

METASTATİK MEME KANSERİNDE BİYOPSİ EŞDEĞERİ OLARAK DOLAŞAN TÜMÖR HÜCRE TRANSKRİPTOMİKLERİ

Ann Surg Oncol (2022) 29:2882–2894

<https://doi.org/10.1245/s10434-021-11135-2>

Giriş: Metastatik meme kanseri (MMK) ve makrometastazlara yol açan dolaşan tümör hücreleri (DTH), doğal olarak primer meme kanserinden farklıdır. Epitoptan bağımsız bir yaklaşımla elde edilen DTH'lerin tüm transkriptom RNA diziliminin makrometastaz biyopsileri için eşdeğer olarak bilgi verip vermeyeceğini değerlendirdik.

Metod: Yeni teşhis edilmiş 19 MMK hastasından taze metastatik tümör biyopsileri, DTH'ler ve periferik kan üzerinden RNA dizilimini değerlendirdik. DTH'ler hücre yüzeyi marker ekspresyonunun ön bilgisinden bağımsız olarak, hücreleri boyut ve deforme olabilirliğine dayalı olarak izole etmek için ANGLE Parsortix mikroakışkan sistemi kullanılarak toplandı.

Sonuçlar: Gen ekspresyonu, hastalar ve numune türleri arasındaki heterojeniteye rağmen DTH'leri, metastatik biyopsileri ve periferik kanı farklı gruplara ayırdı. DTH'leri, karşılık gelen metastazlar ve periferik kan ile karşılaştırıldığında daha yüksek immün onkolojik işaret ekspresyonu gösterdi. Prediktif biyomarker ekspresyonu (n=64) DTH'ler ve metastazlar için oldukça uyumluydu. Tedavi sonrası tekrar gözlem verileri, farklı biyolojik yolların aktivasyonunda değişiklikler gösterdi. Somatik tek nükleotid varyant analizi, zaman içinde artan mutasyonel karmaşıklık gösterdi.

Tartışma: DTH'lerinin RNA diziliminin meme kanseri makrometastazı için bir biyomarker olarak değerlendirilebileceğini, hastalık biyolojisi ve klinik olarak eyleme geçirilebilir hedefler hakkında içgörü sağlayabileceğini gösterdik.