# FGFR2b——胃癌新兴靶点



复旦大学附属肿瘤医院





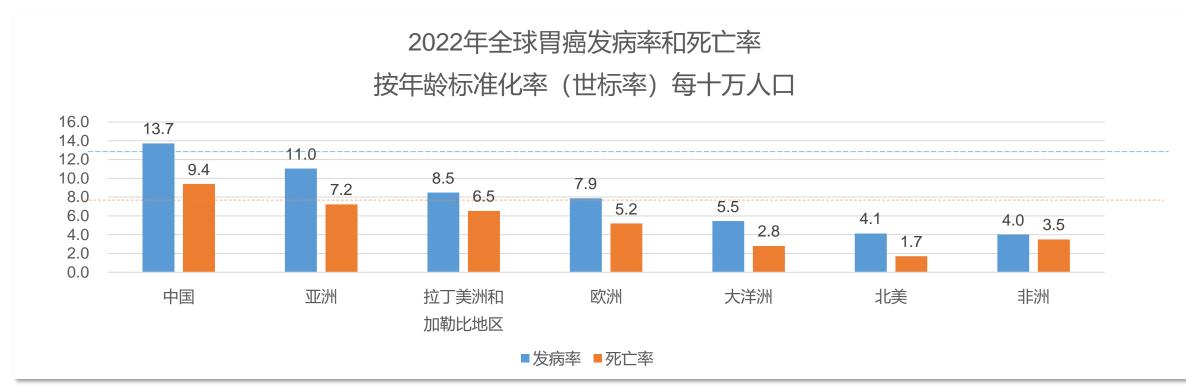
第一部分

胃癌诊治任重道远,精准治疗带来契机



#### 胃癌是最常见的恶性肿瘤之一,我国胃癌发病率死亡率双高

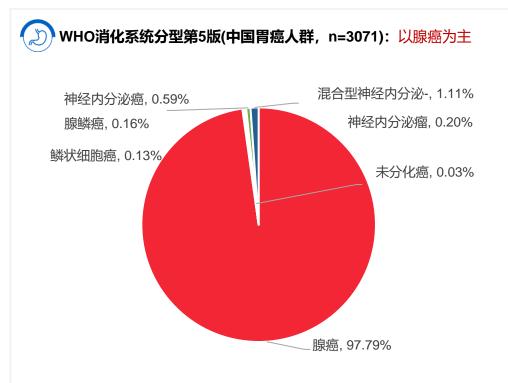
★ **2022年中国恶性肿瘤流行情况分析显示**: 胃癌新发病例近36万,约占全球胃癌新发病例的40%,在中国恶性肿瘤新发病例中排名第五; 死亡病例26万,在中国恶性肿瘤死亡病例中排名第三。<mark>我国胃癌的发病率和死亡率均远高于全球其他地区</mark>。

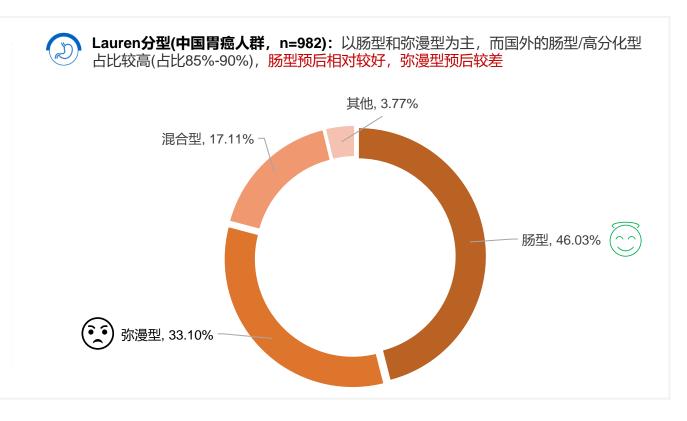




# 胃癌是一种复杂且异质性高的疾病,且我国胃癌具有一定的特殊性

经典的胃癌病理分型主要依据大体及组织学形态、细胞生物学特性进行分类,最常用的分型标准为Laurén分型和世界卫生组织(WHO)分型。 虽然既往的分类系统有助于预后判断和治疗决策,但胃癌存在着高肿瘤异质性,使得其治疗进展一直不尽人意。







1. LAUREN P. Acta Pathol Microbiol Scand. 1965;64:31-49. 2. Nagtegaal ID, et al. Histopathology. 2020 Jan;76(2):182-188. 3. Ajani JA. Transl Gastroenterol Hepatol. 2021;6:49. 4. 国家卫健委. 胃癌诊疗指南 2022年版. 5. Tang D, et al. Ann Transl Med. 2021 Apr;9(8):646. 6. 马乾宸,张本炎,芮炜玮,等. 诊断学理论与实践, 2022. 7. Qiu H, et al. Cancer Commun (Lond). 2021 Oct;41(10):1037-1048. 8. De Mello RA, et al. Am Soc Clin Oncol Educ Book. 2018;38:249-261. 9. 中国抗癌协会胃癌专业委员会,中国抗癌协会肿瘤内镜学专业委员会,深寒、等. 中国肿瘤临床, 2023, 50(19):973-982. 10. 2024版 CSCO 胃癌诊疗指南. 11. Van Cutsem E, et al. Gastric Cancer. 2015;18:476-484. 12. Kelly CM, et al. J Gastrointest Oncol. 2016;7:750-762. 13. Vos EL, et al. J Clin Oncol. 2021;39:244. 14. Quaas A, et al. Eur J Cancer. 2022;173:95-104.

#### 既往晚期胃癌一线治疗总生存难以突破2年,新兴靶点FGFR2b带来新突破

- ├ HER2开启了胃癌精准治疗的篇章,随后免疫治疗也显示在MSI-H/dMMR和PD-L1表达的胃癌患者中具有更显著的临床获益。
- 但目前晚期胃癌一线治疗的总生存期还很难突破两年,临床亟待发现更多靶点,为精准治疗进一步改善患者生存提供基础。
- ▶ 新兴靶点FGFR2b的出现,靶向FGFR2b的贝玛妥珠单抗首次使得晚期胃癌一线治疗总生存期超过2年。

| 靶点          | 临床研究               | 分期 | 治疗             | OS (月,试验组 vs 对照组)  |
|-------------|--------------------|----|----------------|--|
| HER2过表达/扩增  | ToGA研究             | 三期 | +HER2单抗        | 13.8 vs 11.1 <sup>1</sup>  |
| TER2以表及/扩培  | KEYNOTE-811研究      | 三期 | +HER2单抗+PD-1单抗 | 20.0 vs 15.7 <sup>2</sup>  |
| MSI-H/dMMR  | CheckMate-649研究    | 三期 | +PD-1单抗        | 38.7 vs 12.3 <sup>3</sup>  |
| PD-L1表达     | CheckMate-649研究    | 三期 | +PD-1单抗        | 14.4-18.4 vs 11.1-12.9 <sup>3,4</sup>                            |
| CLDN18.2过表达 | SPOTLIGHT研究/GLOW研究 | 三期 | +CLDN18.2单抗    | 14.4-18.2 vs 12.1-15.5 <sup>5,6</sup>                            |
| FGFR2b过表达   | FIGHT研究            | 二期 | +FGFR2b单抗      | <mark>24.7 vs 11.1</mark> <sup>7</sup><br>(FGFR2b过表达 ≥10% 2+/3+) |



- Bang YJ, et.al. Lancet. 2010 Aug 28;376(9742):687-97.
- Janjigian YY, et.al. Lancet. 2023 Dec 9;402(10418):2197-2208.
- B. Janjigian YY, et.al. J Clin Oncol. 2024 Jun 10;42(17):2012-2020.
- 4. Xu J, et.al. JAMA. 2023 Dec 5;330(21):2064-2074.
- 5. Shitara K, et al. Lancet. 2023 May 20:401(10389):1655-1668.
- 6. Shah MA, et al. Nat Med. 2023 Aug:29(8):2133-2141.
- 7. Zev A. Wainberg, et al. Gastric Cancer. 2024 May;27(3):558-570.



