

Neuropathologentagung in Berlin

„Wir müssen zur mikroskopischen Tätigkeit eine zweite diagnostische Ebene erreichen“

In Berlin ging gerade die 60. Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Neuropathologie und Neuroanatomie (DGNN) zu Ende. Der änd sprach über die Themen des Treffens mit dem Tagungspräsidenten Professor Dr. Frank Heppner von der Charité in Berlin.



Heppner: „Die molekulare Diagnostik bei den Hirntumoren ist inzwischen zu einem absolut wertvollen und essentiellen Tool geworden.“
 © DGNN

Herr Professor Heppner, bei Tagungen werden ja oft die großen Entwicklungen eines Fachgebiets sichtbar. Was sind die aktuellen Themen und Herausforderungen der Neuropathologie?

Die Tagung hat das gesamte Spektrum der Neuropathologie abgedeckt. Hauptthemen waren die Neurodegeneration, Beispiel Alzheimer, die Neuroonkologie, die Myopathologie und Neuroinflammation/Neuroimmunologie. In all diesen Bereichen zeigten sich zwei der wichtigen Grundtendenzen, die uns in unserem täglichen Tun erreicht haben: Da ist zum Einen die personalisierte Medizin, die ich eher stratifizierte Medizin nennen würde. Bei Hirntumoren ist dies, denke ich, am weitesten vorangeschritten. Wir können inzwischen mithilfe der neuen Methoden der molekularen Diagnostik – NGS, Next Generation Sequencing ist das Stichwort – Hirntumorproben individuell stratifizieren und in sehr viel detailliertere Gruppen einteilen als es vor Jahren möglich war. Dadurch können wir die Patienten sehr gezielt behandeln und auch eine detailliertere Prognose abgeben.

Ein weiteres wichtiges Thema kann mit dem Schlagwort Systemmedizin umschrieben werden. Es geht darum, über den Tellerrand der eigenen Disziplin hinaus zu schauen. Gerade wir in der Neuropathologie haben dabei eine Brücken- oder Schnittstellenfunktion zwischen verschiedenen medizinischen Disziplinen und auch der klinischen Forschung und der Grundlagenforschung. Wir haben in den vergangenen Tagen viele interessante Studien gesehen, die zeigen, dass auch Änderungen in anderen Organen wichtige Veränderungen im Gehirn bewirken. Das Gehirn ist also kein eigenständiges Kompartiment, sondern es steht in stetem Austausch. Das ist sehr wichtig für viele Vorgänge im Gehirn, die wir uns anschauen. Es gibt beispielsweise experimentelle Daten, die zeigen, dass eine hochkalorische Ernährung die Mikrogliazellen im Gehirn beeinflusst. Eine andere, gerade publizierte Studie belegt einen starken Einfluss des Mikrobioms auf die Mikrogliazellen.

Die Stichworte Next Generation Sequencing und Risikostratifizierung haben Sie ja schon genannt. Ein Vortrag hatte die Rolle von Biomarkern bei Behandlung von Hirntumoren zum Thema. Wie verändern Biomarker die Therapie von Hirntumoren, die ja oft eine sehr schlechte Prognose haben?

Dabei wurden keine Biomarker vorgestellt, die nicht schon publiziert waren. Der Vortragende, Professor Dr. Wolfgang Wick vom Universitätsklinikum Heidelberg, hat aber sehr schön gezeigt, wie man anhand des bestehenden Wissens, Patientengruppen neu stratifiziert, um sie dann gezielt zu therapieren. Man erkennt dank dieser Umsortierung der Patienten gut die unterschiedlichen Effekte. Ein Beispiel: Das Glioblastoma multiforme – der bösartigste Hirntumor, den wir kennen – können wir mit den neuen molekularen Methoden sehr viel weiter diversifizieren und in sechs Untergruppen einteilen, die unterschiedlich auf verschiedenen Kombinationen von Therapeutika reagieren.

Am Ende des Tages ist Risikostratifizierung auch ein ökonomisches Thema. Die Therapien sind sehr teuer. Durch die Vortypisierung und das Wissen, dass Patienten mit einem bestimmten Subtyp mit hoher Wahrscheinlichkeit auf eine Therapie ansprechen, können wir wesentlich gezielter mit den Geldern haushalten. Anders gesagt: Wir können die Krankenkassen so leichter überzeugen, dass es sich lohnt, die entsprechenden Kosten auch zu tragen.

Was nehmen Sie mit von der Tagung mit ins Labor und in die Klinik?

Ich nehme mit, dass die molekulare Diagnostik bei den Hirntumoren inzwischen zu einem absolut wertvollen und essentiellen Tool geworden ist. Man konnte grundsätzlich bei diesem Meeting sehen, dass neue Erkenntnisse, etwa über Genmutationen oder epigenetische Veränderungen, eine große Hilfe sind. Wir sind jetzt gefragt, diese Erkenntnisse in den Alltag einfließen zu lassen. Das ist die Herausforderung. Die Neuropathologie und die Pathologie müssen sich dazu ein Stück weit neu definieren. Wir müssen zusätzlich zu unserer mikroskopischen Tätigkeit, die wir über Dekaden gemacht haben, eine zweite diagnostische Ebene erreichen, damit Patienten profitieren.

Diskussionen zu Neurodegenerativen Erkrankungen wie Alzheimer haben gezeigt, dass wir uns in Deutschland auch beim Thema „Brain Banking“ neu positionieren müssen. Anders als bei Hirntumoren steht in diesem Bereich erst nach dem Tode der Betroffenen Gewebe für Forschungen zur Verfügung. Wir müssen uns bemühen, hierzu eine nationale Gewebebank für die Erforschung Neurodegenerativer Erkrankungen aufzubauen. Ohne humanes Gewebe wird man keine vernünftigen Forschungsdaten generieren können. Es gibt bei Alzheimer sehr viel Grundlagenforschung, bei der man Mausmodelle nutzen kann. Aber die Validierung dieser Daten an humanem Gewebe ist essenziell.

01.09.2015 09:51:25, Autor: Interview: Arnd Petry für den änd, © änd Ärztenachrichtendienst Verlags-AG

Quelle: <https://www.aend.de/article/160611>