Gelungene Vernetzung: genomDE!



Oliver Kohlbacher

Universität Tübingen und Universitätsklinikum Tübingen



Personalized/Genomic Medicine







Genomische Medizin – Lokal - National - Global

- Genome sind individuell aber genomische Medizin lebt von der Vielfalt!
 - Ähnlichkeiten zwischen Genomen leiten Therapieauswahl
 - KI-Modelle sind 'datenhungrig'
- Datennutzung über die Grenzen eines Krankenhauses hinweg ist zwingend notwendig
- Daten eines Falls müssen im Kontext vergleichbarer Fälle interpretiert werden – national und global
- Gleichzeitig: Daten müssen vor Missbrauch geschützt werden!





Vision – Genomische Medizin!



- Deutschland hat in den letzten 20 Jahren eine Reihe von führenden Beiträgen und Initiativen zur Genommedizin in Forschung und Versorgung entwickelt
- Bundesministerium für Gesundheit hat Nationale Strategie für Genommedizin entwickelt
- Ausarbeitung dieser Strategie erfolgte durch ein BMG-finanziertes Projekt genomDE

genomDE- Nationale Strategie für Genommedizin



Februar 2019

Start Nationale Strategie genomDE Juli 2020

Start EU-Strukturprojekt Juli 2021

Inkrafttreten § 64e SGB V Modellvorhaben Januar 2024

Start Modellvorhaben nach § 64e SGB V

Januar 2020 Beitritt 1+ Million

Genomes

November 2020

Erste Vorstellung genomDE

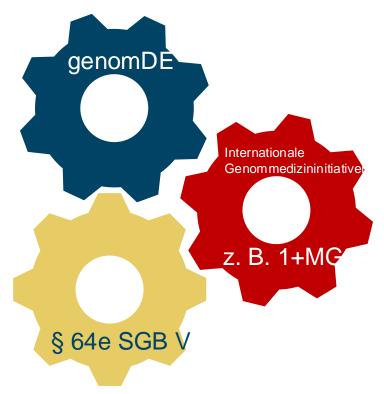
Oktober 2021

Start Initiative genomDE

https://www.bundesgesundheitsministerium.de/themen/gesundheitswesen/personalisierte-medizin/genomde-de.html



Grundsätze & Herausforderungen



- Zentrale Aufgaben:
 - Patientenversorgung
 - Medizinische Forschung
 - Evaluation des Verfahrens



- Akzeptanz und Information
- Governance-Konzept, patienten- und kompetenznah
- Datenschutz & Einwilligungskonzept
- Technisches Konzept & Kostenschätzung
- Nachnutzung existierender Strukturen und nationaler Initiativen (MII/NUM, NFDI, medizinische Register u.a.)
- Kooperation und Austausch mit Akteuren des Modellvorhabens gemäß §64e SGB V mit BfArM, RKI und GKV-SV
- Internationale Anbindung im Forschungskontext (z.B. 1+MG) wie im Versorgungskontext (z.B. EHDS)
- Brücken zwischen Klinik, Humangenetik, Bioinformatik, und Medizininformatik

Historie und Ausgangslage für das genomDE-Projekt



genomDE

Pilotprojekt zum Aufbau einer bundesweiten Plattform zur medizinischen Genomsequenzierung

R. 116 BMG

genomDE

Recherche (TMF, ZSE, IGES)

Q4 2019

Recherche 06.Dez.2019

Erfolgsmodelle
Genommedizin-Initiativen
in DE

genomDE

EU-Projektförderung Konzept - **SRSP** genomDE

BMG-Förderaufruf 15.07.2021

Q3 2021

Q3 2020 - Q2 2021

Kick-off 30.Nov.2020 Konsortium + Antrag Mai – August 2021



genomDE



BMG-Zuwendung

Q4 2021 - 31.12.2024

Vorzeitiger Maßnahmenbeginn am **01.10.2021**





§64e SGB V

Modellvorhaben Genomsequenzierung

R. 116 BMG et al.

genom

Q1 2021

Q2 – Q3 2021

März 2021

GVWG ÄA CDU/CSU & SPD: "Modellvorhaben

Genomsequenzierung"

11.07.2021

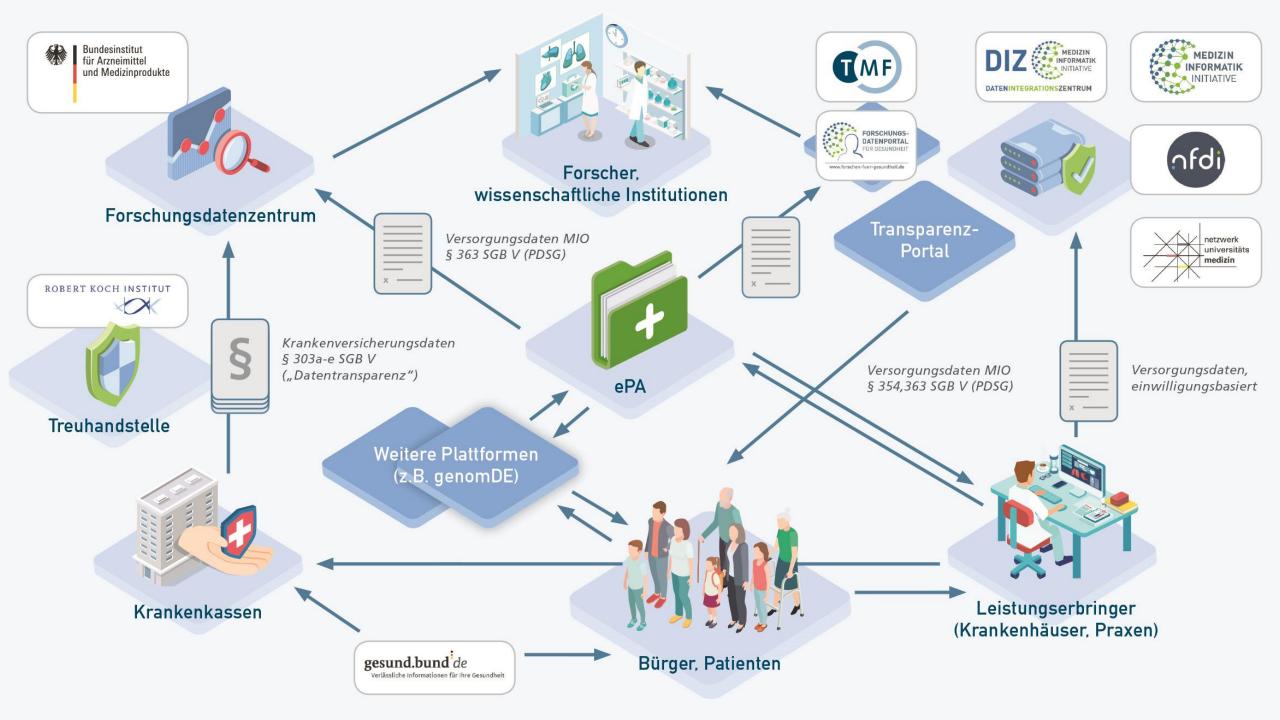
GVWG - §64e SGB V: "Modellvorhaben Genomsequenzierung"