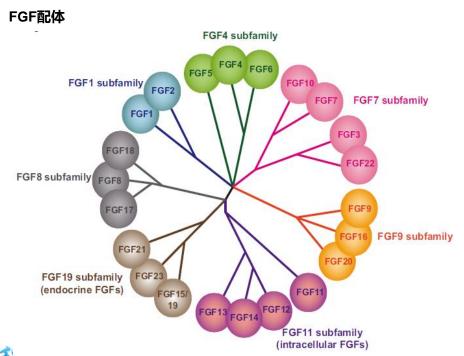
第二部分

胃癌新兴靶点—FGFR2b

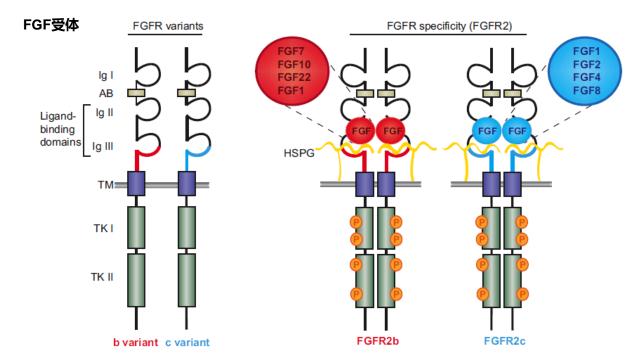


#### FGF/FGFR信号通路的组成

- ▶ **成纤维细胞生长因子 (FGFs)** : 是一组高度保守的多肽,包括23个因子,即FGF1-23。调节多种细胞的迁移、增殖、分化、存活、代谢 活动和神经功能。
- ▶ **成纤维细胞生长因子受体 (FGFRs)**:包含 4 个高度保守的跨膜受体FGFR1-4 和 1 个缺少胞内激酶区域的受体 FGFR5。FGFR蛋白由三个细胞外免疫球蛋白 (Ig) 结构域 (IgI, II, III) 、一个跨膜区域和细胞内酪氨酸激酶 (TK) 结构域组成; IgII和IgIII结构域形成配体结合口袋,可与不同的FGF配体特异性结合。



基于系统发育分析,FGFs可分为七个亚家族,但也有研究提出存在 8个FGF家族,FGF3形成一个单独的"家族",只有一个成员。



配体的特异性结合是由Ig-III域的选择性剪接产生的。Ig III的前半部分由一个固定外显子(IIIa)编码,该外显子拼接到一个外显子IIIb或IIIc,这两个外显子拼接到编码跨膜(TM)区域的外显子。上皮组织主要表达IIIb亚型,间充质组织表达IIIc。FGFR4表达为一个单一的亚型,与FGFR-IIIc相似。

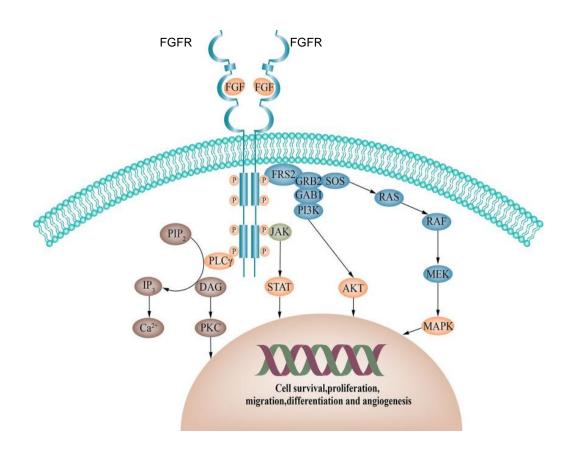
# FGFs和FGFR特异性结合,激活下游信号通路参与多种生物学功能

 信号转导: FGFs与其受体特异性FGFR结合后,通过诱导受体二聚化和自磷酸化激活下游Pl3K/AKT、RAS/MAPK、JAK/STAT及磷脂 酶Cγ (PLCγ) 信号通路,从而调节细胞生长、增殖、迁移、分化和血管生成等多种生物学功能。

#### 典型和内分泌型FGF的受体特异性<sup>1</sup>

| FGF subfamily         | FGF                            | Cofactor                     | Receptor specificity  |
|-----------------------|--------------------------------|------------------------------|---|
| FGF1 subfamily        | FGF1<br>FGF2                   | ]                            | [ All FGFRs<br>[ FGFR 1c, 3c > 2c, 1b, 4Δ                   |
| FGF4<br>subfamily     | FGF4<br>FGF5<br>FGF6           |                              | FGFR 1c, 2c > 3c, 4Δ  |
| FGF7<br>subfamily     | FGF3<br>FGF7<br>FGF10<br>FGF22 | + Heparin or Heparan sulfate | FGFR 2b > 1b  |
| FGF8 subfamily        | FGF8<br>FGF17<br>FGF18         | Sunate                       | FGFR 3c > 4Δ > 2c > 1c >> 3b                                |
| FGF9<br>subfamily     | FGF9<br>FGF16<br>FGF20         |                              | FGFR 3c > 2c > 1c, 3b >> $4\Delta$                          |
| FGF15/19<br>subfamily | FGF15/19<br>FGF21<br>FGF23     |                              | [ FGFR 1c, 2c, 3c, $4\Delta$ [ FGFR 1c, 3c [ FGFR 1c, 3c, 4 |

#### FGFR信号通路<sup>2</sup>



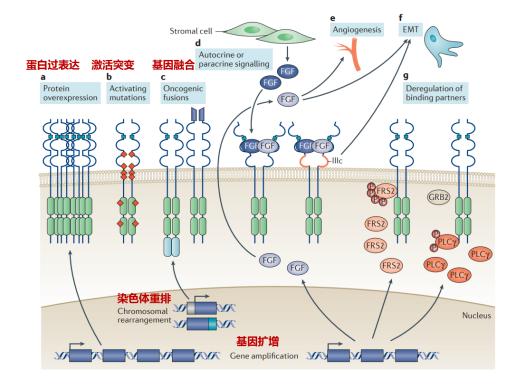
#### FGF/FGFR信号通路异常可能导致肿瘤的发生发展

- FGFR信号通路异常与多种肿瘤的发生和进展高度相关,包括胆管癌、尿路上皮癌、胃癌、多发性骨髓瘤、前列腺癌和肺癌等。
- FGFR信号通路异常可能通过多种机制促进肿瘤发生发展:包括FGFR异常、自分泌或旁分泌信号传导、血管生成、上皮-间质转化(EMT)及下游信号通路超活化等。
- 其中,FGFR异常主要包括:基因扩增、基因突变、基因融合,以及蛋白过表达。

#### 肿瘤中FGFR异常1

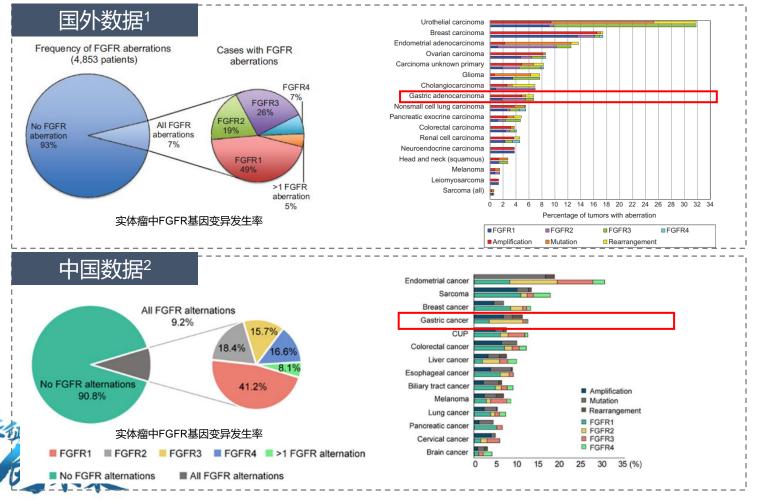
| Gene  | Type          | Site  | Cancers                        |
|-------|---------------|---|--------------------------------|
| FGFR1 | Amplification |   | Breast cancer (ER+)            |
|       |               |   | Gastric cancer                 |
|       |               |   | Lung cancer (SCC, SC)          |
|       |               |   | Ovarian cancer                 |
|       |               |   | Urothelial cancer              |
|       | Fusion        | FGFR1-TACC1                                       | Glioblastoma                   |
|       |               | BCR-FGFR1, CNTRL-FGFR1, ZMYM2-FGFR1, etc.         | MPN                            |
|       | Mutation      | N546K   | Ewing sarcoma                  |
|       |               | N546K, K656E                                      | Glioblastoma                   |
| FGFR2 | Amplification |   | Breast cancer (TNBC)           |
|       |               |   | Gastric cancer                 |
|       | Fusion        | FGFR2-AFF3, FGFR2-CASP7                           | Breast cancer                  |
|       |               | FGFR2-BICC1, FGFR2-PPHLN1, etc.                   | Cholangiocarcinoma             |
|       |               | FGFR2-CIT   | Lung cancer                    |
|       | Mutation      | R203C, N549K, K659N                               | Breast cancer                  |
|       |               | S252W, P253R, N549K, K659E                        | Endometrial cancer             |
|       |               | S252W, P253R, K659E                               | Lung cancer                    |
| FGFR3 | Amplification |   | Ovarian and urothelial cancers |
|       | Fusion        | FGFR3-TACC3                                       | Glioblastoma and lung cancer   |
|       |               | ETV6-FGFR3  | Lymphoma                       |
|       |               | t(4;14) (p16;q32)                                 | Multiple myeloma               |
|       |               | FGFR3-BAIAP2L1, FGFR3-JAKMIP1, FGFR3-TACC3        | Urothelial cancer              |
|       | Mutation      | R248C, S249C, G370C, Y373C, G380R, K650M          | Gallbladder cancer             |
|       |               | R248C, S249C, G370C, K650E                        | Lung cancer                    |
|       |               | R248C, Y373C, K650E/M                             | Multiple myeloma               |
|       |               | R248C, S249C, G370C, S371C, Y373C, N540S, K650E/M | Urothelial cancer              |
| FGFR4 | Mutation      | N535K, V550E                                      | Rhabdomyosarcoma               |

