



Präzisionsmedizin erhöht die Erfolgsaussichten

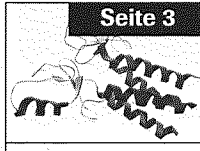
Für die Präzisionsmedizin ist es notwendig, das genetische Profil des Tumors jedes Patienten zu identifizieren. In der Onkologie ist die molekulare Tumoranalyse auf dem Weg, sich als fester Bestandteil der Diagnostik zu etablieren. Das molekulare Profiling erfolgt aus Gewebe oder alternativ aus zellfreien zirkulierenden DNA (ctDNA)-Fragmenten im Plasma, die mittels Liquid Biopsy gewonnen werden. Die Grundvoraussetzung zur Identifikation von genetischen Aberrationen ist ein hochsensitives Nachweisverfahren. Umfassende Testungen des Tumorgenoms mittels Next Generation Sequencing (NGS) ermöglichen es, ein genaues molekulares Profil von Tumoren inklusive genomischen Signaturen, wie z. B. Mikrosatelliteninstabilität und Tumormutationslast zu erstellen.

Detektierte genetische Veränderungen können als prädiktive Marker eingesetzt werden, um die Wahrscheinlichkeit eines Therapieansprechens vorherzusagen. Die Identifikation von Treibermutationen ermöglicht es, bei Patienten, für die es keine Standardtherapien gibt, individualisierte molekulargesteuerte Therapieansätze einzusetzen oder eine geeignete klinische Studie für sie zu finden. Beispielsweise in der Gynäkoonkologie sind solche prädiktiven Marker bekannt. So haben inzwischen unter anderem der Biomarker PD-L1 (Programmed Death-Ligand 1) beim triple-negativen Brustkrebs und BRCA (BRCA1/2) sowie PIK3CA (Phosphatidylinositol-4,5-bisphosphate 3-Kinase Catalytic subunit Alpha)-Mutationen beim HER2 (Human Epidermal growth factor Receptor 2)-negativen Mammakarzinom eine große Bedeutung für zielgerichtet wirkende Therapieansätze.

Zusätzlich wird die fortschreitende Digitalisierung zu einer immer höheren Integration krankheitsrelevanter Daten, nicht nur aus dem Bereich molekularpathologischer Diagnostik, sondern auch aus anderen Analysen und dem Verlauf der Behandlung selbst führen. Daraus können neue Therapieansätze entwickelt, Behandlungsalgorithmen präzisiert und verfeinert werden. Dies kann in noch individuelleren Behandlungsplänen für Patienten resultieren.

R. Würstlein

PD Dr. Rachel Würstlein,
Brustzentrum und CCC München, LMU Klinik und Poliklinik für
Frauenheilkunde, Universitätsklinikum München



Seite 3

Wie Digitalisierung und molekulares Profiling die Therapie von Krebspatienten transformieren • Eine

© Evan Oto | Science Photo Library

Säule personalisierter Therapiepläne, um dem Patienten die bestmögliche Versorgung anzubieten, ist die Kenntnis über molekulare Veränderungen des Tumorgenoms. Neben der gewebebasierten Testung kann in selektiven Fällen auch eine Liquid-Biopsy personalisierte Therapieentscheidungen unterstützen. Verschiedene medizinische Experten können die oft komplexen DNA-Tumorprofile hinsichtlich ihrer klinischen Relevanz für den weiteren Behandlungserfolg einordnen. Ergänzend zu den präzisen molekular-diagnostischen Daten werden auch Informationen aus anderen Quellen digital erfasst und fließen in Datenbanken ein, um daraus Erkenntnisse für die personalisierte Versorgung abzuleiten.

Seite 6–8

Prädiktive Biomarker
• Überblick

Seite 9

HER2-positives Mammakarzinom
• Internationale Literatur

Seite 10

ES-SCLC
• Überblick

Seite 11

Urothelkarzinom
• Kongressbericht

Seite 12–13

TECLA Nurse Akademie
• Interview

Seite 14–15

ALK+ Lungenkrebs
• Überblick

Seite 16

DLBCL
• Interview

Seite 21

ASCO 2020 Virtuell
• Kongressbericht

Seite 24

“excellence in oncology”
• Aktuelles

Titelmontage
(Schaltkreise: © Mehau Kulyk; Krebszelle: © Eye of Science | Science Photo Library)

