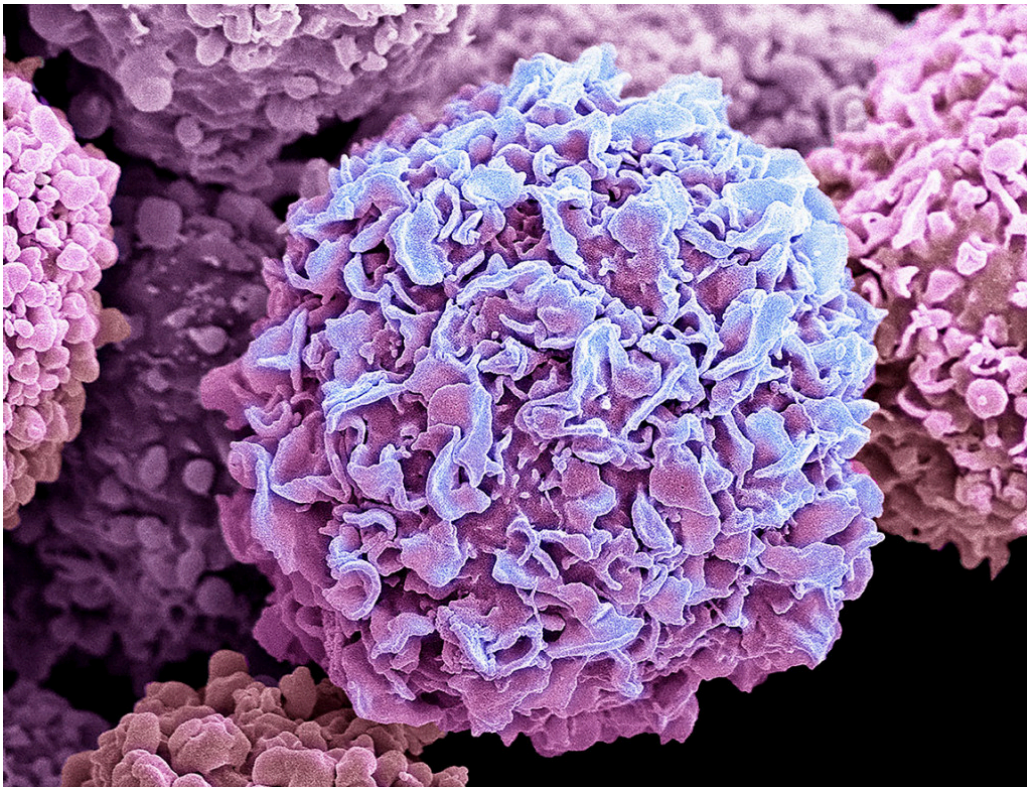

Helgenomanalyser av kreftsvulster kan få klinisk betydning

FRA ANDRE TIDSSKRIFTER

HAAKON B. BENESTAD

Universitetet i Oslo

Helgenomsekvensering av kreftsvulster kan danne grunnlaget for mer persontilpasset behandling.



Et farget bilde fra skanningelektronmikroskop (SEM) av brystkreftceller. Illustrasjonsfoto: Science Photo Library / NTB

Resultatene fra en stor kreftgenomstudie er nylig publisert i tidsskriftet Nature Medicine (1). Studien er basert på helgenomsekvensering av nesten 14 000 solide svulster fra 33 krefttyper, med integrering av kliniske forløpsdata. En enkeltstående test kunne avsløre visse mutasjoner eller genomvarianter, slik som somatiske

enkelt nukleotidmutasjoner, kopianfallsavvik og tumormutasjonsbyrde, sammen med potensielt predisponerende, medfødte mutasjoner. Ulike krefttyper hadde ulik fordeling av genomvariantene.

Ved å kople genomdata med kliniske observasjonsdata fant man sammenhenger mellom genomvarianter og behandlingseffekt, sykdomsprognose og pasientoverlevelse. Genomanalysene ble ansett som aktuelle kun for visse kreftformer, slik som sarkomer, glioblastomer, visse ovarialcancerformer og trippel-negativ mammacancer.

– Denne studien er den mest omfattende til nå i en rekke av studier der man undersøker nytten av å sekvensere hele genomet i kreftsvulster fra pasienter, sier Johanna Olweus, professor ved Universitetet i Oslo. Ved å analysere gener som man ikke tester for i rutinediagnostikk, kan man finne markører som gir et bedre grunnlag for å tolke resultater fra kliniske studier. Man kan også identifisere pasienter som kan ha nytte av medikamenter som retter seg mot spesifikke genmutasjoner.

– Lignende studier som foregår i mange land, blant annet IMPRED-studien i Norge, vil bidra til bedre og mer presis kartlegging av det genetiske landskapet i kreft, sier Olweus. Helgenomsekvensering kan også gi grunnlag for nye former for immunterapi. Bioteknologiselskaper som BioNTech, Moderna og norske Nykode prøver ut terapeutiske vaksiner med proteiner som er endret på basis av pasientspesifikke genmutasjoner.

– I et nederlandsk prosjekt blir tumormaterialet til hundrevis av pasienter sekvensert. I flere tilfeller fant man mutasjoner som man ellers ikke testet for ved den aktuelle diagnosen, men som er godkjent kriterium for en bestemt behandling av andre krefttyper. På den måten kan pasienter som ikke har nytte av standardbehandling, få et nytt behandlingstilbud. Dette har inspirert lignende studier verden over, deriblant IMPRESS-studien, som nå pågår ved Oslo universitetssykehus, sier Olweus.

REFERENCES

1. Sosinsky A, Ambrose J, Cross W et al. Insights for precision oncology from the integration of genomic and clinical data of 13,880 tumors from the 100,000 Genomes Cancer Programme. Nat Med 2024; 30: 279–89. [PubMed][CrossRef]

Publisert: 11. juni 2024. Tidsskr Nor Legeforen. DOI: 10.4045/tidsskr.24.0235

Opphavsrett: © Tidsskriftet 2026 Lastet ned fra tidsskriftet.no 8. september 2026.