



SUMMARIES

HOT TOPICS

Associazioni tra biomarcatori proteici e caratteristiche patologiche avverse nei tumori della prostata mappati con la risonanza magnetica: Un'analisi ad interim

Wesley Chou et al.

Oregon Health & Science University Pacific Northwest National Laboratory, Richland, WA, USA

✔ Introduzione

- Sebbene la risonanza magnetica standard abbia mostrato benefici nell'aumentare l'individuazione di tumori della prostata clinicamente significativi, la sua capacità di rilevare lesioni di piccole dimensioni, punteggi Gleason bassi e determinate architetture tumorali è limitata.
- La proteomica può integrare l'imaging e migliorare la previsione degli esiti clinici. Si sono studiati le associazioni tra i tumori mappati con la risonanza magnetica e i livelli di proteine ottenuti da campioni di prostatectomia radicale (RP) e li abbiamo correlati alle caratteristiche patologiche avverse.

✔ Metodi

- Si tratta di un'analisi ad interim di una coorte pianificata di 124 soggetti. I pazienti sono stati sottoposti a risonanza magnetica preoperatoria di routine e a istopatologia su tutto il corpo dopo la RP, con analisi proteomiche eseguite su tessuti di tumori mappati dalla risonanza magnetica.
- Un pannello precedentemente dimostrato di migliorare la previsione di metastasi a distanza nei pazienti con RP comprendeva cinque proteine: TGFβ-1, SPARC, FOLH1 (PSMA), CAMKK2 e PSA tumorale. Le concentrazioni di proteine sono state trasformate in log.
- La regressione logistica ha valutato le associazioni delle proteine con le caratteristiche patologiche avverse, tra cui l'estensione extracapsulare (ECE), l'invasione della vescicola seminale (SVI), l'invasione linfonodale (LNI), il punteggio Gleason ≥8 e un composito di questi risultati.
- Le analisi multivariate sono state aggiustate per età del paziente, PSA, gruppo di grado Gleason e stadio T alla diagnosi.

✔ Risultati

- 61 pazienti disponevano di dati proteomici; l'età media alla diagnosi era di 64 anni e il PSA medio alla diagnosi di 10 ng/dL. L'ECE era presente nel 67%, lo SVI nel 20%, l'LNI nel 21% e il punteggio di Gleason ≥8 nel 26%; il 72% presentava almeno una caratteristica patologica avversa.
- All'analisi multivariata iniziale delle sole proteine, il TGFβ-1 correlava significativamente con LNI (odds ratio [OR] 24,4 [95% confidence interval (CI) 3,7-160,2], p = 0,0009) e con la patologia avversa composita (OR 3,1 [95% CI 1,0-9,3], p = 0,05).
- Anche dopo aver incluso le caratteristiche cliniche nel modello, il TGFβ-1 è rimasto significativamente correlato con l'LNI (Tabella). Nessuna delle altre proteine correlava significativamente con questi marcatori di patologia avversa.

✔ Conclusioni

- In questo studio, che ha valutato le associazioni proteiche con i tumori prostatici identificati con la risonanza magnetica, il TGFβ-1 è risultato fortemente predittivo di LNI.
- La segnalazione del TGFβ è stata associata sia alla soppressione che alla promozione del cancro alla prostata, a seconda del contesto. Ulteriori indagini valuteranno se la combinazione di proteine nel pannello è più predittiva di patologia avversa.

Regressione logistica multivariata che analizza l'associazione tra proteine e invasione linfonodale.

Protein	Odds ratio (95% CI)	p-value
TGFβ-1	235.0 (4.5-N/A)	0.007*
SPARC	1.4 (0.3-7.3)	0.7
FOLH1	0.8 (0.3-2.4)	0.7
CAMKK2	2.0 (0.7-5.8)	0.2
PSA	2.0 (0.7-5.6)	0.2

Protein concentrations were log transformed and models included patient age, PSA, Gleason Grade Group, and clinical T-stage at diagnosis.