

Cáncer de Pulmón de Células No Pequeñas



Análisis de rutina habituales

- Secuenciación de EGFR para terapias EGFR-TKI (erlotinib, gefitinib, afatinib y osimertinib)
- IHC o NGS o FISH para translocación de ALK (crizotinib)
- Expresión de PD-1 o PD-L1 (pembrolizumab)



¿Cómo tratar el Cáncer de Pulmón de Células No Pequeñas metastático?

- Quimioterapias (paclitaxel, docetaxel, pemetrexed, cisplatino, carboplatino, gemcitabina, ramucirumab, bevacizumab y etopósido)
- Terapias dirigidas o inmunoterapias (erlotinib, gefitinib, afatinib, osimertinib, crizotinib, nivolumab,

¿CÓMO ONCODNA PUEDE SER ÚTIL?

• Para tratamientos aprobados



ADN/ARN



EGFR - *prueba de mutaciones*

Para predecir la sensibilidad/resistencia a terapias EGFR-TKIs (erlotinib, gefitinib, afatinib y osimertinib).

ALK / ROS1 - *prueba de mutaciones + translocación*

Para predecir la sensibilidad/resistencia a las terapias anti-ALK (crizotinib y LGX318).

ERBB2 (HER2) - *prueba de mutaciones + variación del número de copias*

Para predecir la respuesta a las terapias anti-HER2 (trastuzumab y lapatinib)*.

cMET - *variación del número de copias*

Para predecir la respuesta a crizotinib y cabozantinib*.

JAK2/JAK3 - *prueba de mutaciones*

Para predecir la resistencia a inmunoterapias.

PROTEÍNAS



TUBB3 - *sobreexpresión*

Para predecir el mal pronóstico a terapias basadas en taxanox (docetaxel y paclitaxel).

RRM1 - *sobreexpresión*

Para predecir el mal pronóstico a gemcitabina.

TS - *sobreexpresión*

Para predecir la resistencia a terapias basadas en 5-FU (pemetrexed).

PROTEÍNAS + ADN



Carga tumoral - *prueba* + PD-L1 y CD8 - *sobreexpresión*

Para predecir el buen pronóstico de tratamientos anti-PDL1 / anti-PD1 (pembrolizumab, atezolizumab y nivolumab).



CDK4 / CDK6 / RB1 / CDKN2A - *prueba de mutaciones y variación del número de copias* + pRB1 - *expresión*

Para predecir el buen pronóstico de tratamientos anti-CDK4/6 (palbociclib y ribociclib)*.

* : Drogas aprobadas por la FDA para otras indicaciones.



**cMET - variación del número de copias**

Para predecir la respuesta a los inhibidores de cMET (tepotinib y flicatuzumab).

FGFR1 - prueba de mutaciones + variación del número de copias + translocación

Para predecir el buen pronóstico de tratamientos anti-FGFR1 (dovitinib) y la resistencia a terapias anti-estrógenos (22% de incidencia).

NTRK1/2/3 - translocación

Para predecir el buen pronóstico de tratamientos anti-NTRKx (entrectinib)

ERBB2/3/4 - prueba de mutaciones + variación del número de copias

Para predecir el buen pronóstico de terapias anti-ERBB2/3/4 (seribantimab).

RET - translocación

Para predecir el buen pronóstico de tratamientos anti-RET (ponatinib y vandetanib).

JAK2 - prueba de mutaciones

Para predecir el buen pronóstico a los inhibidores de JAK2 (pacritinib).

MAP2K1 & MAP2K2 - prueba de mutaciones

Para predecir el buen pronóstico a los inhibidores de MEK (MEK162).

PDGFRA & B - prueba de mutaciones

Para predecir el buen pronóstico a los inhibidores de PDGFRA/B (BAY1163877, TAS-120).

**TP53 - prueba de mutaciones + VEGFA - sobreexpresión**

Para predecir el buen pronóstico a tratamientos anti-VEGFR2 (fruquintinib, ramucirumab, anlotinib y tesevatinib).

¿POR QUÉ Y CUÁNDO SE PODRÍA HACER UNA BIOPSIA LÍQUIDA PERSONALIZADA?



OncoTRACE™



• Neoadyuvante

La evaluación de la respuesta a terapias antitumorales para tumores sólidos se basa en la monitorización del tamaño de las lesiones y se debe medir con precisión en al menos una dimensión (el mayor diámetro plano debe ser registrado) (criterios RECIST).

SEGÚN LAS DIRECTRICES DE LA NCCN :

- ✗ La evaluación temprana después del inicio del tratamiento es difícil porque la reducción tumoral sólo puede detectarse después de varios ciclos terapéuticos.
- ✗ La respuesta no es evaluable cuando la enfermedad no es mensurable (efusión líquida, seguimiento posterior a la resección completa del tumor, ...).

NUESTROS ESTUDIOS:

- ✓ El ADN tumoral circulante se puede utilizar como una herramienta no invasiva para monitorizar la evolución de la enfermedad durante el tratamiento. ¿Pero cuáles y cuántas mutaciones hay que seguir?
- ✓ Desarrollamos una herramienta personalizada que analiza las variantes identificadas a partir de la secuenciación del tumor junto con las variantes asociadas con una alta incidencia en Cáncer de Pulmón de Células No Pequeñas y que podrían ser útiles para otros tratamientos.



• Adyuvante/Sistémico



2 semanas antes de la consulta programada con el paciente.

