

## ERACoSysMed3 - Verbundprojekt: INFER-NB - Optimierung der Therapieentscheidung bei rezidivierendem Neuroblastom durch Berücksichtigung der Tumorevolution

Laufzeit: 01.06.2020 - 31.05.2023 Förderkennzeichen: 031L0238

Koordinator: Deutsches Krebsforschungszentrum (DKFZ) - Abt. Neuroblastom-Genomik (B087)

Die Charakterisierung von Krebs-(Epi-)Genomen hat zahlreiche genetische Läsionen identifiziert, die mit verschiedenen klinischen Phänotypen assoziiert sind. Die Entwicklung neuer Medikamente gegen diese Läsionen weckt die Hoffnung auf präzise Therapieoptionen. Bisher ist jedoch eine anhaltende Tumorregression bei molekular zielgerichteten Therapien selten. Die aktuelle Forschung konzentriert sich daher auf das Verständnis der Tumorheterogenität und untersucht, wie (epi-)genetische Veränderungen die Zellphysiologie in spezifischen Zellkontexten umformen und somit die Tumorentwicklung fördern. In INFER-NB werden wir unsere Rechenmodelle zur Untersuchung von Heterogenität und klonaler Evolution in die klinische Anwendung übertragen. Wir werden die Tumorevolution vor und während der Therapie untersuchen und diese Erkenntnisse nutzen, um therapeutische Strategien zu entwickeln, die auf klonal heterogene Tumoren abzielen. Hierfür analysieren wir einen einzigartigen Datensatz, indem wir drei laufende klinische Sequenzierungsstudien zu rezidierten Kinderkrebserkrankungen in Frankreich, den Niederlanden und Deutschland (MAPPYACTS, iTHER, INFORM) zusammenführen. Unser Fokus wird auf dem kindlichen Neuroblastom liegen, das im Hochrisikofall bisher noch unheilbar ist. Die meisten primären Hochrisiko-Neuroblastome in Europa werden in einer von zwei klinischen Studien, NCT01704716 oder NCT00526318, behandelt. Wir werden die klonale Entwicklung unter Therapie für diese beiden Erstlinienbehandlungen vergleichen. In MAPPYACTS/iTHER /INFORM werden Rezidivpatienten mit molekular zielgerichteten Therapien in biomarkergeleiteten Studien (MATCH, ESMART, INFORM2) behandelt und deren Tumoren nach dem 2. oder 3. Rückfall erneut sequenziert. Hierdurch ist es erstmalig möglich, klonale Evolution infolge molekular gezielter Therapien zu rekonstruieren. Die Identifizierung des Entwicklungsursprungs und der klonalen Evolution wird zukünftig eine effektivere gezielte Behandlung ermöglichen.

Verbund: Verbund im Rahmen der transnationalen Fördermaßnahme ERACoSysMed

Quelle: Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF)

Redaktion: DLR Projektträger

Länder / Organisationen: Frankreich, Niederlande

Themen: Förderung, Lebenswissenschaften

[Zurück](#)

---

## Weitere Informationen