

Krebsmedikamente gezielter einsetzen: Erstes EU-Projekt integriert Pharmakogenomik in Tumorboards

Das Dr. Margarete Fischer-Bosch Institut für Klinische Pharmakologie (IKP) am Bosch Health Campus in Stuttgart leitet das europaweit erste EU-Projekt, bei dem die Pharmakogenomik systematisch in molekulare Tumorboards (MTB) integriert wird. Ziel von PGxMTB ist es, genetische Faktoren von Patient:innen strukturiert in Therapieentscheidungen einzubeziehen und Krebstherapien so sicherer und wirksamer zu gestalten. Das Nationale Centrum für Tumorerkrankungen (NCT) Heidelberg bringt umfassende Expertise und Daten in das Vorhaben ein.

In der aktuellen Krebstherapie werden viele Medikamente gezielt auf Tumorveränderungen zugeschnitten. Allerdings treten selbst bei gut passenden Therapien oft starke Nebenwirkungen auf oder Medikamente wirken nicht wie erwartet – unter anderem, weil genetische Unterschiede der Patient:innen bislang nicht systematisch berücksichtigt werden oder auch der Tumor selbst Eigenschaften hat, die für Arzneimittel-Nebenwirkungen im Rahmen der Krebstherapie eine wichtige Rolle spielen können.

Genau diese Lücke schließt das internationale Projekt PGxMTB unter Leitung des Dr. Margarete Fischer-Bosch Instituts für Klinische Pharmakologie (IKP). Das IKP ist Teil des Bosch Health Campus, einem der Träger des Nationalen Centrums für Tumorerkrankungen (NCT) SüdWest. Deutscher Projektpartner ist das NCT Heidelberg, das seine umfassende klinische Expertise, diagnostische Erfahrung, bioinformatische Entwicklungskompetenz sowie eine umfangreiche Datenbasis in das Vorhaben einbringt. Zum internationalen Konsortium gehören insgesamt fünf wissenschaftliche Teams – neben den beiden deutschen Partnern das Institut Gustave Roussy in Villejuif, Frankreich, das Karolinska Institut in Stockholm, Schweden, sowie das Institut für Public Health, Versorgungsforschung und Health Technology Assessment in Hall in Tirol, Österreich.

Ein Alleinstellungsmerkmal von PGxMTB: die aktive Patient:innenbeteiligung durch die Deutsche Sarkom-Stiftung, die zusätzlicher Partner des Konsortiums ist. Gemeinsam verfolgen alle das Ziel, pharmakogenomische Daten künftig systematisch in molekularen Tumorboards – interdisziplinären ärztlichen Fallkonferenzen, in denen komplexe Krebserkrankungen gemeinsam beraten werden – zu berücksichtigen. Analysiert werden dabei über 300 Gene, die für die Wirkung und Verträglichkeit von Krebsmedikamenten sowie unterstützenden Therapien relevant sind. Erstmals wird dabei neben dem Genom der unterschiedlichen Krebsentitäten auch das individuelle Erbgut der Patientin bzw. des Patienten berücksichtigt.

„Mit der koordinierten Integration pharmakogenomischer Daten in die klinische Praxis betreten wir Neuland – bislang existiert in Europa keine ähnliche Initiative, die das vorsieht. Dies ist ein bedeutender Schritt, um die Therapie von Krebspatient:innen spürbar weiter zu optimieren, schwere Nebenwirkungen zu reduzieren und Behandlungen effektiver zu machen. Durch die aktive Einbindung von Patientinnen und Patienten als Forschungspartner können wir deren Erfahrungswissen optimal nutzen“, sagt Prof. Dr. Matthias Schwab, Projektkoordinator und Leiter des IKP am Forschungsbereich des Bosch Health Campus sowie Geschäftsführender Direktor des NCT SüdWest.

Am NCT Heidelberg sind Prof. Dr. Stefan Fröhling, Geschäftsführender Direktor am NCT Heidelberg und Leiter der Abteilung Translationale Medizinische Onkologie am Deutschen Krebsforschungszentrum (DKFZ), und Dr. Dr. Daniel Hübschmann, Leiter der Computational Oncology Group am NCT Heidelberg und der Innovation and Service Unit for Bioinformatics and Precision Medicine am DKFZ, für PGxMTB verantwortlich. Das Projekt nutzt unter anderem vorhandene Daten aus großen Präzisionsonkologie-Initiativen wie dem DKFZ/NCT/DTK MASTER-Programm. Auf Basis dieser Daten entwickelt und erweitert das Konsortium eine bioinformatische Prozesskette. „Wir wollen die Behandlung von Krebspatientinnen und -patienten verbessern, indem wir mit unseren Partnern eine bisher weitgehend ignorierte, aber ausgesprochen wichtige biologische Ebene erschließen. Unser Ziel ist eine individualisierte und risikoadaptierte Pharmakotherapie“, so Daniel Hübschmann.

Obwohl pharmakogenomische Tests in einzelnen Indikationen bereits etabliert sind, werden sie bislang nicht in Tumorboards mit einbezogen. PGxMTB setzt damit unter gleichzeitiger Berücksichtigung des Genoms der Patientin bzw. des Patienten sowie des Tumors neue Standards und sieht die Implementierung IT-basierter Tools exemplarisch in die molekularen Tumorboards in Heidelberg und am Institut Gustave Roussy in Villejuif vor.

Pressemitteilung

17.03.2026

Quelle: Nationales Centrum für Tumorerkrankungen (NCT) Heidelberg

Weitere Informationen

Dr. Martin Staiger
Kommunikation und Veranstaltungen
Im Neuenheimer Feld 460
69120 Heidelberg
Tel.: +49 (0)6221 56-311272
E-Mail: martin.staiger(at)nct-heidelberg.de

- Nationales Centrum für Tumorerkrankungen (NCT)
Heidelberg