+ BfArM & RKI (Abs. 9)

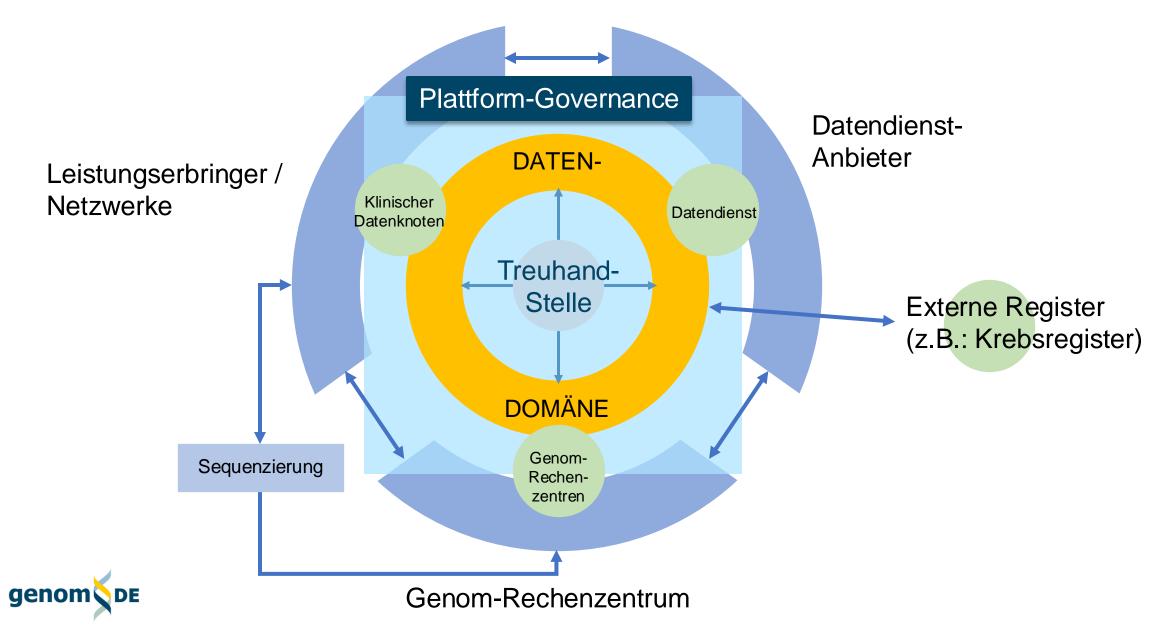
+ Rechtsverordnung (Abs. 12)

Q4 2021

GVWG - §64e SGB V Absatz 12 Rechtsverordnung: Entwurf nicht veröffentlicht – Umsetzung nach Kritik aus genomDE aufgeschoben



Infrastrukturvorschlag genomDE





genomDE – Infrastrukturkomponenten

Klinischer Datenknoten (KDK)

stellt **strukturierte klinische Daten** zur Verfügung

föderierter Zugriff über die Versorgungsnetzwerke hinweg

Netzwerke/LE verantwortlich für Versorgungsqualität, Datenerhebung und –bereitstellung, Datenschutz, IT-Sicherheit

Genomrechenzentrum (GRZ)

speichert **genomische Rohdaten**

ermöglicht Ausführung von Bioinformatik-Pipelines unter der Kontrolle

verantwortlich für Kapazitäten, Datenzugriff, Datenschutz, IT-Sicherheit

Datendienst (DD)

gibt Zugriff auf **verarbeitete Daten**von KDK und GRZ

führt einmalige oder regelmäßige Analysen auf Datensätzen aus (teils nach Integration und Record Linkage)

Verantwortlich für wiss. Qualität, Leistungsfähigkeit und Kapazität der Dienste, Datenschutz, IT-Sicherheit



Nationale Strukturen für die Genomische Medizin

- Deutschland hat etablierte Netzwerke der personalisierten Medizin, die Dateninfrastrukturen für klinische Daten betreiben
 - Deutsches Konsortium Familiärer Brust- und Eierstockkrebs (DK-FBREK)
 - Deutsches Konsortium f
 ür Familiären Darmkrebs (DK-FDK)
 - Deutsches Netzwerk Personalisierte Medizin (DNPM)
 - Molecularly Aided Stratification for Tumor Eradication (NCT/DKTK MASTER)
 - Nationales Netzwerk Genomische Medizin (nNGM)
 - Netzwerk Erbliche Tumorerkrankungen (GfH-NET)
 - Netzwerk f
 ür Seltene Erkrankungen (NSE)
- Diese Infrastrukturen müssen ergänzt werden um eine nationale Infrastruktur für Genomdaten – für ca. 100.000 Fälle bis 2030





