

# DMW

Deutsche Medizinische Wochenschrift

2015 • 140. Jahrgang • Seite 523–527

[www.thieme-connect.de/ejournals](http://www.thieme-connect.de/ejournals)

**Sonderdruck**

## Innere Medizin auf dem Weg zur Systemmedizin: Chancen und Herausforderungen



DGIM Kommission  
„Wissenschaft und  
Nachwuchsförderung“

**Verlag und Copyright:**

© 2015 by  
Georg Thieme Verlag KG  
Rüdigerstraße 14  
70469 Stuttgart  
ISSN 0012-0472

Nachdruck nur mit  
Genehmigung des Verlages

# Innere Medizin auf dem Weg zur Systemmedizin: Chancen und Herausforderungen

Positionspapier der Deutschen Gesellschaft für Innere Medizin

Das Verständnis von pathophysiologischen Prozessen ist der Schlüssel zu einer erfolgreichen Diagnostik und Therapie. In der Inneren Medizin hat sich unser Wissen durch technische Neuerungen stark erweitert, und wir können heute viele molekulare und zelluläre Veränderungen erfassen. Wo liegen die Chancen dieser Entwicklungen, und wie nutzen wir sie optimal?

Die biomedizinische Forschung hat in den letzten Jahren unser Verständnis pathophysiologischer Prozesse in allen Bereichen der Inneren Medizin tiefgreifend verändert. Unter anderem wurden technische Möglichkeiten kontinuierlich verbessert, mit denen genetische und andere molekulare sowie auch zelluläre Veränderungen erfasst werden können. Zu diesen Technologien, die zunehmend auch in der Routinediagnostik verfügbar werden, zählen

- ▶ die Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung (*Next generation sequencing*),
- ▶ das Generieren von Gen- und Proteomexpressionsprofilen,
- ▶ die Durchflusszytometrie zur Messung von Veränderungen auf Zellebene,
- ▶ die Untersuchung von Methylierungs- und Phosphorylierungszuständen in Zellen sowie der Zusammensetzung des Metaboloms.

Außerordentlich bedeutend sind aber auch die Fortschritte in der funktionellen Bildgebung (z. B. Positronenemissions[<sup>18</sup>F]-PET)-CT oder -MRT), die eine zuvor nicht mögliche Beschreibung von pathophysiologischen Zuständen erlaubt [12].

Diese revolutionären Neuerungen bieten dem klinisch tätigen Arzt Chancen, Diagnostik und Therapie zu verbessern. Gleichzeitig stellen sie ihn allerdings auch vor Herausforderungen, denen die Innere Medizin als Fachgebiet bislang noch unzureichend gerecht wird. Die Innere Medizin als Querschnittsfach, das auf den naturwissenschaftlichen Grundlagenfächern der Physiologie, Biochemie, molekularen Biologie und Genetik basiert, ist hier in besonderem Maße gefragt und gleichzeitig gefordert, die neuen Chancen und Möglichkeiten zu evaluieren und für die Behandlung von Patienten einzusetzen.

Ziel dieses Positionspapiers ist es, Chancen und Zukunftspotenziale zu skizzieren sowie Aufgaben zu definieren, um diesen für die Weiterentwicklung der Inneren Medizin zentralen Bereich aktiv zu nutzen und mit zu gestalten.

## Aktuelle Situation

Molekulare Medizin wird häufig als Überbegriff für eine Form der Analyse von Krankheitsprozessen beschrieben, die sich verschiedene Erkenntnisse aus den Gebieten der Physik, Chemie, Biochemie, Genetik sowie Zell- und Molekularbiologie zu Nutze macht, um die molekularen Ursachen von Krankheitsprozessen zu beschreiben [11].

Die molekulare Medizin überschneidet sich daher in ihrer Ausrichtung stark mit Aspekten der „personalisierten Medizin“. Diese versucht ebenfalls, durch Einbeziehen der krankheitsspezifischen Faktoren und Beachten der genetischen Ausstattung des einzelnen betroffenen Patienten zu zielgerichteten Präventionsstrategien oder Therapien zu gelangen [8]. Grundlage beider Arbeitsrichtungen ist somit die Integration verschiedener wissenschaftlicher Erkenntnisse mit dem Ziel, eine Krankheit bis auf die molekulare Ebene zu verstehen. Molekularbiologie, molekulare Zellbiologie und Biochemie stellen hierbei das konzeptionelle und methodische Gerüst dieser neuen Form der Krankheitsanalysen dar.

