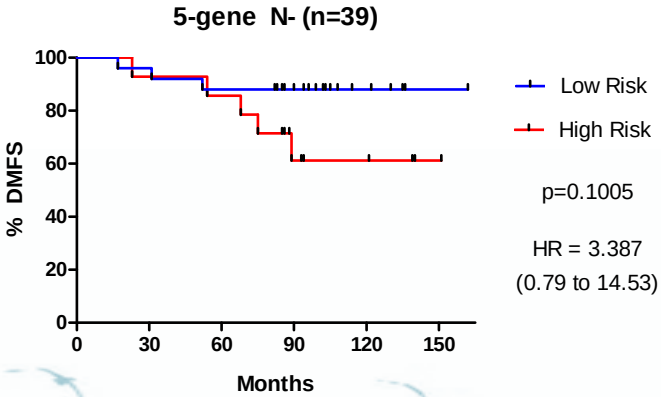
Patients at risk						
Low Risk	39	38	36	27	12	2
High Risk	26	21	18	8	4	2



Patients at risk				
Low Risk	79	56	27	11
High Risk	62	34	17	5

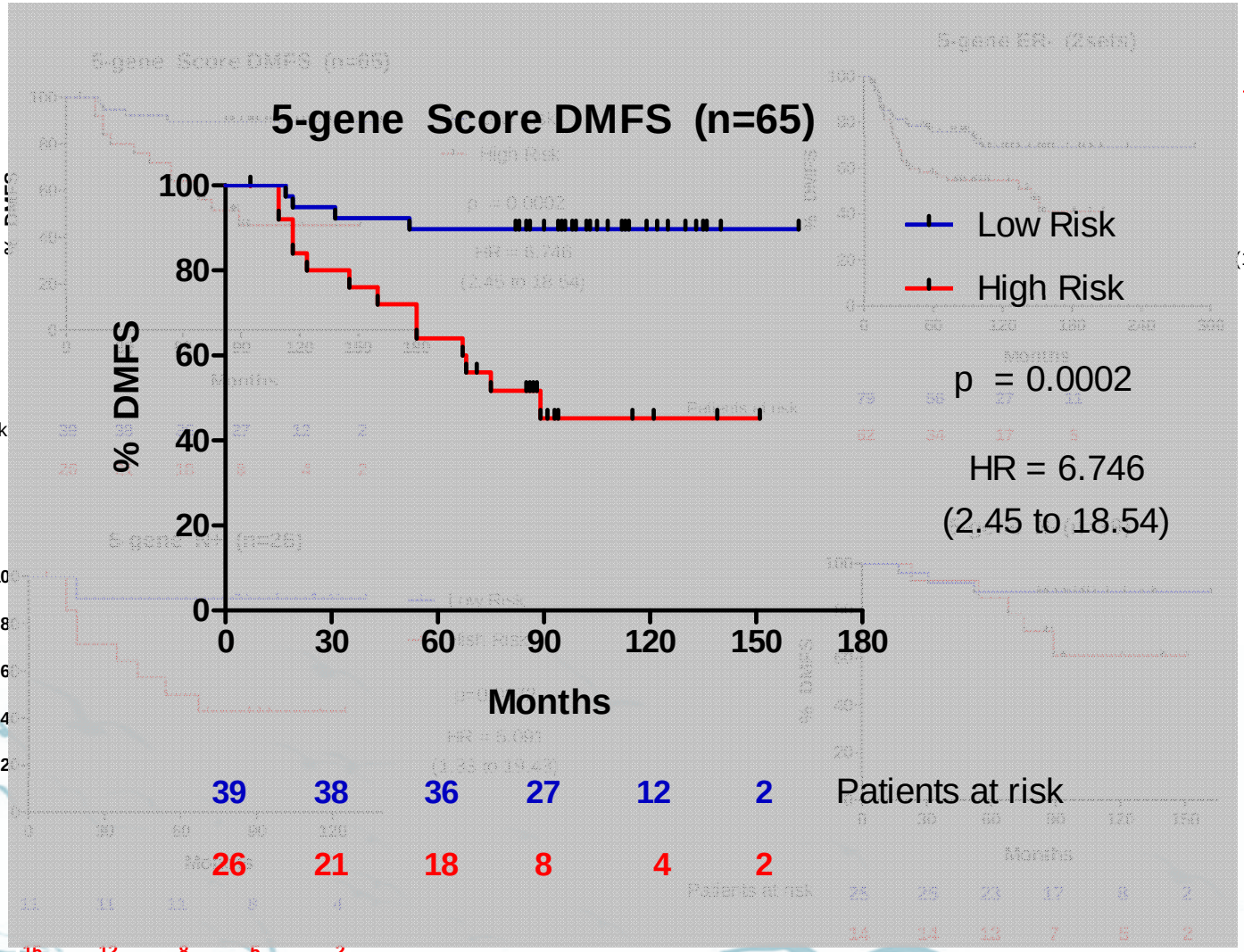


Patients at risk					
Low Risk	11	11	11	8	4
Hish Risk	15	12	8	5	2



Patients at risk						
Low Risk	25	25	23	17	8	2
High Risk	14	14	13	7	5	2

Resultados (2)



