

Preisträger der DGHO 2021

Im Rahmen der Plenarsitzung „RNA-Vakzine - von der Tumorthherapie zur COVID19-Protektion“ während der Jahrestagung wurden der mit 7.500 dotierte Vincenz-Czerny-Preis, der mit 7.500 Euro dotierte Artur-Pappenheim-Preis und der mit 3.000 Euro dotierte Doktoranden-Förderpreis verliehen.

Artur-Pappenheim-Preis

Der Artur-Pappenheim-Preis ist für eine wissenschaftliche Arbeit bestimmt, die sich mit klinischen, experimentellen oder theoretischen Fragen der Hämatologie befasst.

Preisträger

Dr. med. Florian Scherer, Freiburg

Originaltitel der Arbeit

„Die Bedeutung zirkulierender Tumor-DNA als nicht-invasiver Biomarker bei Patienten mit B-Zell-Lymphomen“

Journal

Science Translational Medicine, Blood, Journal of Clinical Oncology, Cell

Lebenslauf

Dr. Florian Scherer studierte von 2004 bis 2010 Humanmedizin an der Universität des Saarlandes und der Albert-Ludwigs-Universität Freiburg. In seiner Promotionsarbeit unter der Leitung von Prof. Dr. Hendrik Veelken beschäftigte er sich mit den molekulargenetischen Grundlagen des Follikulären Lymphoms. Hier wurde sein besonderes Interesse für die translationale Forschung im Fachbereich Hämatologie/Onkologie geweckt, so dass er anschließend seine klinische Ausbildung an der Klinik für Innere Medizin I des Universitätsklinikums Freiburg begann (Direktor: Prof. Dr. Justus Duyster). Von 2014 bis 2016 absolvierte er mit einem Stipendium der DFG einen Forschungsaufenthalt an der Stanford University, USA (Leitung: Ash A. Alizadeh, MD/PhD). Sein wissenschaftlicher Fokus lag hierbei auf der Entwicklung neuartiger Biomarker-Strategien zur Verbesserung des klinischen Managements von Patient*innen mit Lymphomerkrankungen. Nach seiner Rückkehr etablierte er in Freiburg seine eigene wissenschaftliche Arbeitsgruppe und ein translationales Forschungsprogramm zur Biomarker-Forschung in Lymphomen und soliden Tumoren.



Zusammenfassung der Arbeit

Aggressive Lymphome zeichnen sich durch eine erhebliche Heterogenität aus, sowohl was die klinischen Charakteristika als auch die molekulargenetischen Grundlagen betrifft. Klinisch relevante Biomarker zur exakten Risikostratifizierung, zur präzisen Voraussage des Therapieansprechens oder zur frühen Erkennung von Rezidiven fehlen bisher gänzlich, so dass personalisierte und risiko-adaptierte Therapie-Strategien bei dieser Erkrankung bisher nicht zur Anwendung kommen. Mit Hilfe innovativer NGS-basierter Technologien konnten wir zirkulierende Tumor-DNA (ctDNA) im Blutplasma und Liquor von Lymphom-Patient*innen als minimal-invasiven Biomarker zur genetischen Charakterisierung und zum hoch-sensitiven Monitoring etablieren. In verschiedenen Forschungsarbeiten konnten wir zeigen, dass die ctDNA die Tumorlast sehr genau widerspiegelt und als prognostischer Marker genutzt werden kann. So haben wir ein mathematisches Modell entwickelt, das durch die Kombination von Informationen aus ctDNA-Analysen und konventionellen klinischen Parametern eine

präzise und personalisierte Voraussage des Therapieansprechens sehr früh nach Therapie-Beginn erlaubt. Des Weiteren konnten wir zeigen, dass mittels ctDNA-Profilung eine umfassende Charakterisierung des Tumor-Mutationsmusters und der klonalen Heterogenität möglich ist. So sind beispielsweise die Detektion von Resistenzmutationen im Blutplasma oder die Identifizierung eines ZNS-Lymphom-Befalls anhand des ctDNA-Mutationsmusters im Liquor möglich. Zusammenfassend könnten unsere Daten die Grundlage für neuartige ctDNA-gesteuerte Therapie-Strategien darstellen und zukünftig ein verbessertes klinisches Management von Lymphom-Patient*innen erlauben.