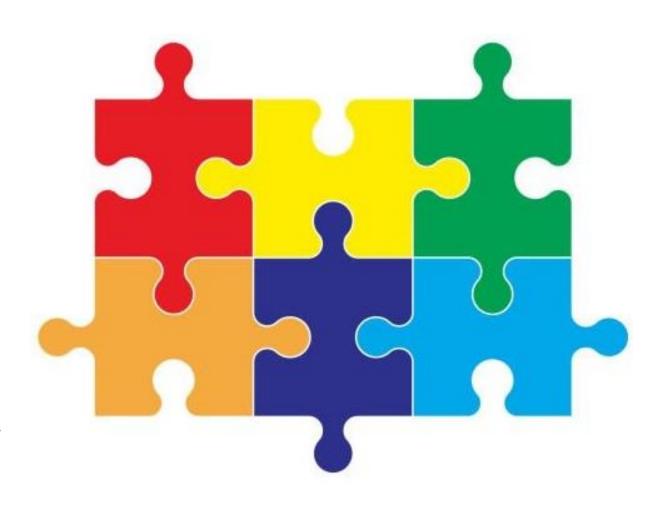
Modellvorhaben Genomsequenzierung

Implementierung

- Keine Zeit für eine umfassende
 Gesamtkonzeption
- Keine Mittel für den Aufbau einer dedizierten Gesamtinfrastruktur
- (Finanzierung deutlich anders als in anderen europäischen Ländern!)

Lösung

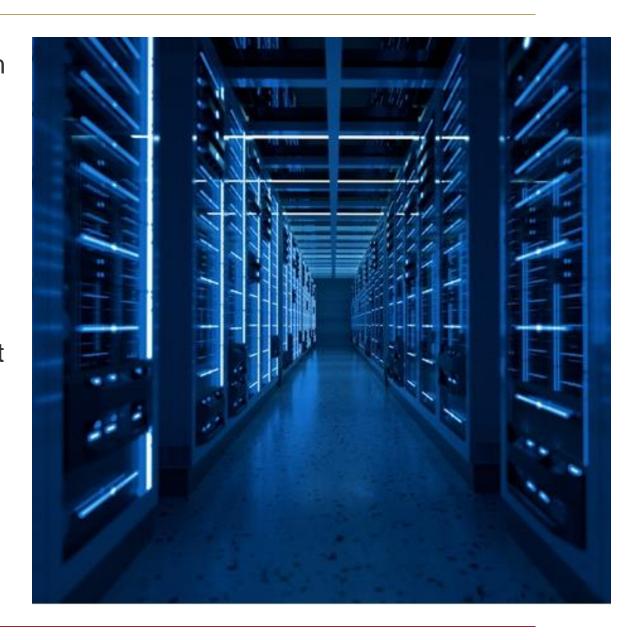
- MVP Minimum Viable Product
- Konsequente Verwendung existierender
 Dateninfrastrukturen
- Geschickte Verbindung und Integration





Genomdateninfrastrukturen

- Handhabung von Daten im Petabyte-Bereich ist anspruchsvoll und teuer
- Einzelne Krankenhäuser sind in einem digitalen Entwicklungsland wie Deutschland – meist nicht in der Lage diese Infrastruktur zu betreiben
- Errichtung und Betrieb dieser Infrastruktur ist ökonomisch – und aus Sicht der IT-Sicherheit – nur an wenigen Stellen möglich





Bildung

Forschung

Europa und die Welt

Über uns

Service







Forschung V Das Wissenschaftssystem V Forschungsinfrastrukturen

FORSCHUNG

Forschungsinfrastrukturen

Instrumente der Spitzenforschung und Garant für unsere Innovationskraft – Forschungsinfrastrukturen gehören zu den zentralen Voraussetzungen für herausragende Grundlagenforschung und bedeutende technologische Fortschritte.







genomDE – Infrastrukturkomponenten

Klinischer Datenknoten (KDK)

stellt **strukturierte klinische Daten** zur Verfügung

föderierter Zugriff über die Versorgungsnetzwerke hinweg

Netzwerke/LE verantwortlich für Versorgungsqualität, Datenerhebung und –bereitstellung, Datenschutz, IT-Sicherheit

Genomrechenzentrum (GRZ)

speichert **genomische Rohdaten**

ermöglicht Ausführung von Bioinformatik-Pipelines unter der Kontrolle

verantwortlich für Kapazitäten, Datenzugriff, Datenschutz, IT-Sicherheit

Datendienst (DD)

gibt Zugriff auf **verarbeitete Daten**von KDK und GRZ

führt einmalige oder regelmäßige Analysen auf Datensätzen aus (teils nach Integration und Record Linkage)

Verantwortlich für wiss. Qualität, Leistungsfähigkeit und Kapazität der Dienste, Datenschutz, IT-Sicherheit



Sieben klinische Netzwerke

Kriterien

- Etablierte Zusammenarbeit und Dateninfrastruktur
- Wesentliche Beiträge zu Versorgung und Forschung
- Passend zum Fokus auf onkologische Erkrankungen und seltene Erkrankungen

DNPM

Deutsches Netzwerk Personalisierte Medizin

- Fälle aus molekularen Tumorboards (MTB)
- Koordination: UK Tübingen

nNGM

Nationales Netzwerk Genomische Medizin Lungenkrebs

- Patient:innen mit NSCLC
- Koordination: UK Köln

NCT/DKTK MASTER

Molecularly Aided Stratification for Tumor Eradication

- Patient:innen mit seltenen Tumorerkrankungen
- Koordination: DKFZ Heidelberg

DK-FDK

Deutsches Konsortium Familiärer Darmkrebs

- Patient:innen mit erblichem Darmkrebs
- Koordination: UK Bonn

NSE

Netzwerk Seltene Erkrankungen

- Ungelöste seltene Erkrankungen
- Koordination: UK SH

DK-FBREK

Deutsches Konsortium Familiärer Brust- und Eierstockkrebs

- Patientinnen mit fortgeschrittenem Brust- oder Eierstockkrebs
- Koordination: UK Köln

GfH-NET

Netzwerk Erbliche Tumorerkrankungen

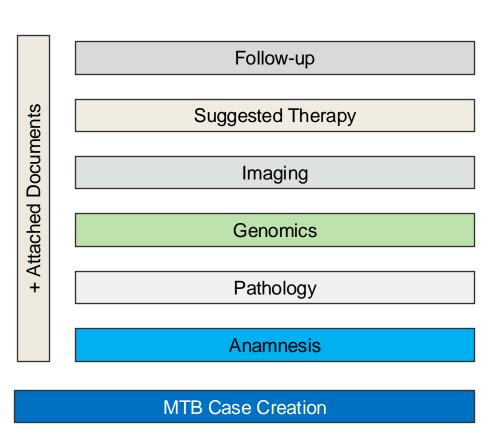
- Patient:innen mit seltenen erblichen Tumorerkrankungen
- Koordination: UK Dresden