Hinsichtlich der Verbesserung der Diagnostik und Klassifikation von Krankheiten haben wir in den letzten Jahren bedeutende Fortschritte beobachtet. Insbesondere die molekulare Klassifikation von Tumorerkrankungen erlaubt jetzt eine differenziertere Einteilung in Subgruppen, z. B. durch den Nachweis bestimmter genetischer Veränderungen im Tumorgewebe. Die Verknüpfung von molekularer Diagnostik (z. B. RAS-Mutationsnachweis beim kolorektalen Karzinom) und auf pathophysiologischen Erkenntnissen beruhenden Therapien (z. B. EGFR-Antikörper beim Lungenkarzinom) kann dann zu einer wirkungsvolleren Behandlung führen [3]. Gleichzeitig kann durch die Erkenntnisse der Pharmakogenomik die individuelle Prädisposition für erwünschte und unerwünschte Wirkungen zahlreicher Medikamente besser verstanden und auf molekularer Ebene erklärt

### DGIM Kommission „Wissenschaft und Nachwuchsförderung“

Dr. Bimba Franziska Hoyer, Berlin  
Prof. Dr. Christine Espinola-Klein, Mainz  
Prof. Dr. Jochen Hampe, Dresden  
Prof. Dr. Sigrid Harendza, Hamburg  
PD Dr. Susanne Herold, Gießen  
Prof. Dr. Christoph Maack, Homburg  
Dr. Alexis Michael Müller-Marbach, Düsseldorf  
Prof. Dr. Eckhard Schulze-Lohoff, Duisburg  
PD Dr. Samuel Sossalla, Göttingen  
Prof. Dr. Frank Lammert, Homburg (Vorsitzender)  
Prof. Dr. Nisar Malek, Tübingen

werden [9]. An die Innere Medizin angrenzende Fachgebiete wie die Humangenetik oder die Molekularpathologie liefern seit Jahren wichtige Erkenntnisse für die Diagnostik und Behandlung von angeborenen Krankheiten, die wir in den verschiedenen Spezialgebieten der Inneren Medizin therapieren.

Einschränkend muss beispielsweise für die Onkologie jedoch angemerkt werden, dass die Mehrzahl der soliden Tumorentitäten keine enge Korrelation zwischen den genetischen Veränderungen und den malignen Phänotypen aufweist. Vielmehr spielen hier Alterationen in verschiedenen Systemen, die parallel oder zumindest in einer großen Heterogenität im Tumor auftreten, eine kritische Rolle. Die Ausbildung des malignen Phänotyps wird zudem von genetischen Faktoren des Patienten selbst, beispielsweise von seiner Fähigkeit zur Metabolisierung von Zytostatika, der individuellen Adaptation des Immunsystems, Geschlechtsunterschieden, dem Alter bis hin zum sozialen Status des Patienten mitbestimmt [6].

In ähnlicher Weise sind beispielsweise Krankheiten aus dem Bereich der Stoffwechselstörungen oder der Rheumatologie, aber auch kardio-vasculäre Erkrankungen, chronisch-entzündlichen Darmerkrankungen und viele andere Krankheitsbilder der Inneren Medizin multifaktoriell bedingt. Die molekularen Ursachen dieser Erkrankungen lassen sich nicht auf eine oder wenige Mutationen im Erbgut zurückführen, sondern sind vielmehr Ausdruck vielfältiger genetischer und epigenetischer, aber auch ausschließlich auf der Ebene der Proteinexpression bzw. posttranslationaler Modifikationen angesiedelter Änderungen [5, 10]. Die Diagnostik und Therapie dieser komplexen, multifaktoriell bedingten Krankheiten stellen die Innere Medizin vor große Herausforderungen. Durch den Einsatz von Hochdurchsatztechnologien wird die umfassendere Beschreibung dieser mehrere biologische Subsysteme beeinflussenden Krankheiten heute jedoch zunehmend möglich.