High Risk
Low Risk

p= 0.0143

HR=1.974
(1.146 to 3.402)

Patients at risk

Low Risk
High Risk

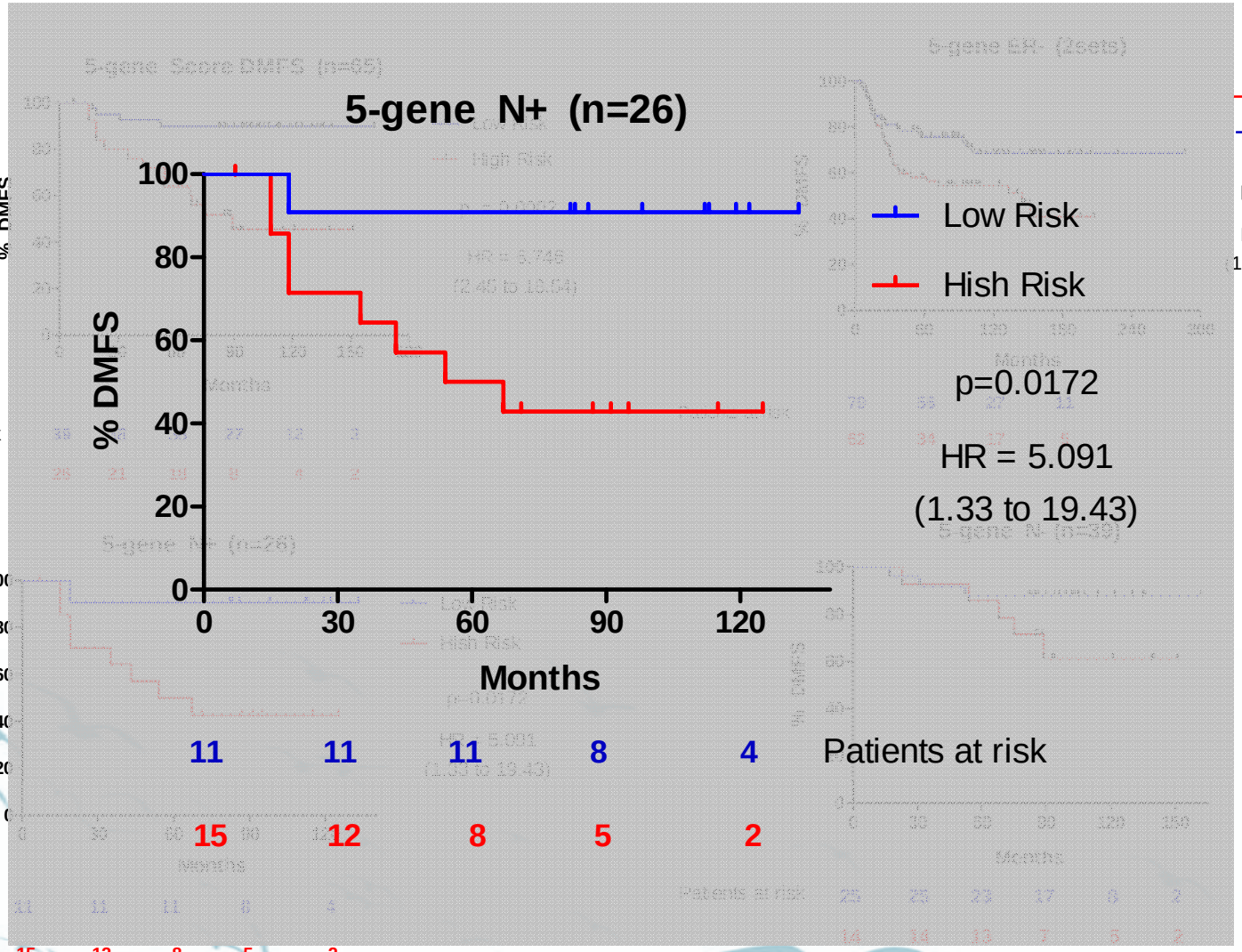
p=0.1005

HR = 3.387
(0.79 to 14.53)

