

14. Oktober 2009 (AF)

Stellungnahme der Kommission Mamma der Arbeitsgemeinschaft Gynäkologische Onkologie der Deutschen Krebsgesellschaft zur Meldung: „Gencode von Brustkrebs geknackt“

Berlin. Vor kurzem teilten Wissenschaftler der Brustkrebsforschungsstelle der kanadischen Provinz British-Colombia in Vancouver im Zusammenhang mit der Publikation ihrer Daten im Fachmagazin „Nature“ (08.10.2009, S. 809-813) mit, dass es ihnen gelang den Gencode von Brustkrebs zu entschlüsseln. In den Medien wurde diese Meldung als „Durchbruch“ in der Brustkrebsforschung gefeiert und eröffnete eine beträchtliche Zahl an Möglichkeiten, um die Krankheit medizinisch gezielter zu behandeln.

Die Frage nach der Entstehung von Brustkrebs ist trotz der Entschlüsselung des menschlichen Genoms und einer Fülle von nachgewiesenen Genveränderungen im Tumorgewebe bis dato ungeklärt. Die Technik der kompletten Sequenzierung des menschlichen Genoms war bislang kostspielig und zeitaufwändig. Allerdings haben aktuelle technische Fortschritte dazu geführt, zum einen die Kosten deutlich zu reduzieren und zum anderen die Analysedauer erheblich zu verkürzen. In zahlreichen Meldungen der letzten Tage wurde nun verkündet, dass der Gencode für Brustkrebs durch die Sequenzierungsanalyse einer kanadischen Arbeitsgruppe unter Leitung von Samuel Aparicio „geknackt“ sei. Die Kommission Mamma der Arbeitsgemeinschaft Gynäkologische Onkologie in der Deutschen Krebsgesellschaft e.V. möchte zu dieser Meldung Stellung beziehen, um die wissenschaftliche Kernbotschaft dieser Arbeit besser einzuordnen und möglichen falschen Erwartungen unter Laien und Betroffenen vorzubeugen:

1. Die Kernbotschaft dieser Arbeit lautet, dass Wissenschaftler durch erhebliche technische Fortschritte nun in der Lage sind, in kurzer Zeit mit vertretbaren Kosten die gesamte Erbinformationen eines Tumors auf möglicherweise krankheitsverursachende Veränderungen hin zu untersuchen.
2. Beim Vergleich eines primären Brusttumors mit einer 9 Jahre später aufgetretenen Metastase fanden sie, dass 5 der 32 nachgewiesenen Genveränderungen bereits im Primärtumor vorhanden und somit möglicherweise an der Entstehung beteiligt waren. Ob diese Mutationen tatsächlich krankheitsverursachend, in der Folge der Krebsbildung entstanden sind, oder lediglich eine biologische Variabilität ohne Krankheitswert darstellen, bleibt bislang unklar. Nur eines dieser Gene spielt in der wissenschaftlichen Forschung bisher eine wichtige Rolle.
3. Die Veränderungen in den 5 Genen waren nicht in allen Zellen des Primärtumors nachweisbar sondern nur in einem Teil der Tumorzellen. Dies belegt, dass die Zellen eines einzigen Tumors genetisch sehr unterschiedlich sein können. Dies ist bereits bekannt und findet z.B. in der Kombinationschemotherapie eine klinische Konsequenz.

Zusammenfassend handelt es sich um eine methodisch hervorragende und richtungsweisende Arbeit zur weiteren Erforschung genetischer Veränderungen im Tumorgewebe. Allerdings ergeben sich hieraus derzeit keinerlei klinischen Konsequenzen. Von einer Sequenzierung des Tumorgewebes von Patientinnen im Rahmen der klinischen Routine ist aus folgenden Gründen unbedingt abzuraten:

1. Die Ergebnisse der Gensequenzierung eines Tumors konnten bislang keine Brustkrebsuntergruppen identifizieren, die sich seitens des Krankheitsverlaufs (Prognose) und/oder des Therapieansprechens (Prädiktion) unterscheiden, d.h. die Therapie erfährt derzeit keine Änderung.
2. Die Funktionen der nachgewiesenen Genveränderungen sind weitestgehend unklar.

Telefon:
+49 (3643) 74 37 49
Telefax:
+49 (3643) 74 35 36

e-Mail:
presse@krebsgesellschaft.de

URL:
www.krebsgesellschaft.de

3. Eine gezielte therapeutische Beeinflussung der nachgewiesenen genetischen Veränderungen ist bislang nicht möglich.
4. Die entsprechende Kosten-Nutzen-Relation bei derzeit fehlender therapeutischer Konsequenz ist aus gesundheitsökonomischer Sicht nicht zu vertreten.

Somit müssen weitere wissenschaftliche Untersuchungen abgewartet werden, die diese Daten bestätigen, und die tatsächliche biologische Bedeutung dieser Genveränderungen für Entstehung, Verlauf und Behandlung von Brustkrebs erläutern helfen. Diese Untersuchungen laufen im Rahmen nationaler und internationaler Kooperationen. Trotz umfangreicher und nachhaltiger, auch finanzielle Förderung durch öffentliche und private Geldgeber sind erste für den klinischen Alltag relevante Ergebnisse in den nächsten Jahren jedoch noch nicht zu erwarten.

Wir hätten uns daher eine differenziertere Berichterstattung gewünscht, da solche Nachrichten die betroffenen Frauen verunsichern und in die Hände von Anbietern teurer und nicht geprüfter diagnostischer Verfahren treiben.

PD Dr. med. Achim Rody, Universitätsfrauenklinik Frankfurt
Frau Prof. Dr. med. Rita Schmutzler, Universitätsfrauenklinik Köln

für die Kommission Mamma der Arbeitsgemeinschaft Gynäkologische Onkologie der Deutschen Krebsgesellschaft e.V.

Brustkrebs: In Deutschland erkranken derzeit jährlich über 57.000 Frauen an Brustkrebs und etwa 17.500 sterben daran. Brustkrebs ist die häufigste Krebsneuerkrankung bei Frauen. Das mittlere Erkrankungsalter liegt bei 63 Jahren.

Risikofaktoren: Eine frühe erste Regelblutung (Menarche), Kinderlosigkeit oder ein höheres Alter bei der ersten Geburt sowie der späte Eintritt in die Wechseljahre (Klimakterium) werden mit einem erhöhten Risiko für Brustkrebs assoziiert. Ausgetragene Schwangerschaften in jungen Jahren, mehrere Geburten und längere Stillzeiten scheinen umgekehrt das Brustkrebsrisiko zu verringern. In vielen Studien wurde eine Risikosteigerung durch Übergewicht, Bewegungsmangel und in gewissem Umfang durch regelmäßigen Alkoholkonsum beobachtet, während regelmäßige körperliche Aktivität und Sport einen günstigen Einfluss haben.

Pressestelle der Deutschen Krebsgesellschaft e.V.

André Franck

Tel.: 03643 – 743749;

Fax: 03643 - 743536

E-mail: presse@krebsgesellschaft.de;

Internet: <http://www.krebsgesellschaft.de>