



DUTCH
INSTITUTE
FOR CLINICAL
AUDITING

Goedgekeurde aanvraag gegevens ten behoeve van wetenschappelijk onderzoek DMTR201712

Datum

Oktober 2018

Titel onderzoek

Technology **A**ssessment of **N**ext **G**eneration Sequencing in Personalized **O**ncology
(**TANGO**)

Contactpersoon

Veerle Coupé (VUmc), UHD HTA & decision modeling, VU Medical Center

Aanvragersgroep

Prof Edwin Cuppen, Professor of Human Genetics, Hartwig Medical Foundation

Dr Valesca Retèl, postdoc HTA, NKI

Prof. Wim van Harten, Professor of Quality management of health care technology, NKI & CEO Rijnstate ziekenhuis

Prof. Marc van de Vijver, head division diagnostic oncology NKI

Prof. Joachim Aerts, professor of pulmonary medicine, ErasmusMC Rotterdam

Dr. Fons van den Eertwegh (VUmc), Oncologist, VU Medical Center

Dr. Veerle Coupé (VUmc), UHD HTA & decision modeling, VU Medical Center

Prof. Manuela Joore (Maastricht University), professor of health technology assessment, university of Maastricht

Prof. Maarten IJzerman (University Twente), professor of health technology and services research

Beschrijving onderzoek

Momenteel komen er in toenemende mate nieuwe, vaak dure, kanker medicijnen op de markt. Tevens weten we dat veel behandelingen die nu worden gegeven voor slechts een deel van de patiënten werken. Toegespitste therapie (therapie-op-maat) kan dus een uitkomst bieden om patiënten de meest optimale behandeling te geven. Dit resulteert (tevens) in doelmatig medicijngebruik en optimale inzet van financiële middelen. Kanker is een ziekte waarvan de basis ligt in veranderingen (mutaties) van het DNA van de tumor cel die verschillen per individuele patiënt. Ontwikkelingen op het gebied van het analyseren van DNA met behulp van “next-generation DNA sequencing (NGS)” maken het mogelijk om mutaties in kaart te brengen en therapie-op-maat voor elke patiënt te selecteren. Op dit moment is er grote variatie tussen ziekenhuizen in het gebruik en type NGS testen waardoor niet alle even volledig zijn en behandel mogelijkheden niet optimaal worden ingezet. Whole Genome Sequencing (WGS) is een test waarbij gelijktijdig alle relevante genetische veranderingen in het tumorweefsel van individuele patiënten kan worden geanalyseerd. Hierdoor heeft WGS het voordeel dat naast detectie van alle relevante bestaande genetische veranderingen en biomarkers (voorspellers van respons op behandeling) voor de directe patiënt, de data óók gebruikt kan worden voor de ontdekking van nieuwe biomarkers voor 2017.1



DUTCH
INSTITUTE
FOR CLINICAL
AUDITING

behandeling van toekomstige patiënten. De belangrijkste doelstelling van het TANGO project is het bepalen van het optimale gebruik van WGS, implementatie van therapie-op-maat, met focus op patiënten met vergevorderd melanoom of niet-kleincellig longkanker. Het project bestaat uit 6 deelprojecten: 1) Diagnostische waarde van WGS versus huidige (variabele) diagnostiek, 2) Uitkomsten van behandel beslissingen op basis van WGS, 3) Voorspelling van de lange termijn gezondheidswinst voor de Nederlands populatie, 4) Doelmatigheid inzetten van WGS in vergelijking met huidige diagnostiek, 5) Nationale organisatie en implementatie van WGS voor therapie selectie. 6) Ethische, juridische en maatschappelijke implicaties van WGS in Nederland. Het projectteam bestaat uit alle relevante disciplines (pathologen, genetici, oncologen, ethici, zorgeconomen) vanuit expertise centra in heel Nederland en de klinische onderzoeksactiviteiten zijn ingebed in het Center for Personalized Cancer Treatment (CPCT). De voorgestelde aanpak zal inzicht geven in de mogelijkheden voor optimale implementatie van WGS in Nederland, voor zowel de klinisch toegevoegde waarde (wat levert het de patiënt op?) als doelmatigheid (kosten en efficiëntie).

Beoogde publicatie

Long-term health benefits and harms of WGS-based care in melanoma
Cost-effectiveness of WGS-based care in melanoma