Beispielnetzwerk: DNPM

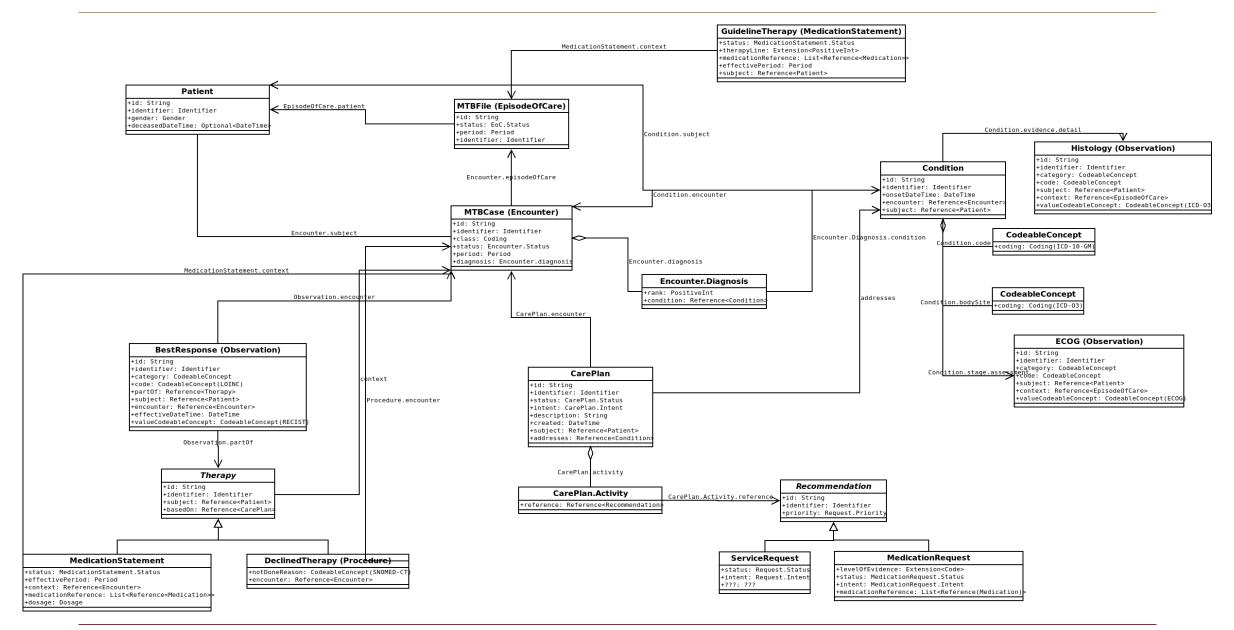
- DNPM Deutsches Netzwerk Personalisierte Medizin
- Integriert Daten aus den Molekularen Tumorboards (MTBs) aller Comprehensive Cancer Centers (CCCs)
- Koordiniert durch UK Tübingen (Nisar Malek)
- Finanziert durch Deutsche Krebshilfe
- Kerndatensatz von DNPM wurde über fünf Jahre entwickelt
- Erhebung über die Standorte hinweg harmonisiert
- Wesentlicher Treiber für die Entwicklung des Erweiterungsmoduls MTB der MII
- Datenintegrationsplattform: DNPM:dip





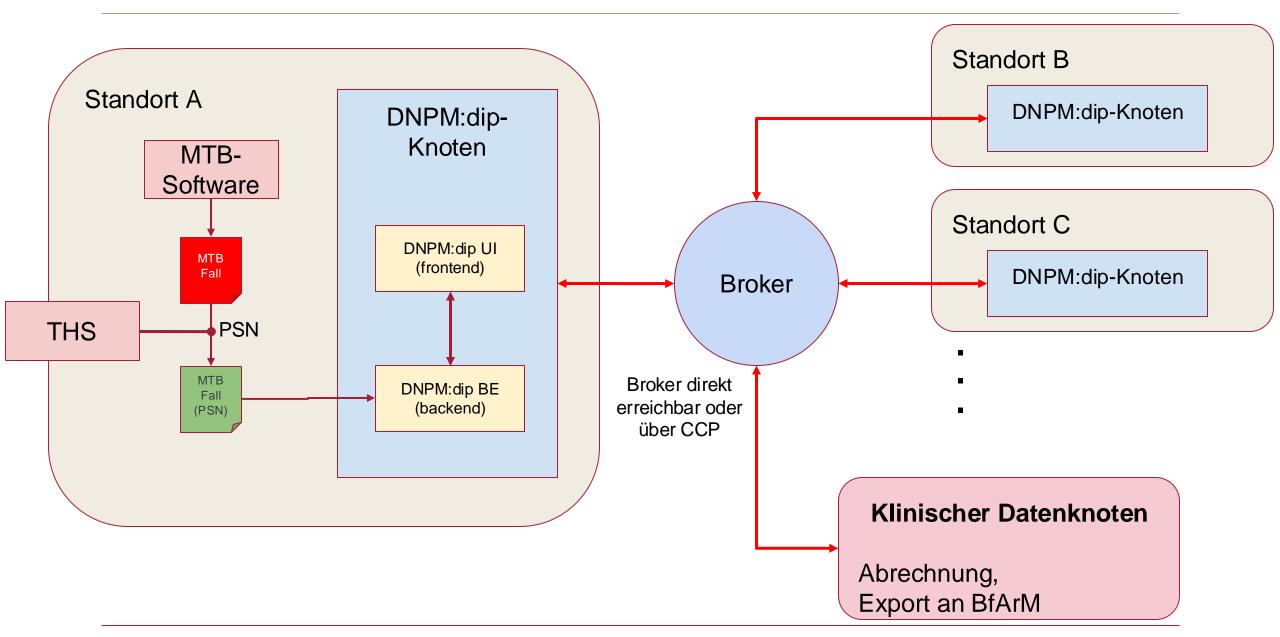


DNPM-Kerndatensatz





DNPM:dip - Architecture





Genomdatenverordnung (GenDV)