Gleichzeitig offenbart sich hier eines der zentralen Probleme, die sich aus der Erzeugung großer Mengen vielfältiger Daten („*Big data*“) ergeben, die einen Krankheitszustand beschreiben. Es ist derzeit vielfach nicht möglich, kausale Zusammenhänge aus den gesammelten Daten abzuleiten, weil der Umfang der Datensätze und die Komplexität der Krankheit dies nicht zulassen [2]. Neben dem Umfang von Daten (wie z.B. beim *Next Generation Sequencing*) sind Heterogenität und zeitliche Veränderungen in Daten eine besondere Herausforderung. Eine Vielzahl von Bedingungen, die zu Krankheiten führen, koppeln Prozesse über eine Reihe von strukturellen und funktionalen Ebenen – vom Molekül bis zum Organ, von molekularen Reaktionen über

Zellfunktionen zur Physiologie eines Gewebes oder Organs. Um solche Mehrebenenprozesse zu erfassen, müssen unterschiedliche Technologien und deren Daten integriert werden. Dies erfordert neue Methoden zur Datenanalyse und Modellierung aus den Bereichen der Bioinformatik und Systembiologie. Ziel wird die umfassende Eingliederung dieser Technologien in die klinische Arbeit des Internisten im Sinne einer internistischen Systemmedizin sein müssen.

Die beschriebenen technologischen und konzeptionellen Innovationen der letzten Jahre haben somit zu weit reichenden **Erwartungen** der Gesellschaft an die Medizin geführt:

1. Eine verbesserte Therapieauswahl und -steuerung, z.B. durch die Verwendung von Biomarkern, soll zu geringeren Nebenwirkungen bei einer gleichzeitig erhöhten Wirksamkeit von medikamentösen Therapien führen.
2. Die Entschlüsselung der molekularen Ursachen führt dazu, dass neue Medikamente entwickelt werden, die im Sinne einer ursächlichen Therapie bislang nicht behandelbarer Krankheiten in diese Prozesse eingreifen.
3. Die Möglichkeit, die genetische Information jedes einzelnen Menschen zu entschlüsseln, und die Anwendung von Hochdurchsatzverfahren werden zu einer detaillierteren Kenntnis individueller Krankheitsprädispositionen führen, die unter Umständen durch präventive Maßnahmen gezielt beeinflusst werden können.
4. Durch die Nutzung der zur Verfügung stehenden Möglichkeiten zur Analyse sehr großer und heterogener Datensätze können neue Hypothesen zur Entstehung komplexer Krankheiten aufgestellt werden.
5. Die sich aus diesen technischen Fortschritten ergebenden Daten werden unter Wahrung der Persönlichkeitsrechte des Einzelnen und Berücksichtigung ethischer Richtlinien genutzt.
6. Zielgerichtete Therapien und effektivere Prävention sollen langfristig helfen, die Kosten im Gesundheitssystem zu senken.

## Herausforderungen

Sowohl die Behandlung molekular definierter als auch komplexer Krankheiten erfordern strukturelle und personelle Innovationen, welche die Internistische Medizin tiefgreifend beeinflussen werden. Im folgenden wollen wir diese Herausforderungen zusammenfassen:

### 1. Wie kann der Übergang von Forschungsergebnissen in die klinische Patientenversorgung beschleunigt werden?

Die Innere Medizin ist in ihrer Breite ein wichtiger Motor in der Integration innovativer Ansätze in die klinische Routineversorgung. Die Entwicklungen im Bereich der molekularen Medizin stellen

allerdings hohe Anforderungen an internistische Forschungs- und Studienprogramme. Das translationale Potential, das sich aus den Erkenntnissen der Molekularen Medizin ergibt, wird deswegen derzeit noch nicht ausreichend genutzt. Dies ist auch in der vielfach noch nicht gesicherten klinischen Evidenz für den Nutzen dieser Erkenntnisse begründet. Um diesen Mangel zu überwinden, bedarf es zunächst geeigneter Strukturen und neuartiger Studiendesigns, die es erlauben, klinische Studien unter Einschluss von molekularen Markeranalysen, Genomsequenzierungen, funktioneller Bildgebung u. a. durchzuführen.

