

Utveckling och klinisk validering av algoritm för genexpressionsanalys vid bröstcancer

Subtypsklassifikation respektive Risk of Recurrence (ROR) enligt Single sample predictor (SSP)-modeller är baserade på genexpressionsdata från populationsbaserat inkluderade patienter inom forskningsprojektet SCAN-B under perioden 2010-2018.

Vid definitionen av ROR har respektive fall tilldelats en poäng mellan 0 och 100 vilka indelats i 20 kategorier med 5 poängenheters intervall mellan grupperna, 0-5, 6-10 etc. För fall med en tumör som är större än 20 mm justeras ROR från SSP-modell med +5 poäng. För körtelnegativa patienter görs riskkategorisering med ROR enligt följande indelning: ROR 0-40 låg risk, ROR 41-60 intermediär risk, och ROR 61-100 hög risk. Patienter med låg och intermediär risk enligt justerat ROR hamnar i slutlig riskkategori låg.

Det prognostiska värdet av SSP-modellerna avseende subtyp är validerat i en från träningskohorten skild uppföljningskohort från SCAN-B, inom vilka patienterna erhållit behandling i enlighet med gällande riktlinjer. Uppföljningskohorten består av 2 412 fall av populationsbaserad tidig bröstcancer med uppföljning avseende bröstcancerfritt intervall och skild från träningsmaterialet som SSP modellerna baserats på. Återfall i bröstcancer, kontralateral bröstcancer eller bröstcancerassocierad död har räknats som händelser, uppföljningstid (median) i uppföljningskohorten var 5,4 år.

Vid evaluering av det prognostiska värdet av ROR har en delmängd av uppföljningskohorten bestående av 773 fall av endokrint behandlad körtelnegativ, ER-negativ, HER2-negativ bröstcancer hos kvinnor 50 år och äldre med uppföljningstid (median) 5,6 år dikotomerats i två riskkategorier: låg/intermediär vs. hög, multivariat HR = 3,66 (95% CI = 1,83-7,33) korrigerad för ålder, tumörstorlek (mm) och histologisk grad.

2021-11-23