

RESULTADO FINAL – Exame de classificação molecular de nódulo de tireoide indeterminado

Paciente: (Nome completo neste campo)

CPF: 000.000.000-01

Data de nascimento: 01/01/1901

Médico solicitante: Dr(a) (Nome do Médico Solicitante)

CRM: 00000-01

Estado: XX

Resultado enviado para:

Paciente

Médico Solicitante

Laboratório Parceiro

AMOSTRA RECEBIDA



Classificação do nódulo:

Bethesda III

Bethesda IV

Bethesda V

*Conforme documentos
enviados pelo paciente*

Data do recebimento: 04/02/2020

Código/ID do nódulo analisado: N1-0000-LD

Comentários Adicionais

Nada a adicionar

RESULTADO FINAL

O perfil de expressão de microRNAs¹ e do *status* das mutações do gene *BRAF* (V600E) e no promotor do gene *TERT* (C228T e C250T) da amostra enviada foram classificados pelo nosso algoritmo que avaliou o comportamento molecular para malignidade como potencialmente:

NEGATIVO

POSITIVO

Risco de malignidade:

4%

Resultados detalhados:

Perfil de microRNAs negativo positivo

BRAF V600E negativo positivo

Carcinoma Medular negativo positivo

pTERT C228T negativo positivo

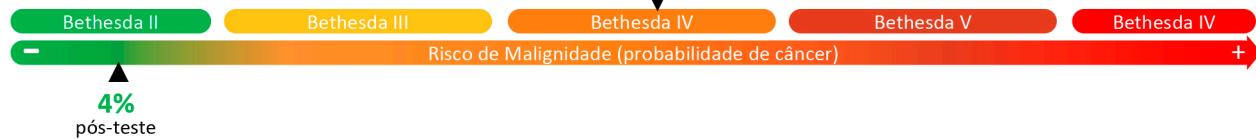
Expressão miR-146b baixa alta

pTERT C250T negativo positivo

Riscos de malignidade pré²- e pós-teste:

pré-teste

25-40%



NOTAS TÉCNICAS

Nota 1: Exame desenvolvido e validado internamente (in-house).

Nota 2. O valor preditivo negativo deste exame, observado no estudo clínico de validação¹, é de 96%, ou seja, o risco de malignidade de nódulos com resultado "negativo" é de 4%.

Nota 3: Os controles de qualidade, pré-teste e pós teste foram considerados de acordo com os parâmetros esperados e aprovados.

Nota 4: No caso da avaliação do status das mutações *BRAF* V600E e *pTERT* C228T/C250T resultados negativos significam ausência de alelos mutantes ou, embora improvável, porém possível, presença abaixo do limite de detecção. Os limites de detecção validados são, respectivamente, 10 e 100 cópias de alelos mutantes.

COMENTÁRIO ADICIONAIS

BRAF V600E isoladamente

Esta mutação quando de forma isolada é associada a uma alta probabilidade (>98%)³ de Carcinoma Papilífero da tireoide. O risco de recorrência é classificado pela ATA⁴ como intermediário para tumores >1cm e baixa para tumores <1cm. Embora alguns estudos sugiram que esta mutação seja preditora de agressividade e pior prognóstico clínico⁵, não há ainda um consenso na literatura sobre seu real poder prognóstico (de forma isolada).^{4,6} Recentemente observou-se que pacientes acima de 55 anos com esta mutação tiveram uma sobrevida livre de recorrência significativamente menor.⁷ Embora a indicação ainda não tenha sido aprovada pela ANVISA, a agência sanitária americana (FDA) já aprovou⁸ o uso de Vermurafenibe para pacientes com esta mutação e refratários ao radioiodoterapia e o Dabrafenibe para pacientes com esta mutação e Carcinoma Papilífero metastático.

pTERT C228T ou C250T isoladamente

Esta mutação quando de forma isolada é associada a uma alta probabilidade (>88%) de Carcinoma Papilífero ou Folicular da tireoide e preditora de comportamento tumoral mais agressivo e de pior prognóstico, incluindo risco aumentado de recorrência/persistência, metástase linfonodal, extensão extratireoideana, invasão de cápsula, tamanho tumoral, metástase à distância e maior estadiamentos TNM.⁹