- §64e SGB V definiert nur auf höchster Ebene relevanten Daten
- Nähere Spezifikation durch Rechtsverordnung des Bundes
- Nachdem bereits die Planung für die Dateninfrastrukturen weit fortgeschritten war, wurden die in genomDE entwickelten Vorschlag der Daten komplett umgeworfen
- Es begann ein schmerzhafter und übereilter Prozess der Datenharmonisierung
- Daten sollten über die Netzwerke hinweg abgestimmt werden
- Bundesrat beschloss diese Rechtsverordnung am 5.7.2024 (Genomdatenverordnung, GenDV)
- Konsequenz
 - KEINE technische Spezifikation der Daten mehr
 - Neue Spezifikation muss vom BfArM erarbeitet werden
 - Gesamte Dateninfrastruktur muss an die neue Spezifikation angepasst werden
 - Verzögerung der Implementierung um 6 12 Monate

Bundesrat 257/24 Drucksache 24.05.24 Verordnung des Bundesministeriums für Gesundheit Verordnung zum Modellvorhaben zur umfassenden Diagnostik und Therapiefindung mittels Genomsequenzierung bei seltenen und bei onkologischen Erkrankungen (Genomdatenverordnung -A. Problem und Ziel Am 1. April 2024 startet das Modellvorhaben zur umfassenden Diagnostik und Therapie findung mittels Genomsequenzierung bei seltenen und bei onkologischen Erkrankungen Zel des Modelvorhabens ist eine einheitliche, qualitätsgesicherte, standardisierte und nach dem Stand von Wissenschaft und Technik zu erbringende Diagnostik und personalisierte Therapiefindung durch die teilnahmenden Leistungserbringer. Zur Konkretisierung der durch die Leistungserbringer zu erhebenden Dates und der Anforderungen an die Datenverarbeitung durch die am Modellvorhaben beteiligten Stellen bedarf es einer weite dung mittels Genomsequenzierung bei seltenen und bei onkologischen Erkrankungen werden Ausführungsbeidimmungen zur Datenverarbeitung, technischen Ausgestaltung sowie Art und Umfang der Daten im Rahmen des Modellvorhabens Genomsequenzierung auf Grundlage des § 64e Absatz 12 des Fünften Buches Sozialgesetzbuch (SGB V) e Das Bundesministerum für Gesundheit ist nach § 64e Absatz 12 SGB V ermächtigt, in Benehmen mit dem Bundesministerlum für Bildung und Forschung durch Rechtswerprdrung mit Zustimmung des Bundesrates Ausführungsbestimmungen zur Datenverarbei tung im Rahmen des Modellvorhabens Genomsequenzierungen durch die beteiligten Steilen festzulegen. Auf Grundlage dieser Ermächtigung werden in der Verordnung Regefungen zu folgenden Aspekten getroffen Art und Umfang der Daten und Fristen der Datenübermittlung Datenverarbeitung durch die Leistungserbringer Verfahren der Pseudonymisierung bei der Vertrauensstelle am Robert-Koch-Institut

technische Ausgestaltung der Datenübermittlung nach § 64e Absatz 9 bis 11b SG8



Genomdaten

- Genomdaten unterscheiden sich von klinischen Daten
 - Keine Anonymisierung möglich ohne Verlust des Nutzens
 - Datenvolumina hoch Speicherung und Übertragung aufwändig
 - Beispiel
 - Modellvorhaben Genomsequenzierung soll 50 PB Daten erzeugen
 - Das ist das Äquivalent von 12 Millionen DVDs
 - Übertragung von 50 PB selbst innerhalb einer Einrichtung dauert ca. 6 Monate
- Spezifika in Deutschland
 - Verarbeitung der Daten stark reguliert (neben DSGVO: BDSG, LDSG, GenDG, etc.)
 - Bundsdatenschutzbeauftragter (BfDI) fordert 2021 verteilte Speicherung der Daten





















HOME **ABOUT US**

IMPACT

NEWS & EVENTS

RESOURCES

The German Human Genome-**Phenome Archive**

We are building a secure national omics data infrastructure, enabling the use of human genome data for research purposes while preventing data misuse.

Our Mission

GHGA Metadata Catalog

A public frontend for the discovery of human omics study data from German research institutions.

Consent Tools

GHGA has developed different tools to help clinicians, researchers and institutions wanting

An audionit amine date to

GHGA Lecture Series

"Advances in Data-Driven Biomedicine" diving into fascinating world of datadriven medicine and their

GHGA Phases and Features



GHGA Metadata Catalog

- Publicly accessible metadata for study discovery
- Harmonized metadata model
- Ability to request data from data providers



81 studies containing data from 3,200 individuals (WGS, WES, transcriptomes)



GHGA Archive

- National EGA node functionality
- Full raw data and metadata managed by GHGA
- Central infrastructure for data access management



500k genomes (or related omes) announced for deposition



GHGA Cloud

- Trusted research environment (TRE)/Sec. Processing Env. (SPE)
- Direct access to the raw data
- Scalable and secure access to data





GHGA Atlas

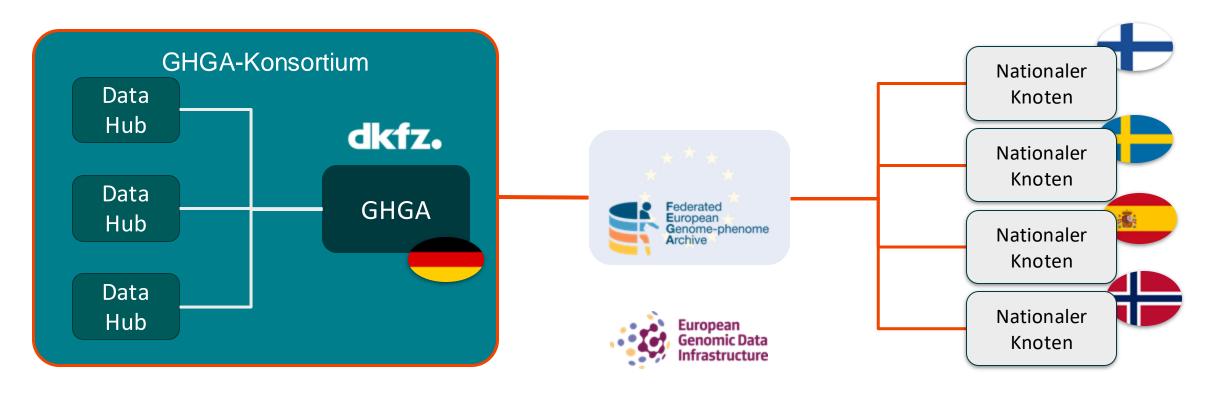
- Standardized data analysis
- Data visualization
- Statistics and aggregation
- Integration of multiple omics modalities and connecting omics data to phenotypic data



