

„Tumorgenese des Vulvakarzinoms: Identifizierung von molekularen Subtypen in HPV+ und HPV- Vulvakarzinomen durch Exomsequenzierung (NGS)“

K. Prieske, L. Woelber

Schamlippenkrebs (Vulvakarzinom) galt lange Zeit als seltener Tumor der alten Frau. In den letzten 15 Jahren hat sich das Auftreten jedoch nahezu verdoppelt und es sind zunehmend auch jüngere Frauen von der Erkrankung betroffen. Leider existieren sehr wenig verlässliche Informationen bezüglich der Tumorentstehung und dessen Verlauf, so dass alle Patientinnen mit einem Vulvakarzinom einheitlich therapiert werden. Sie werden operiert und erhalten in fortgeschrittenen Stadien zusätzlich eine Bestrahlung (und Chemotherapie).

Bei vielen anderen Krebsarten sind die zugrunde liegenden Veränderungen im Erbgut (DNA) des Tumors bereits entschlüsselt worden, so dass auf dieser Grundlage auch neue individuelle Therapien entwickelt werden konnten. Mit dem Ziel, auch für Patientinnen mit Vulvakarzinom angepasste Therapien zu entwickeln und diejenigen Patientinnen herauszufiltern, die aufgrund ihrer Tumorbilogie (Veränderungen im Erbgut des Tumors) eine intensivere Therapie benötigen, wurde dieses Projekt ins Leben gerufen. Aus Gewebe, das mit dem Einverständnis der Patientin direkt nach der Operation eingefroren wurde, wird das Erbgut des Tumors mit Hilfe von ‚Next generation Sequencing‘ auf Veränderungen (Mutationen) untersucht. Diese Veränderungen können möglicherweise als Voraussage-Marker (prädiktive Marker) für ein gutes Therapieansprechen bzw. für ein sehr aggressives Tumorwachstum dienen. Zudem ist es das Ziel, Veränderungen zu detektieren, gegen die man Medikamente richten könnte, um das Tumorwachstum zu hemmen.