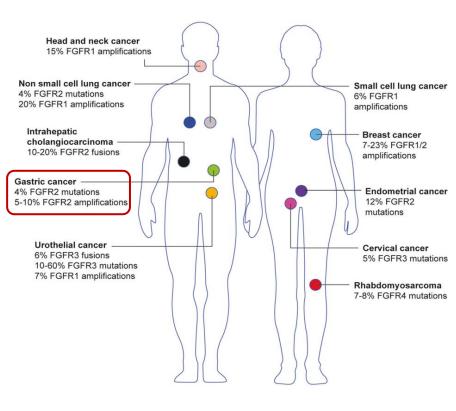
#### FGFR信号通路致癌机制<sup>2</sup>



#### FGFR 基因异常在多种恶性肿瘤中发生,在胃癌中主要为FGFR2 异常

- FGFR1-4基因异常在多种肿瘤中发生,但不同肿瘤突变基因、突变形式和发生率不同。
- 在尿路上皮癌中主要为FGFR3突变;在胆管癌中主要为FGFR2重排/融合;在胃癌中主要为FGFR2异常,FGFR2扩增相对常见,约5%~10%3。





# 在胃癌领域,针对FGFR 基因异常的靶向小分子TKIs尚处于早期研发阶段

- 目前共有4项泛FGFR抑制剂在尿路上皮癌和胆管癌中获批适应症。
- 但在胃癌治疗领域针对FGFR靶点尚无已获批药物,正在开发的药物以<mark>小分子TKIs</mark>(选择性TKIs和非选择性TKIs)居多<sup>1</sup>,但大部分药物 仍处于研发早期阶段且初步疗效不佳;可能的原因是小分子FGFR抑制剂的适应性和获得性耐药,以及受治疗相关毒性限制<sup>8</sup>。
- 小分子TKIs靶点检测方法为检测FGFR基因异常(NGS/PCR)。

FGFR TKIs靶点,已获批适应症及在胃癌临床研究初步结果

| 胞外 |   | FGFR                                  |   |   |
|----|---|---------------------------------------|---|---|
|    |   |                                       |   | _                                       |
| 胞内 | ●Non-selective FGFR TKIs Dovitinib Lucitanib Ponatinib Nintedanib Regorafenib S49076 Lenvatinib SOMCL-085 | PPPPPPPPPPPPPPPPPPPPPPPPPPPPPPPPPPPPP | ●Selective FGFR TKIs Erdafitinib (JNJ-42756493) Infigratinib (BGJ398) Pemigatinib (INCB054828) Rogaratinib (BAY1163877) Futibatinib (TAS-120) Derazantinib (ARQ 087) LY2874455 AZD4547 Debio 1347 (CH5183284) E7090 PRN1371 Alofanib (RPT835) | NGS/PCR检测 <sup>-</sup><br>FGFR基因异常<br>- |

| 72 Mm                 | अटमा | ₩m.Je       | ·····································      |          | 生胃癌中的    | 的临床研究及初步结果  |
|-----------------------|------|-------------|--|----------|----------|---|
| 药物                    | 类型   | 靶点          | 及国家  | 研究<br>分期 | 治疗<br>线数 | 初步结果  |
| Erdafitinib<br>(厄达替尼) | TKI  | FGF<br>R1-4 | FGFR2/3基因改变<br>尿路上皮癌≥2L<br><b>●</b>        | II       | ≥2L      | FGFR2/3突变或融合GC (N=8) <sup>2</sup><br>ORR 13%, mPFS 2.4m,<br>mOS 3.6m                      |
| Futibatinib           | TKI  | FGF<br>R1-4 | FGFR2融合/重排<br>胆管癌≥2L                       | 2        | ≥3L      | <i>FGFR2</i> 扩增GC (N=28 <sup>3</sup><br>ORR 17.9%, mPFS 2.9 m<br>mOS 5.9m                 |
| Infigratinib          | TKI  | FGF<br>R1-3 | FGFR2融合/重排<br>胆管癌≥2L<br><b>●</b> (24年5月撤回) | II       | ≥3L      | FGFR2扩增GC (N=19) <sup>4</sup><br>ORR 25%, mPFS 3.3m,<br>mOS 8m <mark>国内研发终止</mark>        |
| Pemigatinib<br>(佩米替尼) | TKI  | FGF<br>R1-3 | FGFR2融合/重排<br>胆管癌≥2L                       | II       | ≥2L      | 尚无胃癌数据报道  |
| AZD4547               | TKI  | FGF<br>R1-3 | 无  | II       | 2L       | <i>FGFR2</i> 扩增GC (N=18) <sup>5</sup><br>mPFS 1.5m, mOS 4.9m<br>均无改善, <mark>国内研发终止</mark> |
| Alofanib              | TKI  | FGF<br>R2   | 无  | lb       | ≥2L      | GC (N=21) <sup>6-7</sup><br>ORR 5.3%, mPFS 3.6m,<br>mOS 7m                                |

Ooki A, et al. Gastric Cancer. 2021 Nov;24(6):1169-1183, 2. Lancet Oncol. 2023 August ; 24(8): 925-935, 3. Satoh T, et al. Eur J Cancer. 2025 Jan 27;218:115262.

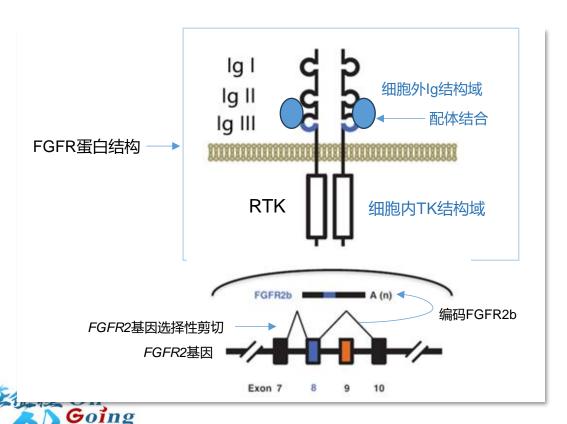
CPL304110

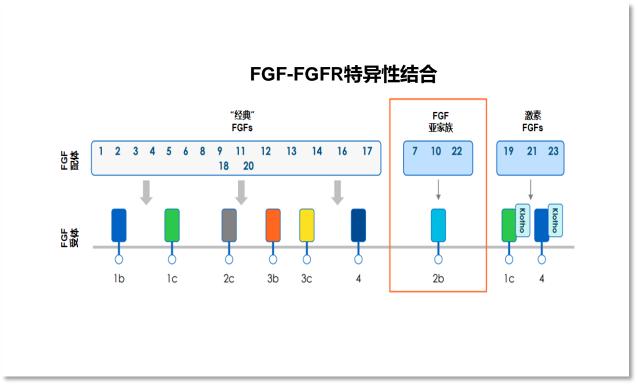
<sup>4. 2023</sup> ESMO 1527P. 5. Van Cutsem E, et al. Ann Oncol. 2017 Jun 1;28(6):1316-1324. 6. 2022 ASCO e16077; 7. Tsimafeyeu I, et al. Invest New Drugs. 2023 Apr;41(2):324-332.

<sup>8.</sup> Lau DK, et.al. Biomedicines. 2024 May 17;12(5):1117.