GHGA 2.0 Period



Föderierte Infrastruktur – National und Europäisch



Doppelte Föderation

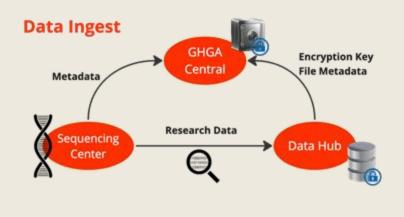
- In Deutschland
 - Physisch werden die Daten verschlüsselt über mehrere Forschungseinrichtungen verteilt gespeichert
 - Logisch werden die Daten bei GHGA zentral einheitlich verwaltet
- In Europa
 - Europäische Genomdateninfrastruktur (FEGA) werden durch ,Nationale Knoten dargestellt
 - Jedes Land behält so die Hoheit über die Daten seiner Bürger:innen
 - GHGA ist der nationale Knoten f
 ür Deutschland



GHGA Datenhubs

Betrieb

- Bereitstellung von Storage und Backup (S3-kompatibel)
- Daten verschlüsselt (in transit & at rest)
- Bereitstellung von lokalen Rechnerkapazitäten (TRE/SPE)
- ISMS nach ISO 27001



Sechs Datenhubs stellen Speicherkapazität bereit

50+ PB verfügbar bzw. in Beschaffung

4,000+ CPUs an den Datenhubs verfügbar

External Submitter

GHGA Central

Web Site

Data Hub - 3

SPE

Central





Deutsches Netzwerk für Bioinformatikinfrastruktur

- Aus BMBF-Förderung hervorgegangen
- Koordiniert vom FZ Jülich
- 24 Projektpartner
- 8 Service-Zentren
- Deutscher Knoten des ESFRI ELIXIR

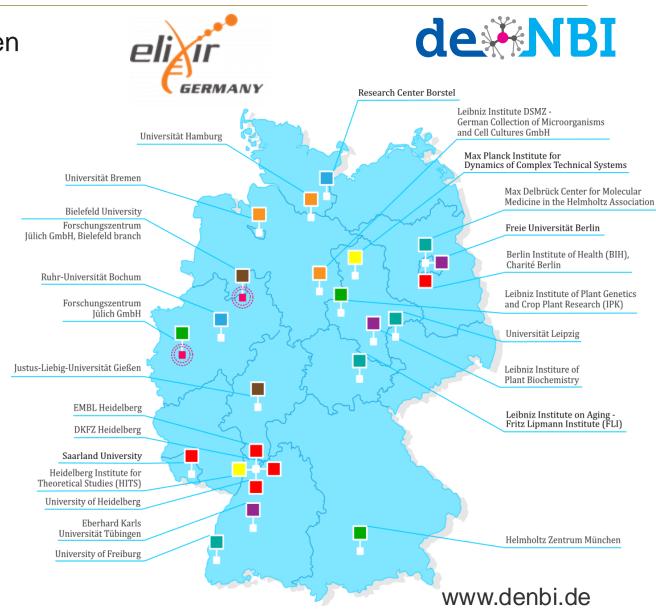






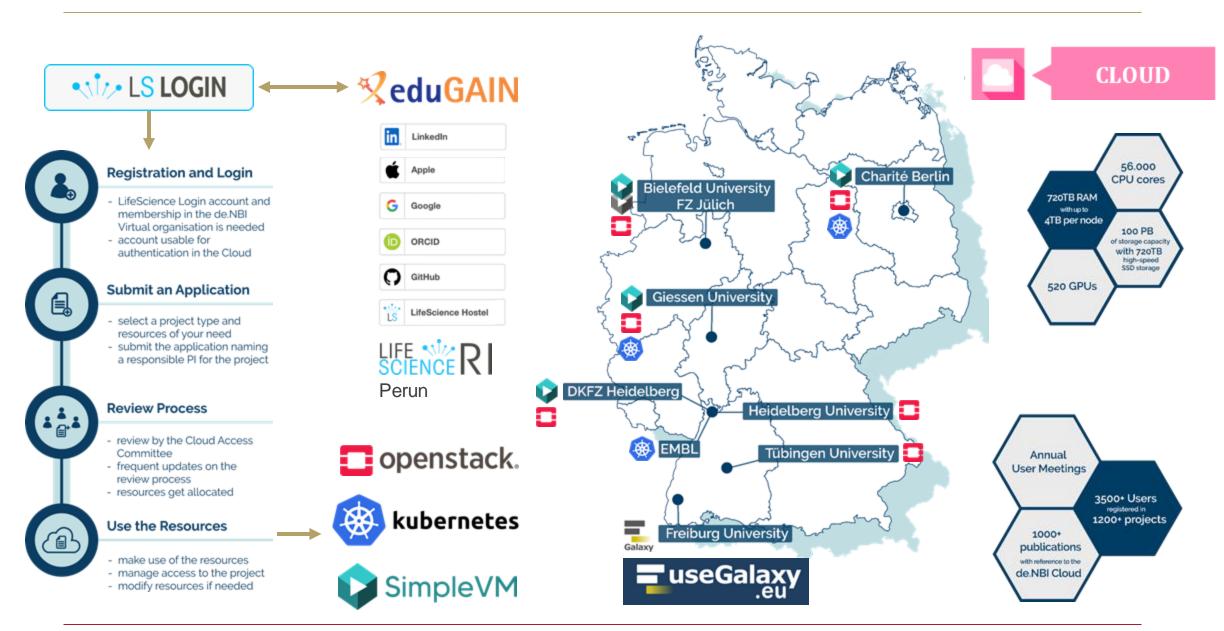


- Humanbioinformatik
- Mikrobielle Bioinformatik
- Pflanzenbioinformatik
- RNA-Bioinformatik
- Proteomik und Lipidomik
- Integrative Bioinformatik
- Datenbanken
- Datenmanagement and Systembiologie