Patients at risk

Málaga
2011 SEOM

Resultados (2)



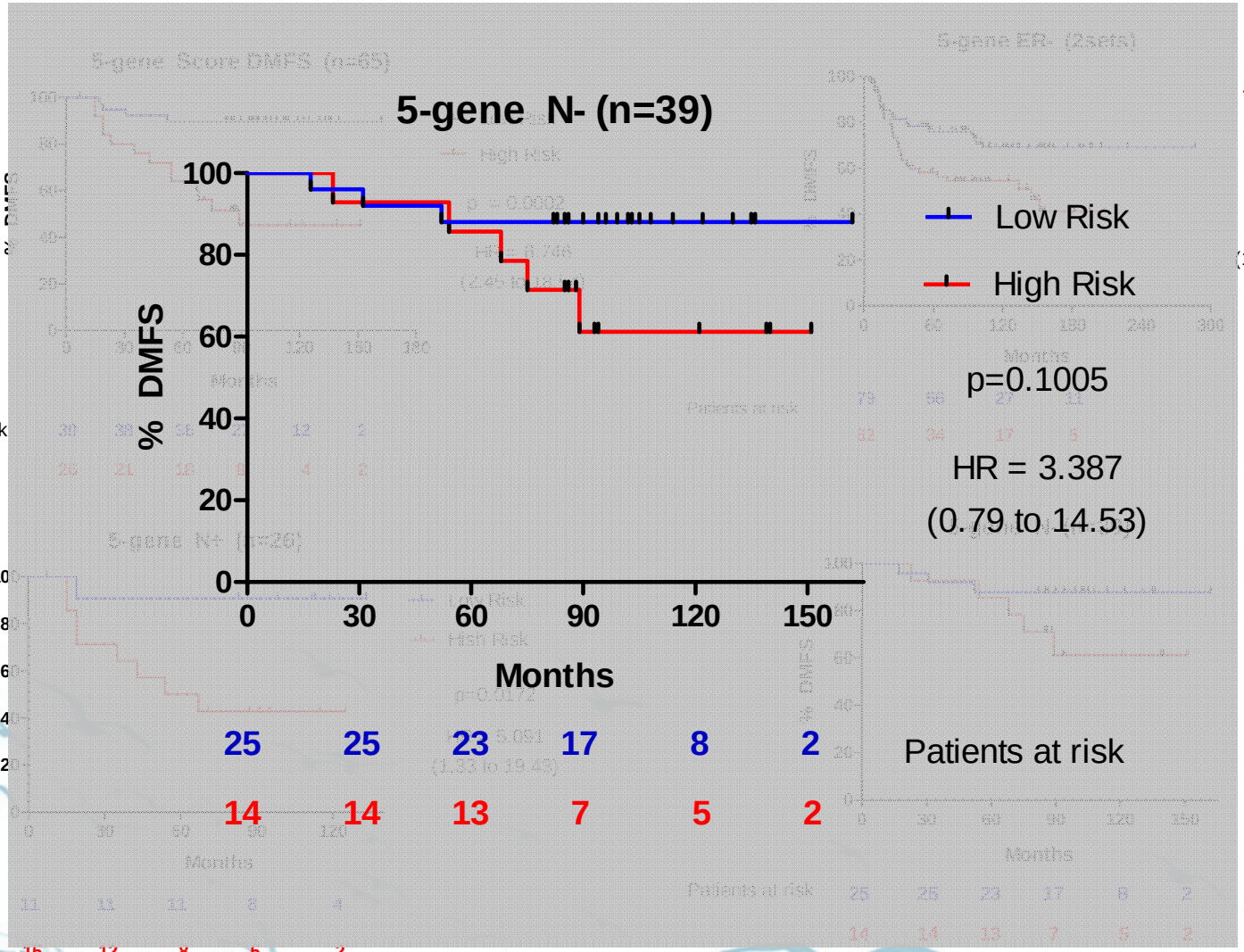
High Risk
Low Risk
p= 0.0143
HR=1.974
(1.146 to 3.402)

Low Risk
High Risk
p=0.1005
HR = 3.387
(0.79 to 14.53)

Patients at risk

Patients at risk
15 12 8 5 2

Resultados (2)



High Risk
Low Risk
p= 0.0143
HR=1.974
(1.146 to 3.402)