#### FGFR2b蛋白是由FGFR2 基因选择性剪切所编码,与FGF7/10/22选择性结合

- FGFR2的选择性剪接是 FGFR2 驱动的信号转导调节的另一种机制,因为选择性剪接的 FGFR2 亚型具有不同的配体结合亲和力。
- FGFR2b (FGFR2IIIb) 是由*FGFR*2 基因转录时发生选择性剪切,随后翻译产生的蛋白质之一,主要在上皮细胞中表达¹ ,
- 人体FGFs家族共包括22位成员,其中FGF7/10/22同属一个亚家族。 FGFR2b对FGF 7、10和22具有强亲和力2。

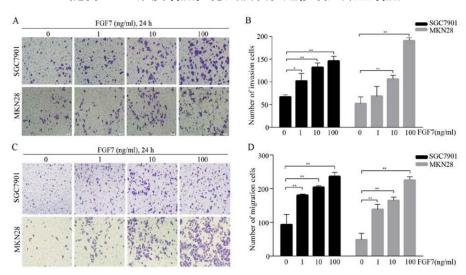




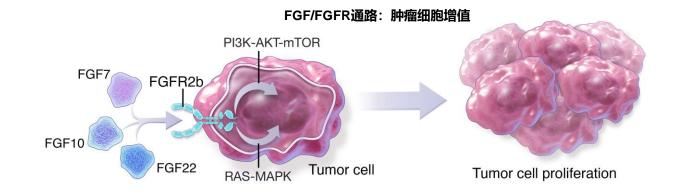
# FGF7/10/22与胃癌侵袭和迁移有关,与FGFR2b结合后促进胃癌细胞增殖

• 在胃癌中, FGF7可促进肿瘤细胞侵袭和迁移; FGF10也可以促进肿瘤细胞侵袭。

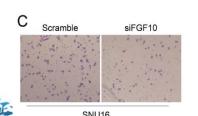
#### 随着FGF7浓度增加,胃癌侵袭和迁移细胞数量增加

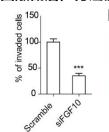


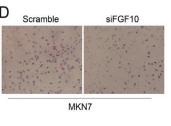
• FGF7/10/22可与FGFR2b选择性结合,结合后激活RAS-MAPK, PI3K-AKT-mTOR信号通路,促进肿瘤细胞增殖。

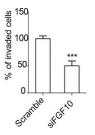


#### FGF10基因敲低后,胃癌侵袭细胞数量减少







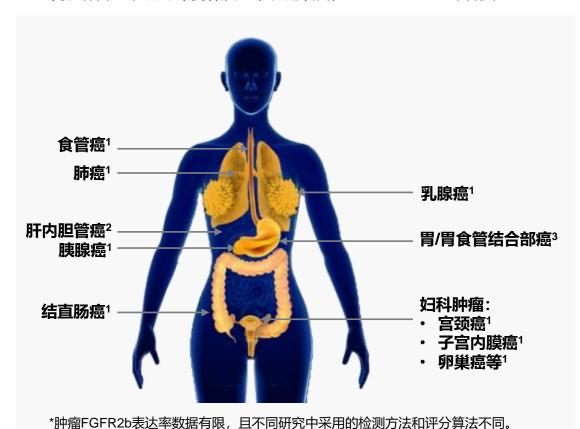


基因敲低是指在细胞或生物体中通过RNA干扰(RNAi)等方法降低目标基因表达水平,使其功能受到抑制:

siRNA: 短小的干扰RNA序列, 通过RNAi途径靶向RNA降解或保护mRNA免受翻译.

#### FGFR2b蛋白在多种肿瘤中过表达,约29%~38%的胃癌存在FGFR2b过表达

- FGFR2b在不同肿瘤类型、疾病分期和治疗线中的临床意义表达率可能不同,未来将可能成为热门研究领域<sup>1-3</sup>。
- 胃癌作为来源于胃黏膜上皮的肿瘤,29%~38%患者存在FGFR2b过表达4-6。



不同研究中不可切除局晚期/转移性胃癌患者FGFR2b过表达情况4-6

|                               | FIGHT研究<br>(2期) <sup>4</sup> | 日本单中心研究<br>(RWD) <sup>5</sup> | FORTITUDE-101<br>研究(3期) <sup>6</sup> |
|-------------------------------|------------------------------|-------------------------------|--------------------------------------|
| 筛选样本量                         | 910                          | 128                           | 3782                                 |
| FGFR2b过表达<br>(任何 2+/3+) 发生率   | 30%                          | 29%                           | 38%                                  |
| FGFR2b过表达<br>(≥10% 2+/3+) 发生率 | 19%                          | 11%                           | 16%                                  |

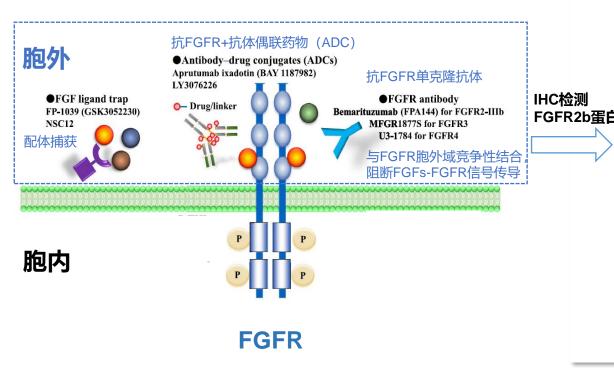
FGFR2b (任何 2+/3+) : 经IHC检测到任意肿瘤细胞FGFR2b膜染色2+/3+ FGFR2b (≥10% 2+/3+) : 经HC检测到≥10%肿瘤细胞FGFR2b膜染色2+/3+

▲在多种肿瘤中发现FGFR2b蛋白表达1-3



# FGFR2b成为胃癌新兴靶点, 靶向FGFR2b过表达的贝玛妥珠单抗"一骑绝尘",已进入III期临床

- 在胃癌治疗领域,靶向FGFR2b过表达的贝玛妥珠单抗 (Bemarituzumab, Bema) 是目前唯一进入III期临床研究的药物。
- 靶点FGFR2b蛋白使用IHC检测。



#### FGFR单抗和ADC在研临床研究及初步结果

|          | 药物名称        | 类型  | 靶点     | 领域  | 研究分期                    | 治疗<br>线数 | 初步结果   |
|----------|-------------|-----|--------|-----|-------------------------|----------|--|
| <b>白</b> | 贝玛妥珠单抗      | 单抗  | FGFR2b | 胃癌  | 期完成<br>   期入组完成,<br>随访中 | 1L       | 联合化疗 ORR 56.5%<br>mPFS 14m<br>mOS 24.7m<br>(FGFR2b 2+/3+≥ 10%) |
|          | BAY 1187982 | ADC | FGFR2  | 实体瘤 | I期                      | ≥2L      | 共入组2例胃癌<br>1例PD,<br>1例AE不能耐受,<br><mark>研究提前终止</mark>           |
|          | BG-C137     | ADC | FGFR2b | 实体瘤 | I期                      | ≥2L      | 尚未报道   |
|          | ALK201      | ADC | FGFR2b | 实体瘤 | 1期                      | ≥2L      | 尚未报道   |
|          |             |     |        | _   | -                       | _        |  |



#### 贝玛妥珠单抗: 靶向FGFR2b受体的特异性lgG1抗体, 开启晚期胃癌抗FGFR2b治疗时代

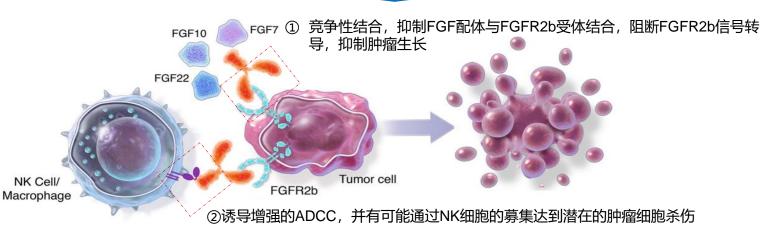
#### 贝玛妥珠单抗是一种同类首创的选择性结合FGFR2b的人源化IgG1单克隆抗体

- 具有<mark>高选择性</mark>,特异性阻断FGF7、FGF10和FGF22等FGF配体与FGFR2b的结合,不干扰其他FGF/FGFR亚家族的结合,可最大限度地减少 泛FGFR抑制剂带来的潜在的副作用(如,泛-FGFR抑制剂破坏FGF23-FGFR的结合易导致高磷血症)
- Fc段经过糖基工程化处理,删除了一个特定氨基酸的核心岩藻糖,增强与NK细胞的结合力,IgG1抗体的去岩藻糖基化可增强ADCC

