

Symposium „Molekulare Diagnostik beim Mammakarzinom - Wo stehen wir auf dem Weg zur molekular stratifizierten Therapie?“ – Factum 2021

Molekulares Management des Mammakarzinoms: testen, analysieren, besprechen

München/Heidelberg, 26. November 2021. Wie kann sichergestellt werden, dass Fortschritte in der Diagnostik und zielgerichteten Behandlung von Krebserkrankungen in die Patientenversorgung des Mammakarzinoms einfließen? Das war eine der zentralen Diskussionsfragen im Rahmen des Symposiums „Molekulare Diagnostik beim Mammakarzinom – Wo stehen wir auf dem Weg zur molekular stratifizierten Therapie?“ auf der Factum 2021. In seinen Ausführungen hob Referent Prof. Dr. med. Christian Jackisch, Chefarzt der Gynäkologie am Sana Klinikum Offenbach, die aus seiner Sicht drei maßgeblichen Faktoren hervor: den möglichst frühen Einsatz einer molekulargenetischen Testung, die standardisierte Interpretation mittels Softwareunterstützung und die interdisziplinäre Besprechung der Ergebnisse im molekularen Tumorboard.

„Eine frühzeitige Analyse des genetischen Tumorprofils von Brustkrebspatientinnen ist eine zentrale Voraussetzung, um Therapieentscheidungen auf der Grundlage umfassender Informationen über die individuelle Tumorbilologie treffen zu können: Sie kann die Auswahl individuell geeigneter Therapien ermöglichen, die zielgerichtet gegen spezifische molekulare Veränderungen des Tumors eingesetzt werden können. Sind Standardtherapien nicht wirksam, und wird dann die molekulare Diagnostik erst spät veranlasst, fallen viele Behandlungsoptionen, u.a. aufgrund der initial unspezifischen Behandlungsstrategie, bereits weg“, führte Prof. Jackisch in das Symposium zur molekularen Diagnostik beim Mammakarzinom von Molecular Health ein.

Daher sei es wichtig, Behandlungsstrategien in der interdisziplinären Tumorkonferenz zu diskutieren und erforderliche molekulare Analysen nach Möglichkeit frühzeitig zu veranlassen. Diese werden zunehmend mit komplexen Methoden wie dem Next Generation Sequencing durchgeführt, mit dessen Hilfe viele Genveränderungen gleichzeitig erkannt werden können. Damit die Ergebnisse in die Therapieplanung eingebezogen werden können, müssen diese zuvor interpretiert werden. „Dazu müssen zunächst Unmengen an molekularen Daten der gefundenen genetischen Veränderungen analysiert und bewertet werden. Die vorliegenden Genmutationen müssen von der Pathologie so eingeordnet werden, dass die behandelnden Ärzte diese für die nächsten Schritte der Therapieplanung nutzen können“, erklärte Prof. Jackisch.

Die Bewertung der Bedeutung der Genveränderungen für das Krebsgeschehen und die Suche nach möglichen Therapieansätzen nimmt in der Pathologie viel Zeit in Anspruch. Intelligente Softwarelösungen, wie z.B. die Interpretationshilfe MH Guide von Molecular Health, können den Pathologien bei der Analyse und Bewertung genetischer Varianten unterstützen. Die browserbasierte Software MH Guide ist flexibel in Laborprozesse integrierbar und analysiert zunächst automatisiert die Next Generation Sequencing-Daten einer Patientin unabhängig von der verwendeten Sequenzierertechnologie. Die digitale Plattform ordnet diese basierend auf kuratierten, weltweit verfügbaren biomedizinischen Daten, Publikationen und Leitlinien mithilfe künstlicher Intelligenz und maschinellem Lernen ein und nutzt dafür die proprietäre Datenbank Dataome. Diese Daten werden von einem Spezialisten-Team im Nachgang kuratiert. Die Ergebnisse werden in einem interaktiven digitalen Report zusammengefasst, der in den Pathologiebefund einfließt und für die Diskussion in speziellen molekularen Tumorboards mit Experten aus den Bereichen der Onkologie, (Molekular-)Pathologie und Molekularbiologie geteilt und diskutiert werden kann. Der Report liefert Informationen über potentiell wirksame und nicht wirksame Therapieoptionen, Sicherheitsrisiken und klinische Studien. Diese konkreten Hinweise können für die Therapiewahl hilfreich sein:

„Für die onkologische Behandlung des Mammakarzinoms sind vor allem die evidenzbasierten Informationen zu möglichen Therapeutika wertvoll. So bietet MH Guide durch den Report eine Übersicht, welches Mittel in welcher klinischen Phase für den oder die PatientIn einsetzbar sein könnte. Dies erspart den Betroffenen unnötige Therapien“, betonte Prof. Jackisch. „Einen besonderen Vorteil sehe ich in der Suchfunktion klinischer Studien: Wenn ich webbasiert bereits herausfinden kann, für welche (inter-) nationalen Studien eine Patientin geeignet ist, kann das den Patientinnen in ihrem Zustand lange Reisen ersparen“, erklärte Prof. Jackisch den erweiterten Nutzen.

Trotz dieser Software-Unterstützung bleibe das Management des Mammakarzinoms eine intellektuelle Herausforderung – gerade deshalb solle diese Arbeit vereinfacht werden, so Prof. Jackisch: „Diese Schnittstellen-Tools beeinträchtigen nicht die Art der Diagnostik oder der Behandlung, sondern helfen eine große Datenmenge evidenzbasiert zusammenzutragen. Das ist eine sinnvolle Erleichterung für die Behandlung des metastasierten Mammakarzinoms und kann die tägliche Arbeit optimieren.“