Nur wenn konsequent überprüft wird, welchen Wert molekulare Analysen für die klinische Medizin haben, kann eine unreflektierte Nutzung dieser Techniken verhindert werden. In der Tat hat die übereilte Nutzung wenig validierter genetischer Prädiktionsverfahren in der Vergangenheit zum Abbruch von entsprechenden Studien geführt [7]. Die Durchführung von klinischen Studien, in denen genetische, molekulare oder funktionelle Klassifikatoren berücksichtigt werden, ist eine zentrale Aufgabe der Inneren Medizin. Sie ist eine wichtige Weiterentwicklung der bereits vorhandenen Kompetenzen in der Durchführung klinischer Studien. Von besonderer Bedeutung werden hier randomisierte Phase-2-Studien sein, die – obwohl möglicherweise nur kleinere Patientenzahlen eingeschlossen werden – durch eine homogene Patientengruppe und den Einsatz entsprechender Biomarker zu aussagekräftigen Ergebnissen führen werden.

Allerdings stellt die Integration der für eine Nutzung von Hochdurchsatzdaten notwendigen Abläufe in klinische Studien für internistische Kliniken eine logistische Herausforderung dar. Hier wird es notwendig sein, die Bereiche von Probengewinnung und -transport sowie Datenanalyse und -interpretation in zusammenhängenden und qualitätsgesicherten Abläufen zu organisieren. Die neuen Hochdurchsatzverfahren sind anfällig für eine nicht sachgerechte Probengewinnung, und sie erfordern Expertise sowie eine entsprechende Logistik, um eine standardisierte Probenverarbeitung und -auswertung zu gewährleisten.

Ein zentrales Problem sind zudem die Patientenaufklärung und die Frage der Zustimmung zu genetischen und anderen molekularen Analysen. Diese Strukturen sind derzeit meist nur an Universitätskliniken abgebildet, und selbst hier ist nur an wenigen Stellen ein Netzwerk von infrastrukturellen Voraussetzungen, Informationstechnologien und insbesondere Medizininformatik eingerichtet worden, um derartige Studien zu bewältigen. Selbstverständlich können spezialisierte Labore auch heute schon Blut- oder Gewebeproben von Patienten untersuchen, die in – zu meist Pharmaindustrie-getriebenen – Studien

mit neuen Substanzen behandelt werden. Ein komplettes „Outsourcen“ dieser Kompetenzen zu kommerziellen Anbietern schränkte aber die Möglichkeiten der akademischen Medizin und ihrer Partner, diese Entwicklungen mit zu gestalten, erheblich ein. Ein Weg könnte die Organisation aller notwendigen Fähigkeiten in übergeordneten, interdisziplinären Verbänden (Molekulare Innere Medizin) sein. Diese Entwicklung sollte auch außeruniversitäre Einrichtungen und akademische Lehrkrankenhäuser mit einbeziehen.

Zudem ist die Ausdehnung solcher Studienaktivitäten auf andere Krankenhäuser und Praxen essenziell, um innerhalb molekular stratifizierter Studien eine ausreichende Rekrutierung zu ermöglichen und populationsbasierte Analysen der Versorgungsqualität durchzuführen.

Ein weiterhin ungelöstes, aber sehr zentrales Problem ist die Finanzierung von molekularen oder bildgebungsgestützten Untersuchungen. Für bereits etablierte diagnostische Tests, insbesondere wenn sie für die Anwendung bestimmter Medikamente prädiktiv sind, ist die Finanzierung durch die Krankenkassen gesichert. Wie aber sollen ausreichend große Datenmengen erzeugt werden, wenn ein unmittelbarer Nutzen nicht oder zumindest noch nicht erkennbar ist? Hier muss ein Dialog zwischen der Deutschen Gesellschaft für Innere Medizin (DGIM) und den Kostenträgern initiiert werden, der das Ziel hat, zum Beispiel im Rahmen von Registerstudien den Nutzen neuer Verfahren zu evaluieren. Grundsätzlich könnte die Einführung molekularer Tests, funktioneller Bildgebung und zielgerichteter Therapien jedoch zu einer Reduktion der Kosten im Gesundheitssystem führen.

