

Inhalt

► Schwerpunkt: Gynäkologische Onkologie	Seite
► Mammakarzinom	
<i>Metastasierter Brustkrebs und Mutationen in homologen rekombinationsbezogenen Genen Phase-II-Studie mit Olaparib bestätigt wirksame Behandlung</i>	4
<i>Oncotype DX, Prosigna, EndoPredict und Brustkrebsindex</i> Unterschiede der prognostischen Testleistungen durch Zusammenhänge erklärbar ..	4
<i>Chemotherapie gegen Brustkrebs im Frühstadium bei älteren Patientinnen</i> Instrument zur Vorhersage schwerer Toxizität entwickelt und validiert.....	4
<i>Prognose und Vorhersage des Chemotherapienutzens bei Brustkrebs im Frühstadium</i> Integration von klinisch-pathologischem und genomischem Risiko besser.....	6
<i>Assoziationsanalyse bei mehr als 113.000 Frauen</i> Brustkrebsrisikogene für Aufnahme in Panels definiert	6
<i>Bevölkerungsbasierte Studie zu pathogenen Brustkrebsgenvarianten</i> Prävalenz und Risiko für Brustkrebsveranlagung geschätzt.....	6
► Ovarialkarzinom	
<i>Bestimmung der Inzidenz von Eierstockkrebs</i> Ultraschalluntersuchung möglicherweise nicht als Erstlinientest geeignet.....	7
<i>Untersuchung einer amerikanischen Stichprobe von Frauen mit Eierstockkrebs</i> Überengagierte Versorgung am Lebensende bleibt und ist abhängig von Ethnie.....	7
<i>Langzeitüberlebende von Eierstockkrebs</i> 7,6 Prozent entwickeln sekundäre Malignome	8
► Zervix- und Endometriumkarzinom	
<i>Rezidivierender Gebärmutterhals- und Gebärmutterkrebs</i> Laparoskopische Beurteilung verbessert Fallauswahl für exenterative Operationen .	5
► Fertilitätsprotektion	
<i>Gebärmutterhalstumore von über 2 cm Größe</i> Erhaltung der Fruchtbarkeit möglich.....	3
<i>Onkologische und Geburtsergebnisse nach einfacher Konisation</i> Möglichkeit bei Gebärmutterhalskrebs im Stadium IB1 gegeben	7
<i>Fruchtbarkeitsschonende Behandlung von Gebärmutterhalskrebs im Frühstadium</i> Konisation und Lymphknotenbewertung sind sicher und praktikabel.....	8
<i>Fruchtbarkeitserhaltung bei gynäkologischen Krebserkrankungen</i> Uterustransposition bei ausgewählten Patientinnen als Option.....	8
► Forschung, Hochschule & Verbände.....	9
► Industrie.....	10

Liebe Kolleginnen und Kollegen,

Corona hat uns weiter im Griff, aber gerade für unsere onkologischen Patientinnen müssen wir nach kreativen und flexiblen Lösungen suchen. Deshalb wird auch im 2. Jahr der Pandemie intensiv und in großem Stil zu onkologischen Themen geforscht.

In einer Untersuchung von 34 Genen, die mit einem erhöhten Brustkrebsrisiko assoziiert sein können, wurde vom Breast Cancer Association Consortium bei mehr als 113.000 Frauen nachgewiesen, dass der stärkste Zusammenhang mit dem Auftreten von Mammakarzinomen für proteinverkürzende Varianten bei *ATM*, *BRCA1*, *BRCA2*, *CHEK2* und *PALB2* vorlag (S. 6). Proteinverkürzende Varianten bei *BARD1*, *RAD51C*, *RAD51D* und *TP53* waren mit einer geringgradigen Risikoerhöhung assoziiert. Bei der umfangreichen Untersuchung waren einzelne Gene (*ATM*, *CHEK2*) eher mit HR⁺, andere Gene (*BARD1*, *BRCA1*, *BRCA2*, *PALB2*, *RAD51C*, *RAD51D*) eher mit HR⁻ Mammakarzinomen assoziiert. Diese Ergebnisse definieren die Gene, die in Genpanels zur Vorhersage des Brustkrebsrisikos eingesetzt werden sollten und die genetische Beratung erleichtern können.

