

## Alacris Theranostics – Hochentwickelte Präzisionsonkologie

Jeder Patient und jeder Tumor ist einzigartig. Darauf geht Alacris mit seinen Lösungen für die Präzisionsonkologie ein. Diese neue Richtung in der Krebsmedizin konzentriert sich auf klinisch behandelbare Veränderungen, die mithilfe der Tumorsequenzierung (NGS) identifiziert werden.

Alacris geht weiter als viele andere Ansätze in der Präzisionsonkologie. Diese stützen sich häufig nur auf Gen-Panels oder Exom-Sequenzierung und liefern daher lediglich einen kleinen Teil der klinisch relevanten molekularen Informationen. Oft ist jedoch eine weit tiefere, umfassende Tumoranalyse erforderlich, um wirksame Behandlungsoptionen zu finden.

Dies ermöglicht die einzigartige Alacris-Methode, indem sie Exom- und Transkriptom-Sequenzierung kombiniert. Dadurch lassen sich beispielsweise Änderungen in onkogenen Signalwegen, Arzneimittelresistenzsignale im Tumor oder die Immuninfiltration sowie andere Prozesse in der Mikroumgebung des Tumors erfassen. Ärzten eröffnet sich so die Chance, zu einem wettbewerbsfähigen Preis von den Vorteilen neuer therapeutischer Ansätze zu profitieren und unwirksame Behandlungen zu vermeiden.

## Comprehensive Molecular Tumor Analysis (CMTA) – Maßgeschneiderte Therapieoptionen

Alacris nutzt die langjährige Expertise in der Genom- und Transkriptom-Forschung, um ein umfassendes, innovatives Produkt der Tumordiagnostik zu erstellen. Mithilfe der CMTA-Strategie gelingt es, im Tumorgenom und -Transkriptom die Targets für eine medikamentöse Therapie aufzuspüren.

Alacris nutzt modernste, validierte Bioinformatik-Pipelines, um therapierrelevante Informationen aus dem gesamten Transkriptom (RNAseq), dem gesamten Exom (WES) und dem gesamten Genom (low coverage-WGS) zu gewinnen. Die aus einer einzelnen Biopsie stammenden Informationen werden für den behandelnden Arzt in einem kompakten, sorgfältig erläuterten Bericht zusammengefasst. Dieser gibt einen Überblick über tumorspezifische molekulare Daten, wichtige molekulare Veränderungen und therapeutische Optionen.

### Ein Bericht – Alle wichtigen Informationen

- Mutationen
- Tumormutationslast
- Chromosomale Kopienzahländerungen
- Genfusionen
- Genexpressionsprofile
- Onkogene RNA Prozessierungsvarianten
- Signaturen wichtiger Signalwege
- Arzneimittelresistenzsignale
- Komponenten der Tumormikroumgebung

## Argumente für CMTA

- Umfassende Analyse relevanter Tumorveränderungen, onkogener Signalwege sowie der Immun- und Stroma-Zusammensetzung
- Basis für eine personalisierte Therapie für die meisten Tumore, auch Tumore unbekanntem Ursprungs
- Molekulare Daten auf hohem Qualitätsniveau für klinische Studien
- Flexible und anpassbare Datenanalyse-Pipelines

### Klinische Beratung

Hintergründe & Vorteile der CMTA

Metastatische Tumore



Seltene Tumore

Tumore unbekanntem Ursprungs

### Arbeitsablauf der Datengenerierung

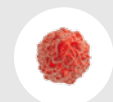
Gesamtes Exom und Transkriptom



Blut



FFPE-Probe

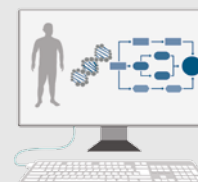


Gefrorene Biopsie



### Integrative NGS-Analysen

Fortgeschrittene Bioinformatik-Pipelines



### Patientenbericht von Experten

Wichtige molekulare Befunde und Behandlungsoptionen



Vom Probeneingang bis zum Bericht