Espressione genica predice metastasi in k mammella con linfonodi negativi

Data 27 marzo 2005
Categoria oncologia

Lo studio dell'espressione di alcuni geni in pazienti affette da carcinoma della mammella e linfonodi negativi può identificare quali pazienti svilupperanno metastasi entro 5 anni.

Sono stati analizzati con il metodo Affymetrix Human U133a GeneChips, 22000 trascritti da RNA proveniente da campioni di 286 pazienti affette da carcinoma mammario con linfonodi indenni non sottoposte a chemioterapia adiuvante.
E' stato identificato un pattern di espressività di 76 geni tra cui 60 per pazienti con recettori estrogenici positivi (ER) e 16 per pazienti ER-negativi. Questo profilo di espressività ha dimostrato una sensibilità del 93% ed una specificità del 48%. La valutazione del tipo di profilo genico espresso si è rivelata capace di identificare con precisione i soggetti che svilupperanno metastasi a distanza entro 5 anni (RR 5·55) : Il pattern è risultato predittivo sia nelle 84 pazienti premenopausali (9·60), sia nelle 87 in postmenopausa (4·04), ed anche nelle 79 pazienti con tumori di 10-20 mm (14·1) nelle quali predirre la prognosi è molto difficile.

Commento di Luca Puccetti
I risultati sono la conseguenza dell'applicazione della tecnica microarray che consente di valutare con rapidità l'espressione di un rilevante numero di geni (fino a 40.000 in un unico microarray) mediante una tecnica microbioelettronica.
Data l'alta sensibilità e la bassa specificità di questo metodo esso appare teoricamente in grado di identificare le pazienti che avranno una prognosi favorevole e che dunque potrebbero evitare trattamenti chemioterapici adiuvanti. Occorreranno ulteriori verifiche per validarlo e per valutare la sua reale applicabilità nella pratica clinica.

Fonte: Lancet 2005; 365: 671-79

© 2004 - 2026 Pillole - Registrazione T. di Roma n. 2/06 | stampato il 19/11/2026 alle ore 7:4 | Pagina 1 di 1