

Charakterisierung seltener EGFR-Mutationen zur personalisierten Therapie bei Lungenkrebs

Lungenkrebs zählt weltweit zu den häufigsten krebisbedingten Todesursachen. Für Patientinnen und Patienten mit bestimmten EGFR-Mutationen stehen mit der Entwicklung spezifischer EGFR-gerichteter Tyrosinkinase-Inhibitoren Therapieoptionen zur Verfügung, die das Tumowachstum effektiv hemmen können. Während die häufigsten EGFR-Mutationen gut erforscht sind, ist über viele seltene Varianten bislang wenig bekannt – obwohl diese zusammengekommen etwa zehn Prozent aller EGFR-Mutationen ausmachen. Für betroffene Patientinnen und Patienten, bei denen ebendiese Mutationen nachgewiesen wurden, fehlen damit oft sichere Grundlagen für eine individuelle Therapieentscheidung.

In unserem Projekt analysieren wir diese seltenen EGFR-Mutationen systematisch in einem etablierten *in vitro* Modell. Dabei klären wir, ob es sich um eine das Tumowachstum treibende Veränderung handelt und wenn ja, ob die Tumorzellen auf bestimmte Medikamente ansprechen. Die so gewonnenen Daten fließen direkt in die klinische Entscheidungsfindung ein und unterstützen Ärzte dabei, Therapieentscheidungen evidenzbasiert zu treffen. Langfristig soll unser Ansatz dazu beitragen, die Behandlung von Patientinnen und Patienten mit seltenen EGFR-Mutationen zu verbessern und die personalisierte Krebsmedizin für diese Patientengruppe entscheidend voranzubringen.