In einer ebenfalls im „New England Journal of Medicine“ publizierten Fall-Kontroll-Studie untersuchten Hu et al. die Assoziation zwischen pathogenen Varianten in 28 Genen und Brustkrebsrisiko (S. 6). Die Autoren wiesen bei der Analyse von 12 Genen, die mit dem Brustkrebsrisiko assoziiert sein können, pathogene Varianten in 5,03% bei Mammakarzinompatientinnen und in 1,63% bei der Kontrollgruppe nach. Die stärkste Risikoerhöhung fand sich für pathogene Varianten bei *BRCA1* (OR 7,62) gefolgt von *BRCA2* (OR 5,23) und *PALB2* (OR 3,83). *BARD1*, *RAD51C* und *RAD51D* waren mit einem höheren Risiko für HR⁻, *ATM*, *CDH1* und *CHEK2* mit einem erhöhten Risiko für HR⁺ Mammakarzinome assoziiert. Diese Ergebnisse können die genetische Beratung und das Management von Frauen mit diesen pathogenen Varianten verbessern.

In diesem Kontext spielt die Therapie der oben angesprochenen Defekte in der DNA-Reparatur beim Mammakarzinom eine zunehmend wichtigere Rolle. Tung et al. konnten zeigen, dass der Poly-(ADP-ribose)-Polymerase-(PARP)-Inhibitor (PARPi) Olaparib bei fortgeschrittenen Mammakarzinomen nicht nur bei *BRCA1/2*-Mutationen in der Keimbahn sondern auch bei somatischen *BRCA1/2*-Mutationen und bei Keimbahnmutationen in anderen DNA-Reparaturgenen wie zu Beispiel *PALB2* therapeutisch effektiv ist (S. 4). Diese

Herausgeberin
Annette
Hasenburg

Herausgeber
Marcus
Schmidt

Herausgeberin
Roxana
Schwab

Ergebnisse sprechen für einen Einsatz von Olaparib auch bei somatischen *BRCA1/2*-Mutationen und *PALB2* Keimbahnmutationen.

Genexpressionssignaturen haben beim frühen HR⁺ und HER2⁻ Mammakarzinom prognostische Bedeutung. Im Rahmen der TransATAC – Studie zeigten Buus und Mitarbeiter, dass Unterschiede der untersuchten Genexpressionssignaturen (Oncotype DX®, Prosigna®, EndoPredict®, Breast Cancer Index®) bezüglich biologischer Motive (Proliferations-Modul, Östrogen-Modul) bestehen (S. 4).

Oncotype DX® hatte eine starke inverse Korrelation mit dem Östrogen-Modul, während die anderen 3 Genexpressionssignaturen deutlich stärker mit dem Proliferations-Modul korrelierten. Diese Zusammenhänge können Unterschiede zwischen den einzelnen Genexpressionssignaturen erklären.

Sparano und Mitarbeiter entwickelten einen Algorithmus zur Risikoabschätzung beim nodal-negativen HER⁺ und HER2⁻ frühen Mammakarzinom, in dem neben genomischen Informationen (Recurrence Score) auch klinische Informationen (Alter, histologischer Differenzierungsgrad und Tumorgroße) berücksichtigt wurden (RSclin) (S. 6). RSclin führte zu einer individualisierten Risikoabschätzung verglichen mit genomischen und klinischen Faktoren alleine.

Bei älteren (Alter ≥65) Patientinnen mit einem frühen Mammakarzinom, die mit einer Chemotherapie behandelt wurden, ist die Abschätzung möglicher

Fortsetzung auf Seite 3