Die Kommission sieht daher in folgenden Bereichen einen dringenden Handlungsbedarf:

1. Internisten an Universitätskliniken sollten sich um die Schaffung interdisziplinärer Verbände bemühen, die alle Aspekte der Molekularen Inneren Medizin umfassen, und diese gestalten. Solche Zentren sollten auch andere Krankenhäuser und Praxen mit einbeziehen.
2. Studiendesigns, die eine Untersuchung auch kleiner Patientenkollektive unter gleichzeitiger Nutzung molekularer Informationen erlauben, müssen weiterentwickelt und in entsprechenden Studienverbänden implementiert werden.
3. Die Aufklärung des Patienten sollte eine möglichst umfassende Analyse des zur Verfügung stehenden Biomaterials ermöglichen.
4. Neue Strukturen zur Medizinischen Informatik, die eine Analyse von klinischen und molekularen Daten in integrierten Systemen erlauben, sind eine Voraussetzung für die Einführung der Molekularen Medizin.

**2. Welche Rolle werden Internisten in der Beurteilung molekularer Daten spielen? Reichen die bislang verfügbaren Aus- und Weiterbildungspfade in der Medizin aus, um Internisten auszubilden, die eine Kompetenz in der Nutzung von molekularen Daten haben?**

Die erhebliche Reduktion der Kosten für molekulare Analysen, insbesondere für die Sequenzierung ganzer Genome, führt zu neuen Herausforderungen für die Arbeit des Internisten. Die Zahl der Patienten, die sich aufgrund eigenen Interesses oder einer individuellen Prädisposition einer vollständigen oder teilweisen Genomsequenzierung unterziehen, wird in den nächsten Jahren kontinuierlich zunehmen. Dementsprechend müssen Genvarianten, die das Risiko für eine komplexe Krankheit erhöhen, in das bisherige Risikoprofil des Patienten integriert werden [1]. Diese Analyse führt im Idealfall zu Empfehlungen für eine auf den individuellen Patienten abgestimmten Präventions- und Therapiestrategie.

Diese Art der Beratung zu Gesundheitsrisiken und vorbeugenden Maßnahmen ist auch schon bisher integraler Bestandteil der Inneren Medizin und muss jetzt um die Ebene des individuellen genetischen Risikos erweitert werden. Dies gilt auch für die Bewertung pharmakogenomischer Erkenntnisse im Hinblick auf die Individualisierung von Medikamententherapien. Hier kommt dem Internisten eine besonders wichtige Aufgabe zu, weil zahlreiche Anbieter genomische Analysen bewerben, ohne sie in den für den Patienten relevanten Gesamtzusammenhang zu stellen. Der Internist muss also gerade im Zeitalter der molekularen Medizin seine Funktion als integrativ und umfassend denkender, den Patienten beratender Arzt ausfüllen. Diese internistische integrative Beratung ist von der humangenetischen Beratung von Patienten mit Erbkrankheiten zu unterscheiden. Allerdings sind die entsprechenden Kenntnisse, die für eine sachgerechte Beratung des Patienten durch den behandelnden Internisten nötig sind, bislang nicht an jeder Stelle vorhanden. Insbesondere fehlt eine kontinuierliche Einordnung und Bewertung von Ergebnissen der molekularen Medizin in das Verständnis einzelner internistischer Krankheiten.

Die Einbindung aller Aspekte der molekularen Medizin in die Ausbildung von Medizinstudierenden ist von essenzieller Bedeutung für deren Nutzung und Weiterentwicklung. Ärzte und insbesondere Internisten müssen zukünftig in der Lage sein, molekulare Informationen zu analysieren und in klinischen Zusammenhängen zu interpretieren. Dies setzt Kenntnisse und Fähigkeiten voraus, die heute häufig nicht im notwendigen Umfang vermittelt werden. Gerade die Entwicklung der molekularen Medizin macht die außerordentliche Bedeutung einer wissenschaftlichen Grundausbildung als Teil des Medizinstudiums deutlich.