# 贝玛妥珠单抗结构 阻断配体结合FGFR2b受体 Asn<sup>297</sup> 增强ADCC Asn<sup>297</sup>: 抗体Fc段重链第297位天冬酰胺残基处为Fc段糖基化 位点; ADCC: 抗体依赖细胞介导的细胞毒性; FGF: 成纤维 细胞牛长因子: lqG1: 免疫球蛋白G1: NK: 自然杀伤细胞

# FGF/FGFR通路: 肿瘤细胞增值 FGF10 FGF22 RAS-MAPK Tumor cell Tumor cell proliferation

#### 贝玛妥珠单抗发挥<mark>双重作用机制</mark>,阻断生长因子信号



# 贝玛妥珠单抗联合化疗在一线FGFR2b过表达胃癌患者中临床获益显著,已开展Ⅲ 期临床研究进行验证

• 无论FGFR2b过表达(任何2+/3+)人群,还是FGFR2b过表达(≥10% 2+/3+)人群,贝玛妥珠单抗联合mFLOFOX6均可显著改善患者的生存,且在东亚亚组中获益更为明显。

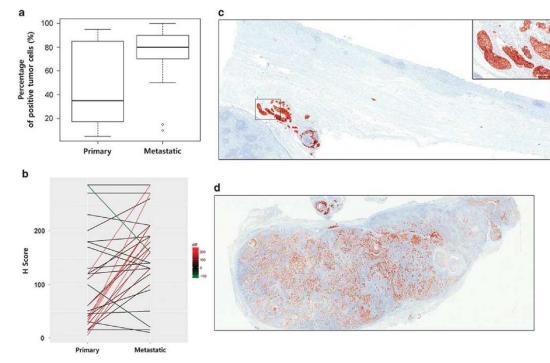
|             | 总体人群(N=155) |           |           |              |           | 东亚人群(N=89) |           |              |
|-------------|-------------|-----------|-----------|--------------|-----------|------------|-----------|--------------|
|             | FGFR2b过表达   | (任何2+/3+) | FGFR2b过表达 | (≥10% 2+/3+) | FGFR2b过表达 | (任何2+/3+)  | FGFR2b过表达 | (≥10% 2+/3+) |
|             | 贝玛妥珠单抗组     | 安慰剂组      | 贝玛妥珠单抗    | 安慰剂组         | 贝玛妥珠单抗    | 安慰剂组       | 贝玛妥珠单抗    | 安慰剂组         |
| 例数,n        | 77          | 78        | 46        | 52           | 45        | 44         | 29        | 31           |
| ORR, n(%)   | 37 (48.1)   | 26 (33.3) | 26 (56.5) | 19 (36.5)    | 22 (48.9) | 15 (34.1)  | 15 (51.7) | 11 (35.5)    |
| CR          | 4 (5.2)     | 2 (2.6)   | 2 (4.3)   | 1 (1.9)      | 3 (6.7)   | 1 (2.3)    | 2 (6.9)   | 0            |
| PR          | 33 (42.9)   | 24 (30.8) | 24 (52.2) | 18 (34.6)    | 19 (42.2) | 14 (31.8)  | 13 (44.8) | 11 (35.5)    |
| SD          | 29 (37.7)   | 38 (48.7) | 12 (26.1) | 20 (38.5)    | 17 (37.8) | 23 (52.3)  | 9 (31)    | 12 (45.2)    |
| mPFS, 月     | 9.5         | 7.4       | 14        | 7.3          | 12.9      | 8.2        | 17.9      | 7.6          |
| HR (95% CI) | 0.72 (0.49  | 9–1.08)   | 0.43 (0.2 | 6-0.73)      | 0.50 (0.2 | 9–0.87)    | 0.28 (0.1 | 3–0.57)      |
| mOS, 月      | 19.2        | 13.5      | 24.7      | 11.1         | 24.7      | 12.9       | 30.1      | 12.9         |
| HR (95% CI) | 0.77 (0.52  | 2–1.14)   | 0.52 (0.3 | 1–0.85)      | 0.56 (0.3 | 2–0.96)    | 0.43 (0.2 | 2–0.86)      |

#### FGFR2b过表达与胃癌分化差、淋巴结转移等有相关性

弥漫型胃癌FGFR2b过表达频率高于肠型,FGFR2b过表达在分化较差的肿瘤中更为频繁,在淋巴结转移阶段的肿瘤中更常见,提示了FGFR2b过表达可能与胃癌细胞侵袭有关联,FGFR2b过表达在更高T和N阶段的肿瘤中更频繁,与FGFR2扩增的发现一致。

|          |           |                     | FGFR2b IHC       | 检测   |           |
|----------|-----------|---------------------|------------------|------|-----------|
| 分类       |           | 未过表达<br>(n=1901, %) | 过表达<br>(n=73, %) | 阳性率  | P值        |
|          | 高分化 (W/D) | 36                  | 1                | 2.7% |           |
|          | 中分化 (M/D) | 460                 | 4                | 0.9% |           |
| W.ロヘンギョ  | 低分化 (P/D) | 855                 | 43               | 4.8% | < 0.001a  |
| WHO分型    | 印戒细胞      | 418                 | 21               | 4.8% | < 0.00 Ta |
|          | 粘液性胃癌     | 71                  | 0                | 0.0% |           |
|          | 其它        | 61                  | 4                | 6.2% |           |
|          | 肠型        | 659                 | 14               | 2.1% |           |
| Lauren分型 | 弥漫型       | 1195                | 56               | 4.5% | 0.010a    |
|          | 混合型       | 47                  | 3                | 6.0% |           |
|          | pT1       | 155                 | 0                | 0.0% |           |
| ᅮᄼᄔᄱ     | pT2       | 493                 | 17               | 3.3% | 0.050     |
| T 分期     | pT3       | 1047                | 46               | 4.2% | 0.058     |
|          | pT4       | 206                 | 10               | 4.6% |           |
|          | pN0       | 261                 | 8                | 3.0% |           |
| NI /\#0  | pN1       | 599                 | 16               | 2.6% | 0.000     |
| N 分期     | pN2       | 448                 | 12               | 2.6% | 0.006     |
|          | pN3       | 593                 | 37               | 5.9% |           |
| M ∕\₩□   | рМ0       | 1723                | 64               | 3.6% | 0.206     |
| M 分期     | pM1       | 178                 | 9                | 4.8% | 0.396     |

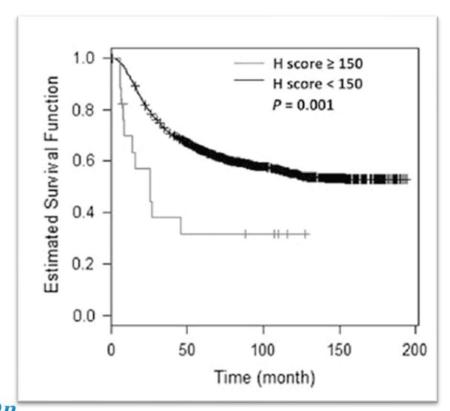
• 与原发性胃癌组织相比,转移性淋巴结中FGFR2b的过表达显著更高,提示FGFR2b在肿瘤转移侵袭中的重要作用;



- a.淋巴结中免疫组化阳性肿瘤细胞的百分比(平均75%)显著高于原发性胃癌组织中的百分比(平均47%;P< 0.001);
- b.转移性淋巴结中的FGFR2b H评分(平均170)高于匹配的原发性胃组织中的H评分(平均103;P< 0.001);
- c.尽管只有少数肿瘤群体的淋巴栓塞在胃组织中显示了FGFR2b的过表达(途中显示了更高的放大倍数);
- d.但大多数转移性淋巴结肿瘤都显示了FGFR2b的过表达。

