

Gene expression based risk classification in multiple myeloma

1. Risico classificatie op basis van SKY92 + ISS heeft een ten minste gelijkwaardige voorspellende waarde ten opzichte van conventionele methoden. (Dit proefschrift)
2. Nieuw ontdekte classifiers en biomarkers, beschreven in de wetenschappelijke literatuur werken vaak niet op nieuwe data. (o.a. dit proefschrift)
3. Multipel myeloom cellen hebben een wisselwerking met het stroma. Prognostiek en predictie zouden mogelijk verbeterd kunnen worden door ook deze cellen te analyseren. (Chan et al. 2016, Blood)
4. Door de klonale evolutie van multipel myeloom cellen kan de ziekte agressiever van aard worden. Hierdoor hebben herhaalde prognostische testen bij recidief mogelijk toegevoegde waarde. (Seckinger et al 2018, Front. Immunol.)
5. Grootschalig, gestandaardiseerd meten van genexpressie in de klinische praktijk zal een waardevolle bron voor betere behandelbeslissingen kunnen gaan vormen in de nabije toekomst. (Jagadish et al. 2014 Commun. ACM)
6. Onafhankelijke klinische en analytische validatie van eerdere bevindingen zou een belangrijkere status moeten krijgen binnen de wetenschappelijke literatuur.
7. Microarrays zijn klinisch toepasbaar als laboratorium test op cellen uit beenmerg van multipel myeloom patiënten.
8. BCL2 expressie ten opzichte van overige anti-apoptose genen is waarschijnlijk een nauwkeuriger biomarker voor effectiviteit van behandeling met Venetoclax dan de veel genoemde t(11;14) translocatie. (Kumar et al. 2017, Blood)
9. Naast MRD status is ook de compositie van de residuele kloon van prognostisch belang (Jongen-Lavrencic et al 2018 NEJM)
10. Everything should be made as simple as possible, but not simpler. (A. Einstein)
11. Prediction is very difficult, especially about the future. (Attributed to Niels Bohr)