Die DGIM ist daher der Auffassung, dass der Bereich der molekularen Medizin – aufbauend auf Kenntnissen der Biologie, Chemie, Biochemie und Zellbiologie über Molekularbiologie, Molekularpathologie und Molekulargenetik bis hin zur Systembiologie und Bioinformatik – obligater Teil des Medizinstudiums sein muss. Hierzu gehören auch Praktika, in denen die Grundlagen der für die Erzeugung molekularer Informationen notwendigen Techniken (DNA-Sequenzierung, Massenspektrometrie u. a.) vermittelt werden. Ein weiterer wichtiger Aspekt für die Arbeit zukünftiger Internisten ist der Umgang mit Datenbanken, einem wichtigen Werkzeug für die Interpretation genomischer und anderer molekularer Informationen. Nach Abschluss des Studiums und mit Beginn der Facharztweiterbildung sind dann aufbauend auf diesen Kenntnissen ergänzende Weiterbildungsinhalte notwendig.

Einen praktikablen Weg könnten evidenzbasierte Leitlinien zur molekularen Medizin darstellen, die von Internisten in Kooperation mit anderen Fachgesellschaften gestaltet, entwickelt und fortgeschrieben werden. Diese „Molekularen Leitlinien“ sollten die aktuell praktizierten Verfahren zur kontinuierlichen Leitlinienaktualisierung weiterentwickeln, die Ergebnisse der personalisierten Medizin berücksichtigen (z. B. Hepatitis C, Lungenkarzinom). Die Inhalte der Molekularen Medizin sind in die aktuelle Reform der (Muster-) Weiterbildungsordnung einzubringen. Schließlich scheint es dringend erforderlich, Inhalte der Molekularen Medizin in die Schwerpunktweiterbildungen der einzelnen Fachgesellschaften der DGIM aufzunehmen. Diese soll Internisten die patientenzentrierte Analyse von molekularen Daten ermöglichen und die notwendigen Kompetenzen zur Beratung des Patienten in Hinblick auf Risikoprofile und Therapieoptionen vermittelt.

Die DGIM empfiehlt daher:

1. Internisten müssen eine zentrale Rolle in der Integration molekularer Daten in Bezug auf individuelle Risikoprofile und daraus entstehende Behandlungs- und Präventionsstrategien einnehmen.
2. Die einzelnen Schwerpunktgesellschaften der DGIM sollten die in ihrem Kompetenzbereich erarbeiteten Erkenntnisse zur molekularen Diagnostik und Therapie in entsprechenden Veröffentlichungen für den behandelnden Internisten fortlaufend zusammenfassen und bewerten.
3. Systematische Fortbildungs- und „Update“-Veranstaltungen müssen die Verbreitung und Aktualisierung des verfügbaren Wissens im Bereich der „Molekularen Inneren Medizin“ unterstützen.
4. Die Schwerpunktgesellschaften der DGIM sollten Inhalte der Molekularen Medizin in die jeweiligen Weiterbildungs-Curricula aufnehmen.



### 3. Wie können wir die therapeutischen Möglichkeiten zur Behandlung komplexer Krankheiten verbessern?

Komplexe, multifaktoriell bedingte Krankheiten stellen große diagnostische und therapeutische Herausforderungen dar. Eine Ursache dieses Problems liegt in der Schwierigkeit, komplexe Zusammenhänge durch einfache Kausalitätsketten zu beschreiben. Vielmehr wird bei diesen Erkrankungen das Verständnis ganzer Systeme und der wechselseitigen Beeinflussung ihrer Bestandteile nötig. Wie eingangs ausgeführt, erlaubt der Einsatz von Hochdurchsatztechnologien und systembiologischen Ansätze sowie von Methoden der funktionellen Bildgebung eine wesentlich detailliertere Beschreibung pathophysiologischer Zustände [2]. Aus diesen Daten lassen sich nun mit Hilfe systemmedizinischer Analysen Zusammenhänge ableiten, die einen neuen und durch Vorinformationen unbeeinflussten Zugang zu komplexen Zusammenhängen erlauben.

In der Tat sammeln Internisten bereits seit vielen Jahrzehnten physiologische Daten der von ihnen behandelten Patienten. Diese werden jedoch nur in den allerwenigsten Fällen systematisch analysiert und für die Erzeugung neuer Hypothesen eingesetzt. Dies lag einerseits an der relativen Begrenztheit des verfügbaren Datensatzes und andererseits am Mangel effizienter Analysemethoden, um relevante Zusammenhänge abzuleiten. Das Sammeln und die Analyse sehr umfangreicher und vielfältiger Datensätze werden als eines der zentralen Probleme der Inneren Medizin der Zukunft angesehen [4].