#### FGFR2b过表达与胃癌预后不佳相关

- FGFR2b过表达可能与较差预后相关联,对患者预后评估有预测价值:
  - H-Score模型分析提示H-Score≥150患者预后更差;
  - 多变量分析显示,H-score(≥150)是独立预后因素;



| Parameters           | Odds ratio (95% CI) | P value |
|----------------------|---------------------|---------|
| T stage              |                     | < 0.001 |
| T1 vs T2             | 2.089 (1.327-3.288) |         |
| T1 vs T3             | 3.397 (2.204-5.234) |         |
| T1 vs T4             | 5.966 (3.790-9.391) |         |
| N stage              |                     | < 0.001 |
| No vs N1             | 1.307 (0.983-1.737) |         |
| No vs N2             | 1.940 (1.473-2.556) |         |
| No vs N3             | 3.058 (2.363-3.958) |         |
| FGFR2b IHC H-score   |                     | 0.038   |
| $< 150 \ vs \ge 150$ | 1.836 (1.034-3.261) |         |

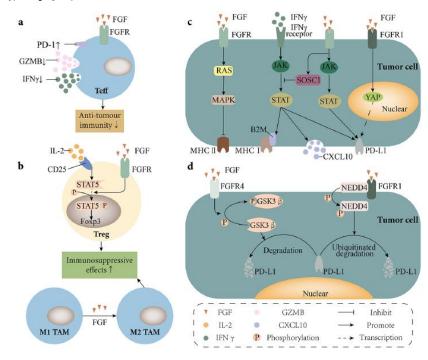
▲多变量分析预测生存因素 (Cox比例风险模型)

**Going** ▲ 根据FGFR2b H-Score评分进行Kaplan-Meier总生存分析

\*H-评分是处理免疫组化结果的一种组织学评分方法。将每张切片内阳性的细胞数量及其染色强度转化为相应的数值, .达到对组织染色半定量的目的

#### 免疫治疗联合化疗在FGFR2过表达的胃癌患者中可能疗效不佳

- · FGFR信号通路对肿瘤微环境的影响1:
- · FGFR信号通路通过促进T细胞耗竭、抑制IFN-γ和GZMB (颗粒酶 B)的分泌、促进Treg细胞的存活和M2型巨噬细胞的极化等,这些机制共同促进免疫逃逸和肿瘤生长。可能导致对免疫检查点 (ICB) 治疗反应不佳。

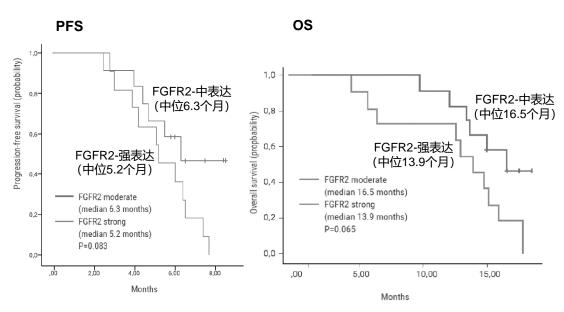




FGFR 信号转导对 TME 的影响。a.|FGF/FGFR通过效应 T 细胞促进 PD-1 表达并减少 IFNy 和 GZMB 分泌,从而降低 T 细胞的抗肿瘤免疫。b.|FGF/FGFR通过辅助 IL-2 介导的 STAT5 磷酸化促进 Treg 细胞存活。FGF 还促进 TAMs 的 M2 型极化。FGF/FGFR 的这些功能可增强免疫抑制作用。c.|FGF/FGFR信号转导通过 RAS/MAPK 通路直接抑制 MHC II 表达。同时,FGF/FGFR信号转导也抑制干扰素介导的 MHC I 和 PD-L1 的表达以及通过 SOSC1 分泌CXCL10。此外,FGF/FGFR信号转导通过 JAK/STAT 通路促进 PD-L1 表达,并通过上调 YAP 启动 PD-L1 转录。d.|一方面,FGFR4通过促进GSK3β在 Ser 9 位点的磷酸化来减少 PD-L1 的降解。另一方面,FGFR1通过促进 NEDD4 磷酸化促进泛素化 PD-L1 的降解。

#### FGFR2过表达患者,免疫治疗疗效可能更差2:

• NIVOFGFR2研究评估了纳武利尤单抗治疗PD-L1和FGFR2 共表达转移性胃癌患者疗效: **免疫治疗疗效有限**, **且FGFR2表 达越高**, **免疫治疗疗效越差**。

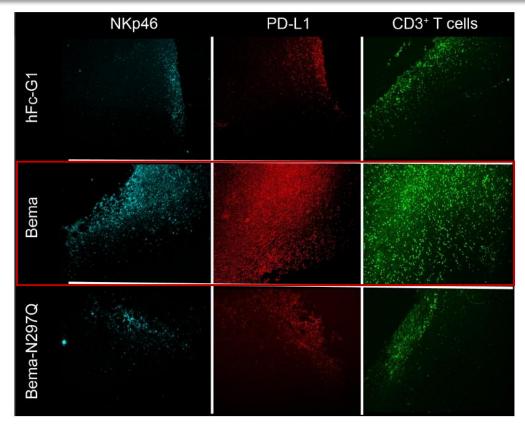


▲ NIVOFGFR2研究中不同FGFR2表达患者PFS和OS分析

- 肿瘤细胞 FGFR2 表达定义为在至少100个存活肿瘤细胞样本中评估的至少1%存活肿瘤细胞中存在部分或完全膜染色。表达水平分为中度 (2 +) 或强 (3 +)。(Abam FGFR2 抗体)
- PD-L1定义为CPS≥5 (DAKO 28-8)

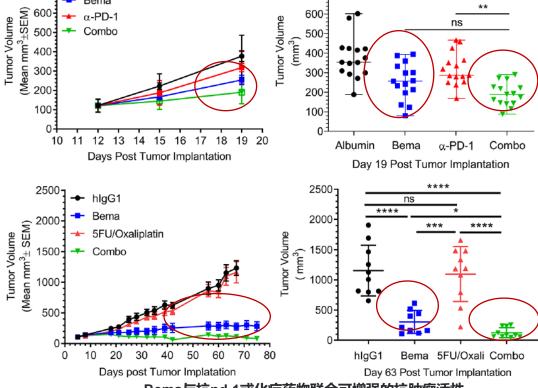
#### 贝玛妥珠单抗联合免疫和化疗可增加抗肿瘤疗效,已开展Ⅲ期临床研究进行验证

- 贝玛妥珠单抗治疗诱导肿瘤微环境中PD-L1表达细胞的增加,提示贝玛妥珠单抗可能与PD-1/PD-L1抑制剂有效联合以进一步抑制肿瘤生长,为与免疫治疗联合用药提供了依据。
- 临床前研究提示,与对照组相比,抗PD-1抗体单独给药对肿瘤负荷的影响较小;而贝玛妥珠单抗单独给药显著抑制了肿瘤负荷,抑制程度约为 30%;然而两者联用后肿瘤生长抑制程度可进一步提高约20%。表明对于中度表达FGFR2b的肿瘤,调节这2种途径可能导致有效性增强并持续。
- 已开展1b/3期 FORTITUDE-102研究: **贝玛妥珠单抗联合Nivo和化疗**对比**Nivo联合化疗**在不可切除局部晚期或不适合根治性治疗的转移性 GEJ/GC患者,**目前已结束入组,正在随访中**



#### Bema诱导肿瘤特异性免疫谱改变

hFc-G1: Fc-lgG1; Bema-N297Q: 除去297位糖基化; Albumin: 白蛋白



700-

Bema与抗pd-1或化疗药物联合可增强的抗肿瘤活性

仅供医疗卫生专业人士学术参考之用(请勿分发或转发) 本文提及的药品和相关适应症尚未过得国家药品监督管理局的批准



# 第三部分

# 精准检测为胃癌诊疗保驾护航



# 近年来,越来越多生物标志物出现,助力胃癌精准诊疗发展

| 生物标志物      | 胃癌中表达率或突变率*  | 检测方法   | 推荐检测标本类型                                   |
|------------|--|--|--|
| ERBB2/HER2 | 12%~13%¹   | IHC和FISH   | 组织   |
| MSI-H      | ~6% <sup>2</sup>   | IHC和NGS; PCR   | 组织或组织来源的DNA标本                              |
| EBV阳性      | ~10%³  | ISH  | 组织   |
| PD-L1      | 49.2% CPS ≥ 5 <sup>4</sup>   | IHC  | 组织   |
| FGFR2b 过表达 | 29%—38% <sup>5,7,8,a</sup> (任何 2+/3+)<br>11%~19% <sup>5,7,8,a</sup> (≥10% 2+/3+) | IHC  | 组织<br>···································· |
| CLDN18.2   | 35% <sup>6,b</sup> (≥75% 2+/3+)  | IHC  | 组织   |
| 肿瘤测序       | NTRK, EGFR, MET 扩增   | NGS 检测 <i>NTRK</i> ; IHC/FISH 检测<br><i>EGFR</i> ; ISH检测 <i>MET</i> | 组织   |
| 循环肿瘤DNA    | 疗效监测或复发监测  | NGS及ddPCR  | 血浆   |

