

17. Mai 2018

ESMO fordert Bewertungssystem für Relevanz von Genmutationen bei Krebs

Die Europäische Gesellschaft für medizinische Onkologie (ESMO) begrüßt die jüngsten Berichte von The Cancer Genome Atlas (TCGA) als wichtige Informationsquelle für Wissenschaftler aus aller Welt und ruft zu verstärktem globalen Engagement auf, um diese Bemühungen in medizinischen Fortschritt zum Nutzen von Krebspatienten umzusetzen. Die TCGA-Kollaboration führte Genom-Analysen durch, rief den Pan-Cancer Atlas zu mehr als 10.000 Tumoren von 33 Krebsarten ins Leben und publizierte 29 Paper (1).

„Die Studien heben genomische Alterationen in Krebsgeweben hervor, aber auch wenn es verlockend ist zu glauben, dass alle wichtig sind, kommt es manchmal vor, dass ein Medikament, das zur Mutation passt, den Patienten nicht nützt“, sagte Prof. Fabrice André, Gustave Roussy-Institut, Villejuif, Frankreich.

„Groß angelegte klinische Studien sind nun notwendig, um zu ermitteln, welche Alterationen behandelt werden können und darum aus medizinischer Sicht relevant sind“, ergänzte er. „Krebsgenetiker haben eine fantastische Arbeit geleistet, Mutationen zu identifizieren; Onkologen und die weitergefasste onkologische Gemeinschaft müssen nun die Führung übernehmen und herausfinden, welche Mutationen gezielt angegangen werden können, um Patienten zu behandeln.“

André meinte, dass genomische Alterationen nun danach eingeteilt werden sollten, ob sie behandelt werden können oder nicht. „Dadurch wird verhindert, dass es zur Verwechslung kommt zwischen Alterationen, die angegangen werden können, und solchen, die medizinisch nicht relevant sind und keinen Nutzen für die Patienten bringen. Die ESMO arbeitet zur Zeit ein einheitliches Bewertungssystem aus, das Onkologen helfen soll, die Daten zu interpretieren und die Folgen den Patienten zu erklären.“

Die Forschung der TCGA bestätigt, dass einige genomische Alterationen bei verschiedenen Tumorarten vorkommen und deutet darauf hin, dass die Krebsarten anhand dieser Alterationen klassifiziert werden sollten, anstatt nach dem Ursprungsgewebe. Beispielsweise haben verschiedene Tumortypen einige Mutationsprozesse gemein und könnten eine Untergruppe von Patienten definieren, die für eine zielgerichtete Therapie oder Immuntherapie geeignet sind. „Wie bereits berichtet wurde, könnte es bei seltenen Krebserkrankungen, die genomische Alterationen teilen, an der Zeit sein, nach einer pan-Cancer Medikamenten-Registrierung zu suchen“, so André (2,3). „Für andere Krebsarten ist es allerdings noch zu früh, diesen Ansatz anzuwenden. Wir wissen, dass die Behandlung einer bestimmten Mutation Patienten mit einigen Krebsarten nützt, aber auf andere Krebserkrankungen keinen Einfluss hat.“

„Das TCGA-Projekt war eine enorme Investition, die die Krebsgenomik beleuchtet hat. Jetzt ist es an der Zeit, diese Forschungsergebnisse in medizinischen Fortschritt umzusetzen, und um das zu erreichen, ist ein ähnliches Investment für die klinische Forschung nötig.“

(übers. von um)

Quelle: ESMO

Literatur:

(1) Pan-Cancer Atlas <https://www.cell.com/pb-assets/consortium/pancanceratlas/pancani3/index.html>

(2) Driilon A, Laetsch TW, Kummar S et al. Efficacy of Larotrectinib in TRK Fusion-Positive Cancers in Adults and Children. *N Engl J Med.* 2018;378(8):731-739. doi:[10.1056/NEJMoa1714448](https://doi.org/10.1056/NEJMoa1714448).

(3) André F. Developing Anticancer Drugs in Orphan Molecular Entities - A Paradigm under Construction. *N Engl J Med* 2018;378(8):763-765. doi:[10.1056/NEJMe1716821](https://doi.org/10.1056/NEJMe1716821).