



Das maligne Melanom ist bei jungen Krebskranken die zweithäufigste Todesursache weltweit. Trotz aller Fortschritte ist die Therapie eine Herausforderung.

© lavizzara / stock.adobe.com

10<sup>th</sup> European Post-Chicago Melanoma/Skin Cancer Meeting

## Toxizitäten registrieren, Therapie verbessern

Die diesjährige dermatoonkologische Nachbesprechung der ASCO-Jahrestagung fand ausschließlich virtuell statt. In den Onlinepräsentationen und -diskussionen ging es unter anderem um Biomarker, Genexpressionsanalysen und Krebsregister, in denen auch Nebenwirkungen moderner Immuntherapien erfasst werden.

### Kommen jetzt die Genexpressionsanalysen beim Melanom?

Beim frühen Mammakarzinom kann ein Genexpressionstest helfen, besser abzuschätzen, welche Patientinnen gegebenenfalls auf eine adjuvante Chemotherapie verzichten können, weil bei ihnen das Rezidivrisiko eher gering ausgeprägt ist. Besser eingrenzen zu können, bei wem die Erkrankung rezidiert, sei auch beim malignen Melanom relevant, so Prof. Dirk Schadendorf, Essen. Das gelte insbesondere vor dem Hintergrund, dass zwei von drei Patienten ein Rezidiv erleiden, deren Melanom ursprünglich als Stadium I beziehungsweise II klassifiziert worden war. Ließe sich hier das Rezidivrisiko durch Genexpressions-

analysen besser eruieren? Schadendorf musste etwaige Erwartungen dämpfen: „Genexpressionsprofile sind beim Melanom noch experimentell.“ Zwar stünden verschiedene kommerzielle Verfahren zur Verfügung, diese seien aber noch mit Problemen behaftet, darunter:

- Klinische Nützlichkeit und Effizienz seien noch nicht nachgewiesen. Dies hänge auch damit zusammen, dass bestimmte Daten nicht publiziert beziehungsweise die Verfahren nur retrospektiv (in kleinen Fallserien) geprüft worden seien. Eine prospektive Bewertung in klinischen Studien stehe noch aus.

- Die diagnostische Genauigkeit der Verfahren variere.
  - Testabhängige Änderungen der gängigen AJCC (American Joint Committee on Cancer)-Klassifikationskategorien seien nicht hilfreich.
- Schadendorf stellte drei Verfahren vor:
- MelaGenix: Proprietärer Algorithmus, der auf elf Genen basiert.
  - DecisionDX: Proprietärer Algorithmus, in den 31 Gene einfließen.
  - SkylineDX: Kombination aus Breslow-Dicke, Alter und einem proprietären Algorithmus, in den acht Gene (plus drei Kontrollgene) eingehen.
- Eines dieser Verfahren – der MelaGenix – wird nun erstmals in einer klinischen Studie (NivoMela; NCT04309409) prospektiv evaluiert. Für die Studie wird bereits rekrutiert. *Moritz Borchers*