Aus Sicht der DGIM muss die Innere Medizin daher eine Vorreiterrolle in der Generierung, Analyse und Integration von großen Datenmengen zu Behandlungs- und Forschungszwecken innerhalb der Medizin einnehmen. Hierzu sind folgende Maßnahmen zu erwägen:

1. Entwicklung standardisierter Verfahren und Ontologien zur Sammlung und Speicherung von Patientendaten und der zugehörigen molekularen Informationen in analysierbaren und interpretierbaren Formaten.
2. Aufbau von Strukturen zur Integration molekularer und klinischer Daten, die über Krankenhausinformationssysteme hinausgehen.
3. Kooperation mit möglichst vielen Krankenhäusern und Praxen, um gemeinsame Datenbanken und Forschungsaktivitäten zu ermöglichen.
4. Konsequente Verknüpfung von Behandlungsdaten mit der Versorgungsforschung.
5. Einführung und Nutzung effizienter Mechanismen zur Pseudonymisierung und umfassenden Wahrung der Patientenrechte.

### Literatur

- 1 Chen R, Mias GI, Li-Pook-Than J et al. Personal omics profiling reveals dynamic molecular and medical phenotypes. *Cell* 2012; 148: 1293–1307
- 2 Fernald GH, Capriotti E, Daneshjou R, et al. Bioinformatics challenges for personalized medicine. *Bioinformatics* 2011; 27: 1741–1748
- 3 Garraway LA, Verweij J, Ballman KV. Precision oncology: an overview. *J Clin Oncol* 2013; 31: 1803–1805
- 4 Hofker MH, Fu J, Wijmenga C. The genome revolution and its role in understanding complex diseases. *Biochim Biophys Acta* 2014; 1842: 1889–1895
- 5 Krawczyk M, Müllenbach R, Weber SN et al. Genome-wide association studies and genetic risk assessment of liver diseases. *Nat Rev Gastroenterol Hepatol* 2010; 7: 669–681
- 6 Kristensen VN, Lingjaerde OC, Russnes HG et al. Principles and methods of integrative genomic analyses in cancer. *Nat Rev Cancer* 2014; 14: 299–313
- 7 Kurzrock R, Kantarjian H, Stewart DJ. A cancer trial scandal and its regulatory backlash. *Nat Biotechnol* 2014; 32: 27–31
- 8 Mendelsohn J. Personalizing oncology: perspectives and prospects. *J Clin Oncol* 2013; 31: 1904–1911
- 9 Meyer UA, Zanger UM, Schwab M. Omics and drug response. *Ann Rev Pharmacol Toxicol* 2013; 53: 475–502
- 10 Schadt EE. Molecular networks as sensors and drivers of common human diseases. *Nature* 2009; 461: 218–223
- 11 Schleidgen S, Klingler C, Bertram T et al. What is personalized medicine: sharpening a vague term based on a systematic literature review. *BMC Med Ethics* 2013; 14: 55
- 12 Wehr HF, Wiehr S, Divine MR et al. Preclinical and translational PET / MR imaging. *J Nucl Med* 2014; 55: 115–185

### Korrespondenz

Prof. Dr. Frank Lammert  
Klinik für Innere Medizin II  
Universitätsklinikum des Saarlandes  
Kirrberger Straße 100  
66421 Homburg  
Tel. 06 841–1623201  
Fax: 06 841–1623267  
Frank.Lammert@uks.eu

Prof. Dr. Nisar Malek  
Medizinische Universitätsklinik  
Abteilung Innere Medizin 1  
Otfried-Müller-Str. 10  
72076 Tübingen  
Tel. 07071–2982721  
Fax: 07071–292095  
Nisar.Malek@med.uni-tuebingen.de

### Danksagung

Die Kommission dankt G. Hasenfuß (Göttingen), M.P. Manns (Hannover), T. Sauerbruch (Bonn) und O. Wolkenauer (Rostock) für wertvolle Hinweise zum Entwurf des Positionspapiers.

DOI 10.1055/s-0041-101102  
Dtsch Med Wochenschr 2015; 140: 523–527  
© Georg Thieme Verlag KG · Stuttgart · New York ·  
ISSN 0012-0472