<sup>\*</sup>a估计的范围基于一项纳入910例局部晚期或转移性G/GEJ癌预筛选患者的II期试验,其中274例患者(30%)通过IHC预筛选为FGFR2b任何2+/3+肿瘤细胞染色阳性,在入组的155例受试者中,96例受试者(62%)的IHC显示FGFR2b≥10%2+/3+肿瘤细胞染色, b调整了CLDN18.2阳性的临界值(从FAST的≥70%调整为SPOTLIGHT的≥75%)

ERBB2/HER2,人表皮生长因子受体2; MSI,微卫星不稳定; EBV,Epstein-Bar病毒; PD-L1,程序性死亡配体1; FGFR2b,成纤维细胞生长因子受体2,亚型IIIb; CLDN18.2,claudin-18亚型2; DNA,脱氧核糖核酸; CPS,联合阳性评分; NTRK,神经营养因子受体酪氨酸激酶; EGFR,表皮生长因子受体;MET,间质-上皮细胞转化因子; IHC,免疫组化; FISH,荧光原位杂交; ISH,原位杂交; NGS,下一代测序; ddPCR,微液滴数字聚合酶链反应;

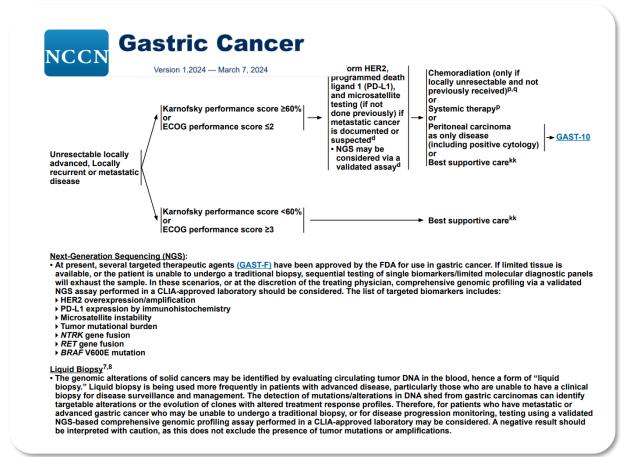


- 8. Rha SY, et al. JCO Precis Oncol. 2025 Jan:9:e2400710.

# 多项生物标志物检测获得指南推荐,用于指导胃癌精准治疗

- HER2、PD-L1以及微卫星不稳定性(MSI)/ 错配修复(MMR)是常见的胃癌检测标志HER2处于优先推荐,与临床指南中的推荐等级一致。
- CSCO指南中推荐的为FGFR2基因检测,尚未推荐FGFR2b检测,NCCN指南中均未提及。





# FGFR2b过表达并不一定由FGFR2基因扩增引起,采用IHC检测FGFR2b过表达至关重要



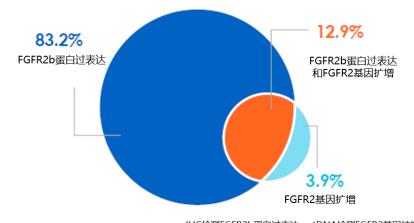
基因扩增是指特定基因拷贝数的增加,是导致蛋白过表达的因素之一

蛋白过表达则是个复杂的生物学过程,除基因扩增外,其他生物学过程 程(如转录调控、翻译调控、蛋白质合成和降解 失调等)也会导致蛋白过表达

- · 胃癌中FGFR2b过表达与FGFR2扩增存在相关性,但不完全一致;
- · 使用IHC针对性检测FGFR2b蛋白过表达非常重要。
- ✓ 一项研究显示¹, 28例FGFR2b过表达<sup>®</sup>患者中,61%未检测到FGFR2扩增\*
- ✓ 同样地,在FIGHT研究<sup>2</sup>中,FGFR2b过表达<sup>&</sup> 患者数 > *FGFR*2扩增<sup>#</sup>患者数







IHC检测FGFR2b蛋白过表达,ctDNA检测FGFR2基因扩增



# 临床研究中FGFR2b IHC检测结果判读

| 临床研究          | 分期     | 治疗方案  | <b>关键入组标准</b>                                    | 纳入FGFR2b过表达<br>人群  |
|---------------|--------|---|--|--|
| FIGHT         | II     | 贝玛妥珠单抗+mFOLFOX6<br>vs. mFOLFOX6   | FGFR2b过表达<br>和/或<br>FGFR2基因扩增                    | FGFR2b IHC+:<br><b>任何2+/3+</b><br>和/或<br><i>FGFR</i> 2 ctDNA 扩增<br>(阈值为提高1.5倍) |
| FORTITUDE-101 | III    | 贝玛妥珠单抗+mFOLFOX6<br>vs. mFOLFOX6   | FGFR2b过表达  | FGFR2b IHC+:<br>≥10% 2+/3+   |
| FORTITUDE-102 | lb/III | 第1部分:<br>贝玛妥珠单抗+<br>mFOLFOX6+纳武利尤单抗<br>第2部分:<br>贝玛妥珠单抗+mFOLFOX6/<br>CAPOX+纳武利尤单抗 vs<br>mFOLFOX6/ CAPOX+纳武<br>利尤单抗 | lb: 无论<br>FGFR2b是否过<br>表达<br>III期: FGFR2b<br>过表达 | Ib期:不限制<br>FGFR2b表达<br>III期: FGFR2b IHC+:<br>≥10% 2+/3+                        |

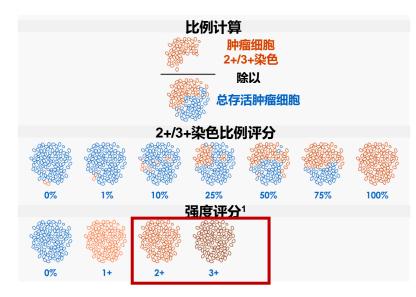
临床研究中使用 VENTANA FGFR2b(FPR2-D)RxDx 检测法对组织标本中的 FGFR2b 蛋白过表达状态进行预筛选。

临床研究 ・ 任何 2+/3+: 任意肿瘤细胞FGFR2b膜染色2+/3+

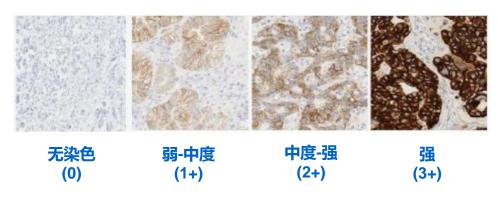
入组标准 ・ ≥10% 2+/3+: ≥10%肿瘤细胞FGFR2b膜染色2+/3+