de.NBI/ELIXIR-DE Cloud





Komponenten aus der MII und NUM

Forschungseinwilligung

- MII Broad Consent 1.6d oder neuer nach langer Diskussion vom BfDI als Forschungseinwilligung akzeptiert
- Aufwand für die Etablierung einer eigenen Forschungseinwilligung wurde (mal wieder) komplett unterschätzt
- In der Argumentation hilfreich
 - Etablierte Prozesse und Durchdringung an UK
 - Doppelbelastung der Patient:innen durch ZWEI BC
- Problematisch
 - Datengovernance
 - Länge des Dokuments



and the second second		mark and the second	
	lärung – Patientin		0.04-0
	ng vor Pattermendaten, it ngkaten; für medicinisch	unkerkussenhelm and Blum Correbungsmerke	atter halbern
1. Ethellung Yarah wie in der Patien	telling and alsomalis teninkomption beach	Micha Nottong mainer Pal stem; dies umfasst	tertandatan.
apportise Eich wie in der Namern und anderer de men zenflichtlichtungsbirgstrieren, der par 1 M	Parlamento los maticos las ele alexación escales Casa- politación, de Valercentino las Chor alle reques Toules	milation für die meellijissische i chrieben und mit getvernise is Eusberungs, Uniter der Alber glasse ich mich für einem 1: M , die mit dier Fratenisation 1.3, 1.3 und 1.3 der Patientenis	tionwaltung den siet lad tionteiler Stantige/Eden words
durch antiere (historitis forschungsproptier in A Langalische forsprosisier konnectiefen Nation a aufantalli motter before	ton, frottlicke form hande l kelend unfappen, were in exit angemensenen Satur under Form Hung, werde is	tion collector Publicationship laternaturacy, dist have much direct equipallisches, Datens achatoniseau-bestätigt hat, Ar h. collectorische sedlere (Institu- t.).	eine Moltospale für habsvecht gilt seler d nitrom intergen ittorgele an Forsche
	nor. Vioreconstitute list, de	er fielenterelaten ret Daten mich dieser Nulyung bei den	
15 eitige en is de D Patientandaten ein 1 Fatiententistermatun la	n. Puritt 5.5 to 13.	and the contract of the contra	and Park! 1 is
2. Obertagon en	wisserschaftliche Nati	ung mether firentenhame	ndatan
Namet umsärltige icher Daten über unn mir in A- bei stationiere Auferdit- zun Breich Pflege at beschrieben, zu übernit	native Virantersharian and Ai- regionals generomenter bioti allam, illam amondanter in a disc. Universitätskiloilikui toito, undi neser	Sindarung Slatch dan Universit lider Leithungen, in der unsball ill- und Höhlundterl steller Aus- in Tällingen zu wir In der	dräbskun 10trep eten Versegung in erettel und Angele fallenteristismen
2.1 Firmuly riskwitten Darwilliang technic for situationals	of the disclosured Party	//www.medizininfon	nack-initiative
	E+	Own	
E.Z. File Dates all dam I solitigen Observatibung in stituer Standard	Debum matter (Intervalve) where Standardscharges	t über einen Satonum von 5 gr. fiz., an den Volum-Mütselbe	Jahren. Mit der dell Burn Tillingen Sin is
	Ok	DNe	
	Name (Arrive 10) (Barris		



Komponenten aus der MII und NUM

• DIZ

- Datenflüsse sind lokal oft komplex
- An den meisten Standorten sind die DIZe eingebunden in die Umsetzung und haben kompetentes Personal

Treuhandstellen

- RKI benötigt mehr Zeit, um
 Pseudonymisierung bundesweit zu implementieren
- Etablierte Treuhandstellen an den Standorten und erfahrenes Personal helfen hier

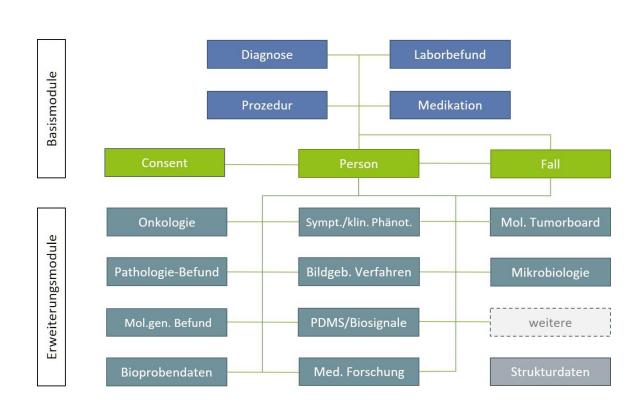




Komponenten aus der MII und NUM

Standardisierung

- Kerndatensatz relevant für Abbildung von Einwilligung
- Harmonisierung der klinischen Daten durch GenDV (zu ungünstigem Zeitpunkt) erzwungen
- Rückgriff auf Erfahrungen der MII haben hier geholfen
- MII KDS ist erklärtes Ziel bei der Standardisierung über die Netzwerke hinweg





Zulassungsprozess GRZ und KDK

- BfArM hat am 24.04.2024 die Zulassungskriterien für GRZ und KDK festgelegt
- Interessierte hatten Zeit, bis zum 21.05.2024 einen formalen Antrag auf Zulassung zu stellen
- Es gingen 14 Anträge (7 GRZ, 7 KDK) ein, von denen neun ohne Auflagen, vier mit Auflagen (i.W. Nachlieferung von Unterlagen) genehmigt wurden
- Damit sind Stand heute zugelassen (davon ein GRZ noch mit Auflagen)

Genomrechenzentren

- Universität Tübingen
- DKFZ Heidelberg
- Universität zu Köln
- Technische Universität Dresden
- Technische Universität München
- Max Delbrück Center Berlin

Klinische Datenknoten

- DK-FBREK, Universität Leipzig
- DK-FDK, Universität Leipzig
- DNPM, Universitätsklinikum Tübingen
- NSE, Universitätsklinikum Tübingen
- NCT/DKTK/MASTER, Nationales Centrum für Tumorerkrankungen Heidelberg
- nNGM, Universitätsklinikum Köln
- zKDK-ET, Universitätsklinikum Dresden





Beispiel: Zulassung KDK

Qualifikation der Einrichtung

- Betreiber [...] ein für das Modellvorhaben zugelassener Leistungserbringer [...]
- [...] **mehrjährige Erfahrung** in der Verarbeitung von [...] Daten aus dem Versorgungskontext
- Nachweis von Vorerfahrungen als Datenknoten [...]