BRAF V600E em associação com pTERT C228T ou C250T

A coexistência destas mutações é associada a uma alta probabilidade (>99%) de Carcinoma Papilífero da tireoide. O risco de recorrência é classificado pela ATA⁴ como alto. Tal associação é preditora de comportamento tumoral mais agressivo e de pior prognóstico (especialmente com pTERT C228T), incluindo risco aumentado de recorrência/persistência, metástase linfonodal, extensão extratireoideana, invasão de cápsula, tamanho tumoral, metástase à distância e maior estadiamentos TNM e pior resposta à terapia.^{5,9,10}

miR-146b superexpresso

A superexpressão deste microRNA é associada a uma alta probabilidade (>92%) de Carcinoma Papilífero da tireoide. A elevada expressão deste microRNA demonstrou impacto na sobrevida livre de doença¹¹ e um risco de metástase linfonodal central aumentado.¹²

SOBRE O EXAME

O exame de classificação molecular de nódulo de tireoide indeterminado é indicado apenas para pacientes com nódulos de tireoide indeterminados, ou seja, que na análise citiológica da(s) lâmina(s) de PAAF tiveram classificação no Sistema de Bethesda categorias III ou IV e, em casos selecionados, V. O exame faz a análise do status mutacional do gene BRAF V600E e da região promotora do gene TERT C228T e C250T, marcadores de utilidade clínica diagnóstica e prognóstica. O exame analisa também um perfil de expressão de microRNAs e, através de um algoritmo proprietário, auxilia de forma acurada na classificação de nódulos de tireoide indeterminados avaliando o comportamento molecular da amostra para malignidade em “positivo” ou “negativo”. A performance do exame foi calculada com base em um estudo de validação¹ que comparou os resultados obtidos pelo miR-THYper® utilizando o material genético extraído de amostras de lâminas de citologia de PAAF de pacientes com nódulos de tireoide indeterminados, com os resultado do exame histológico pós-cirúrgico dos mesmos nódulos (pelo consenso de pelo menos dois citopatologistas independentes). O algoritmo de classificação não foi treinado com amostras de nódulos de tireoide com classificação de Bethesda I, II ou VI ou de outros tipos de tumores e amostras biológicas. O exame também faz a análise isolada da expressão dos microRNAs miR-146b (biomarcador preditor de comportamento potencialmente mais agressivo em carcinoma papilífero^{11,12}) e miR-375 (biomarcador de carcinoma medular de tireoide¹³). Os resultados obtidos com o uso deste exame devem ser interpretados em conjunto e no contexto com outros achados diagnósticos e clínicos para decisão sobre a conduta médica/clínica a ser seguida, especialmente sobre a necessidade ou não de qualquer procedimento cirúrgico, incluindo a extensão cirúrgica e a remoção total ou parcial da glândula tireoide. Os resultados obtidos com o uso deste exame são relevantes apenas para o nódulo que foi analisado.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- | | |
|--|---|
| 1. Santos MT <i>et al.</i> , 2018 <i>Thyroid</i> 28(12) 1618-1626 | >>Link de Acesso << |
| 2. Cibas ES & Ali SZ 2017 <i>Thyroid</i> 27:1341-1346 | >>Link de Acesso << |
| 3. Goldner WS, <i>et al.</i> , 2019 <i>Thyroid</i> 29(11) | >>Link de Acesso << |
| 4. Haugen BR, <i>et al.</i> , 2016 <i>Thyroid</i> 26: 1–133 | >>Link de Acesso << |
| 5. Zhao SS, <i>et al.</i> , 2019 <i>Int J Clin Exp Med</i> 12(3) 2121-2131 | >>Link de Acesso << |
| 6. Scheffel RS & Maia AL 2019 <i>Arq Bras Endocrinol Metab</i> 63(2):95-96 | >>Link de Acesso << |
| 7. Gan X, <i>et al.</i> , 2020 <i>Oncol Lett</i> 19(1):631-640 | >>Link de Acesso << |
| 8. Crispo F, <i>et al.</i> , 2019 <i>Cancers (Basel)</i> 11(9):1388 | >>Link de Acesso << |
| 9. Trybek T, <i>et al.</i> , 2019 <i>Endocrinology</i> 160(10):2328-2338 | >>Link de Acesso << |
| 10. Xing M, <i>et al.</i> , 2014, <i>J Clin Oncology</i> 32(25):2718-2716 | >>Link de Acesso << |
| 11. Chou CK, <i>et al.</i> , 2013 <i>J Clin Endocrinol Metab</i> . 98(2):E196-205 | >>Link de Acesso << |
| 12. Han PA, <i>et al.</i> , 2016 <i>Thyroid</i> 26(4): 531-542 | >>Link de Acesso << |
| 13. Santos MT, <i>et al.</i> , 2018 <i>Arch Endocrinol Metab</i> 62(Sup1) Abst 65854 | >>Link de Acesso << |

Responsável Técnico

Material Utilizado:
 Lâminas de Esfregaço de PAAF

Resultado liberado em