Patients at risk

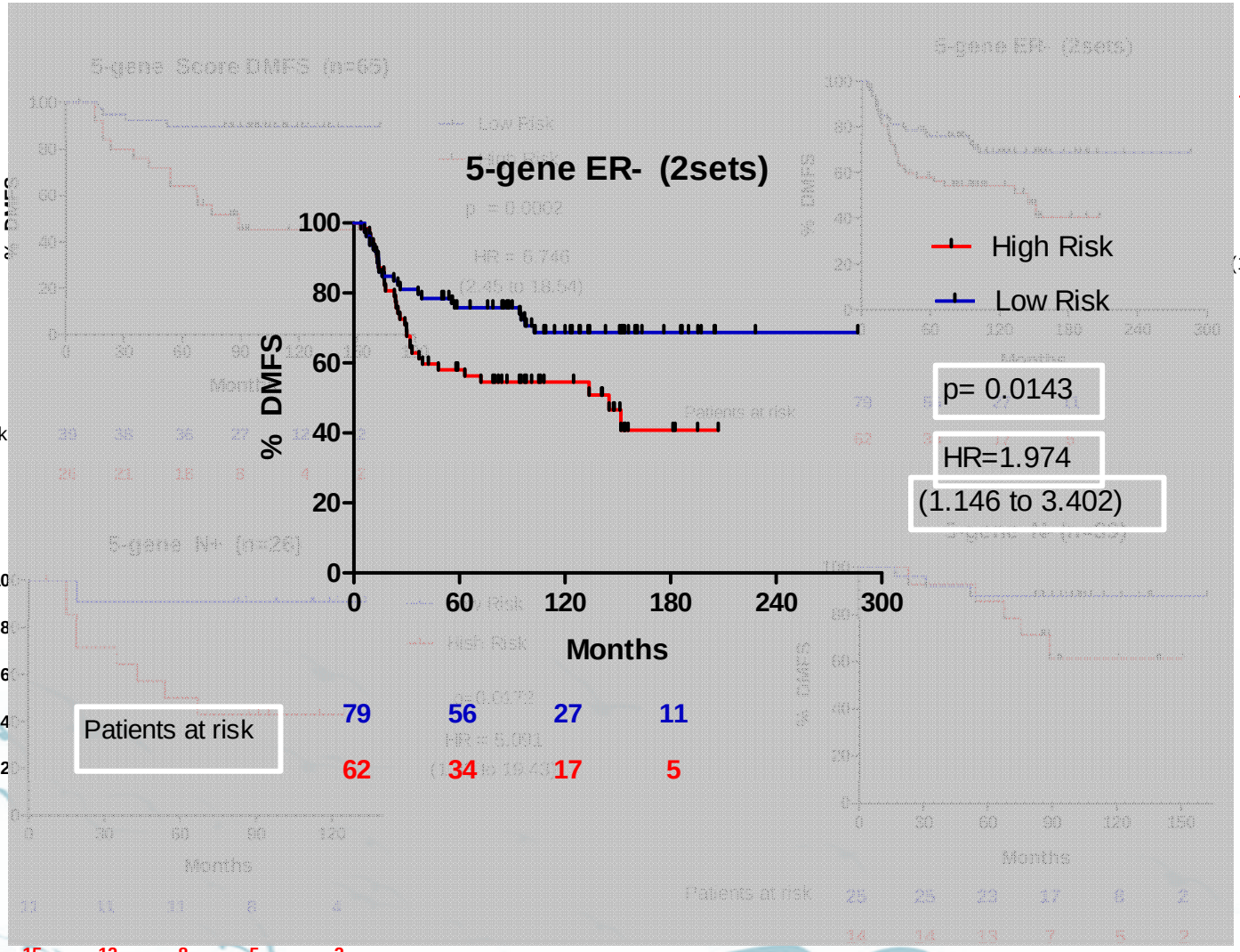
Patients at risk

Low Risk
High Risk
p=0.1005
HR = 3.387
(0.79 to 14.53)

Patients at risk

Málaga 2011 SEOM

Resultados (2)



Patients at risk

High Risk
Low Risk

p= 0.0143

HR=1.974
(1.146 to 3.402)

Patients at risk

Low Risk
High Risk

p=0.1005

HR = 3.387
(0.79 to 14.53)

Patients at risk

15 12 8 5 2

Discusión

- Puntos débiles
  - Tamaño de la muestra
  - No hay validación externa
  - No para **triple negativo**
- Puntos fuertes
  - Pocos genes
  - Técnica fiable, a partir de parafina
- Utilidad
  - Identificar a pacientes que no se curan con QT

Conclusiones

- Un perfil de 5 genes, determinado por RT-qPCR, puede identificar a las pacientes con cáncer de mama RH- que tienen una alta probabilidad de curarse con quimioterapia estándar.
- Son necesarios estudios de validación.

- Financiado por FIS 07/90274