Organisatorische Anforderungen

- Betrieb der Dateninfrastruktur auf lokalen Speichern [...] (on-premise)
- [...] Verarbeitung der Daten ausschließlich auf dem Gebiet der Bundesrepublik Deutschland und nach deutschem Recht [...]
- [...] Datenschutzkonzepts, [...] Datenschutzfolgeabschätzung, [...] Datensicherheitskonzepts [...], Betriebskonzepts [...]
- · Notwendige Einträge ins Verzeichnis der Verarbeitungstätigkeiten

Technische Anforderungen

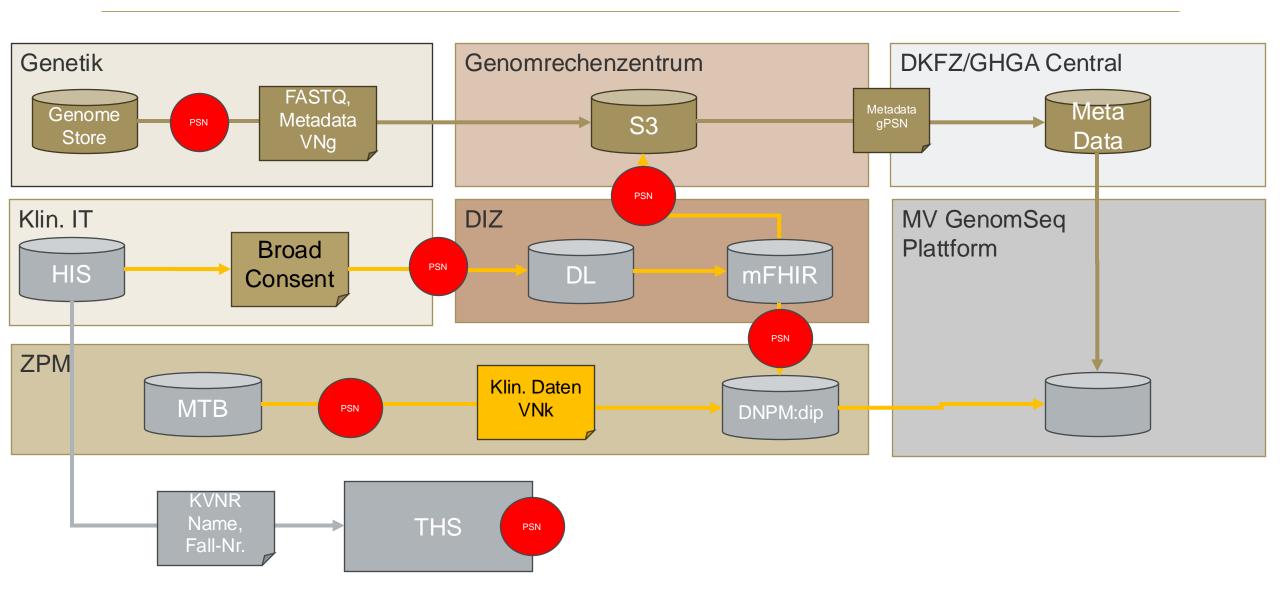
- Nachweis der erforderlichen IT-technischen Voraussetzungen [...]
- Nachweis eines vorhandenen Datenqualitätsmanagements
- Bestätigung, dass die Voraussetzungen für einen technischen Anschluss an die Vertrauensstelle [...]

Personelle Anforderungen

- Beleg ausreichender **Personalressourcen** [...] ausreichende Qualifikation des Personals
- Angabe einer Kontaktperson: Datenschutzbeauftragte/r, [...] IT-Sicherheitsbeauftragte/r



Datenflüsse – Beispiel DNPM am UKT





Leistungsfähige Dateninfrastrukturen haben das MV GenomSeq möglich gemacht

- Kosten sind erheblich viel geringer
- Aufbauzeiten deutlich reduziert
- Infrastrukturen sichern ihre Nachhaltigkeit durch Vernetzung
- Infrastrukturen != Hardware, sondern qualifizierte Leute und das ist ihr Mehrwert!

Schwierigkeiten und Nachteile

- Integration existierender Dinge führt zu Kompromissen auf allen Seiten
- Stetes , Neuverhandeln' existierender Absprachen und Standards
- Großer Drang aller Beteiligten, Dinge neu zu erfinden oft anstrengend
- Alle Forschungsdateninfrastrukturen sind prekär ausfinanziert Nachhaltigkeit!
- Interaktion zwischen BMG und BMBF in genomischer Medizin ausbaufähig



- genomDE und MV GenomSeq ist Erfolgsstory für Dateninfrastrukturen
- Umsetzung des Modellvorhabens wäre ohne MII, NFDI, de.NBI so nicht möglich gewesen
- Es zeigt aber auch die Komplexität auf
 - Koordination über Infrastrukturen hinweg aufwändig
 - Sehr, sehr viele Personen und Partikularinteressen involviert
 - Governancestrukturen kollidieren
 - Abstimmungs- und Kommunikationsbedarf massiv
- Dennoch ein Vorzeigebeispiel, wie gelungene Integration von langfristen
 Forschungsvorhaben funktioniert
- Gutes Beispiel dafür, wie Forschung und Versorgung verzahnt werden können
- Jetzt muss es nur noch funktionieren...



Danke an alle Beteiligten!



























In Zusammenarbeit mit





Netzwerk der Zentren für Personalisierte Medizin Gefördert über das Programm "Digitalisierung in der Medizin und Pflege" des Ministeriums für Soziales und Integration des Landes Baden-Württemberg