# 度發程 On Going

#### IHC比例和强度评分\*



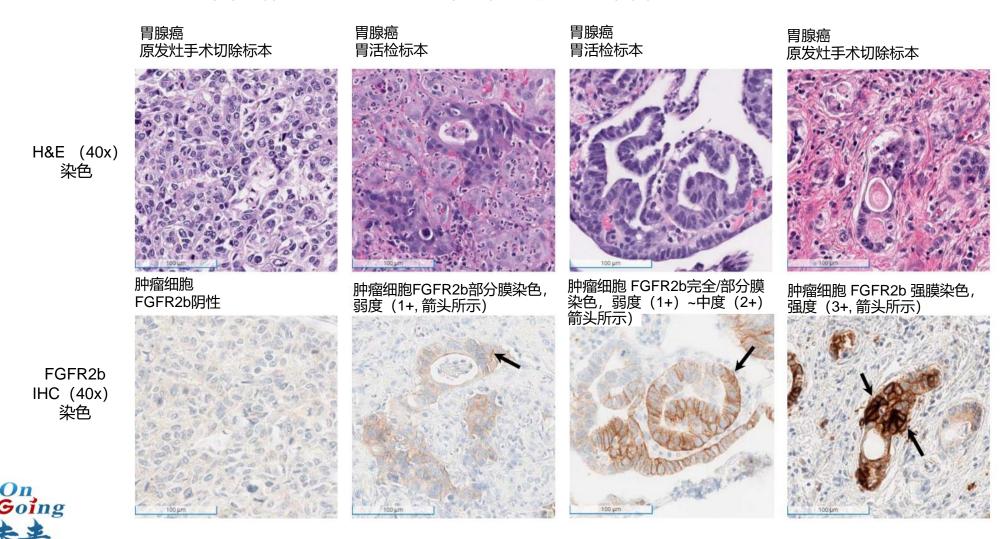
#### IHC染色评分系统 1,2



\*本幻灯片的图片仅供教育用途,并不能代表其他任何内容

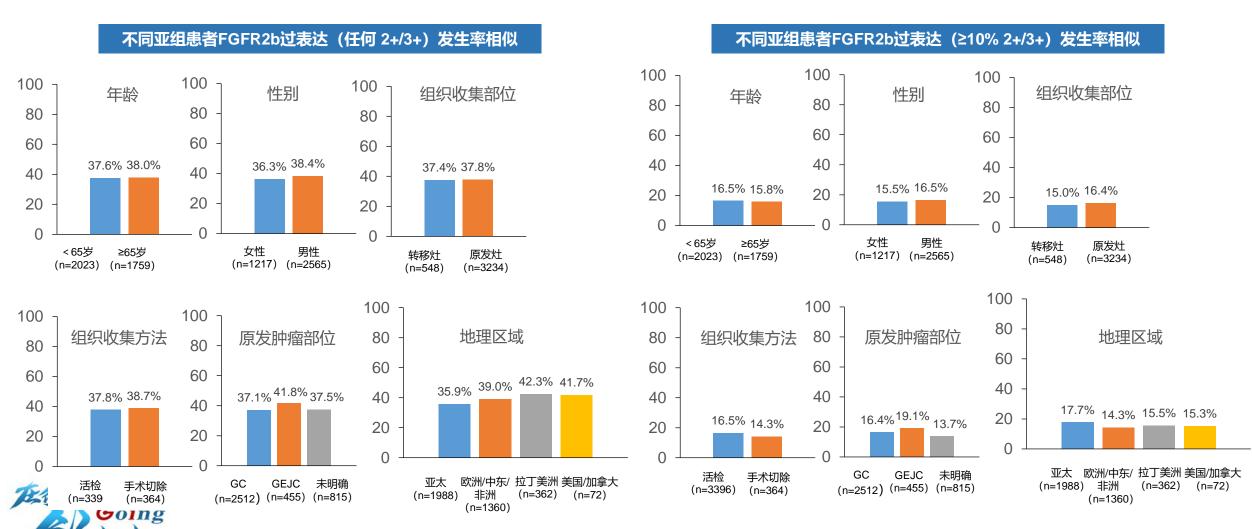
# FGFR2b IHC检测结果示例

· 来自FORTITUDE-101研究中不同样本FGFR2b IHC检测不同染色强度的代表性图片:



# 不同亚组胃癌患者FGFR2b过表达发生率相似,均与整体人群保持一致

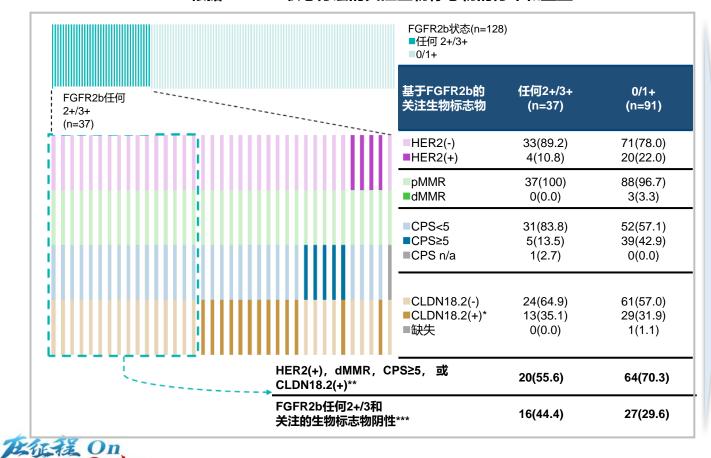
• 来自3期FORTITUDE-101研究中3782例预筛选的不可切除局晚期/转移性胃癌患者,不同亚组患者FGFR2b过表达情况如下:



#### FGFR2b过表达与其他生物标志物存在重叠,或将重塑胃癌一线治疗新格局

・日本初步研究提示FGFR2b过表达与其他生物标志物存在重叠,需在更大样本/更广泛人群中进一步探索

#### 根据FGFR2b状态分层的关注生物标志物的分布和重叠

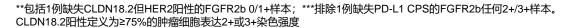


#### 其他生物标志物阳性患者中 FGFR2b过表达(任何2+/3+)的发生率

| FGFR2b+<br>16.6% (4/24)     | HER2+       |  |
|-----------------------------|-------------|--|
|                             | dMMR        |  |
| <b>FGFR2b+ 11.4%</b> (5/44) | PD-L1 CPS≥5 |  |
| FGFR2b+<br>31.0% (13/42)    | CLDN18.2+   |  |

#### FGFR2b过表达 (任何2+/3+) 患者中 其他生物标准物均阴性的发生率

| 其他生物标志物均阴性           | FGFR2b+ |
|----------------------|---------|
| <b>44.4%</b> (16/37) | FGFR2D+ |



Going

# HC检测方法的优势

# IHC检测:精准锁定FGFR2b过表达人群,解锁胃癌治疗新策略

- IHC是目前肿瘤病理诊断最为常规使用的检测方法之一,常规用于胃癌生物标志物检测,且具有诸多优势。
- FGFR2b IHC检测抗体可及。

- 方法便捷, 临床普及率高;
- 检测周期短,通常1-4天;
- 高灵敏度 (最高可达100%) 和高特异性 (在不同

检测类型之间具有高度一致性的总体最佳特异性);

#### 目前FGFR2b相关的检测抗体

| 抗体                                | 厂家                          | 试剂分类                     |
|-----------------------------------|-----------------------------|--------------------------|
| VENTANA FGFR2b(FPR2-D)<br>小鼠单克隆抗体 | Roche Tissue<br>Diagnostics | 贝玛妥珠单抗<br>伴随诊断<br>(尚未获批) |
| FGFR2b单克隆抗体(ME033)<br>兔单克隆抗体      | 厦门艾德                        | 国内I类试剂                   |
| FGFR2b单克隆抗体(ADx018)               | 苏州迈杰                        | 国内I类试剂                   |



生

物

标

志

物

检

流

建立标准化FGFR2b检测流程,确保FGFR2b检测的可靠性和可重复性,有助于评估患者预后,以及识别适合接受 FGFR2b靶向治疗人群,指导后续精准治疗。

肿瘤活检或手术样本 检测报告发送给肿瘤 使用IHC鉴定蛋白质 肿瘤活检或手术 生物标志物(如HER2, 30-60min内 医生,记录结果,并 样本收集 送至实验室 PD-L1) 与患者讨论治疗方案 FGFR2b可以添加到 建议在3~5个工作日内 追加检测可以加快生物 提供HER2, FGFR2b等 检测医嘱集或申请表中 标志物的检测 检测报告



- 1. Ye DM, et al. Oncol Lett. 2020;19:17-29.
- 2. Catenacci DV, et al. Future Oncol. 2019;15:2073-2082.
- 3. Gregg JP, et al. Transl Lung Cancer Res. 2019;8:286-301.
- 4. Levy BP. et al. Oncologist. 2015;20:1175-1181.

- van der Velden DL. et al. Ann Oncol. 2017;28:3070-3075.
- Bartley AN, et al. J Clin Oncol. 2017;35:446-464
- Oncology PRO. https://oncologypro.esmo.org/education-library/factsheets-on-biomarkers/her2-in-gastric-cancer.Accessed August 21, 2023.
- Lau-Min KS, et al. Cancer. 2021;127:2562-2570.

# 总结

- ✓ 胃癌中针对FGFR2基因异常的药物以**小分子TKIs**为主,大多处于研发早期阶段且**初步疗效不佳**。
- ✓ 约29%~38%的胃癌患者存在FGFR2b蛋白过表达,与胃癌分化差、淋巴结转移、不良预后和免疫治疗疗效有限相关。
- ✓ 贝玛妥珠单抗联合化疗显著改善FGFR2b过表达一线胃癌患者的生存结局,联合免疫治疗可进一步抑制肿瘤生长。
- ✓ FGFR2b过表达≠FGFR2扩增,建议采用IHC检测FGFR2b过表达。
- ✓ 由于FGFR2b过表达与其他生物标志物存在重叠,未来胃癌一线治疗格局或将发生变化。**精准检测,方能高效获**益。因此,加速推进FGFR2b检测至关重要,为胃癌患者点亮精准治疗之路!





