

Pharmacogenetic Clinical Decision Support

Studiengang: BSc in Medizininformatik

Betreuer: Prof. Dr. Thomas Bürkle, Prof. Dr. Murat Sariyar

Experte: Markus Nufer (Nufer Consulting AG)

Industriepartner: Inselspital, Bern

Schon heute ist eine Vielzahl an Interaktionen zwischen Genen und Medikamenten bekannt, die Nebenwirkungen verursacht. Die Anwendung dieses Wissens würde es ermöglichen unerwünschte Arzneimittelereignisse reduzieren und dadurch Menschenleben zu retten und Kosten zu sparen. Mit der Entwicklung eines Prototyps wurde am Beispiel der onkologischen Medikation des Inselspitals gezeigt, wie pharmakogenetisches Wissen im Klinikalltag angewendet werden könnte.

Mit dem 1990 gestarteten Human Genome Project gelang es 2003 erstmals das menschliche Genom vollständig zu sequenzieren. Damit wurde ein Grundstein für die personalisierte Medizin gelegt. Inzwischen können molekulargenetische Untersuchungen viel billiger und schneller durchgeführt werden. Dadurch sind wir heute an einem Punkt angelangt, an dem über einen breiteren Einsatz von genetischen Untersuchungen nachgedacht werden kann. Für einige spezifische Fragestellungen wurde bereits nachgewiesen, dass die gewünschten medizinischen und ökonomischen Effekte erzielt werden können.

Fragestellung

In unserer Arbeit haben wir untersucht, wie während der Medikamentenverordnung einem Arzt automatisch Behandlungsempfehlungen auf Basis eines vorliegenden Genomdatensatzes angezeigt werden können. Die zugrundeliegenden Handlungsanweisungen stammen aus internationalen medizinischen Guidelines, welche wir in Zusammenarbeit mit der Onkologie den klinischen Anforderungen des Inselspitals angepasst haben. Zusätzlich haben wir untersucht, wie ein solches System in die Informatikumgebung eines Krankenhauses integriert werden könnte. Die für die Beantwortung dieser Fragen nötigen Komponenten wurden prototypisch implementiert. Dabei wurden wir vom Institut für klinische Chemie am Inselspital und deren Medizininformatik unterstützt.

Befunderstellung

Für die Erstellung eines Befundes aus vorliegenden Gendaten haben wir das Open Source Programm «PharmCAT» unserem Einsatzzweck angepasst. PharmCAT kann im Genom eines Patienten, mithilfe von auf Guidelines basierenden Regeln, nach Mustern suchen, von denen bekannt ist, dass sie die Wirkung von Medikamenten beeinflussen. Die gefundenen Ergebnisse werden nach Abschluss der Analyse in einen elektronischen HL7-Befund zusammengefasst und an das klinische Arbeitsplatzsystem (KAS) übermittelt. Wenn sich die Regeln aufgrund neuer Erkenntnisse ändern, kann mit aktualisierten Regeln und den ursprünglichen Gendaten ein neuer Befund generiert werden. Die hohen Kosten der Sequenzierung entstehen nur einmalig.

Handlungsanweisungen

Bei einer Medikamentenverordnung wird der Medikationsauftrag zusammen mit dem genetischen Befund von einem wissensbasierten System überprüft. Wird dabei eine relevante Kombination festgestellt wird dem verordnenden Arzt eine Warnung mit Handlungsanweisungen im KAS angezeigt. Diesen Mechanismus haben wir in der Onkologiemedikation im KAS des Inselspitals (CGM PHOENIX) für die relevanten Gene und Wirkstoffe implementiert.

Fazit

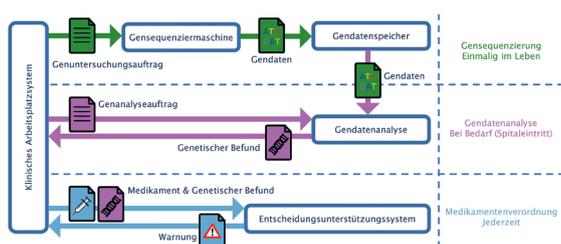
Durch die prototypische Implementation im Entwicklungssystem des Inselspitals konnten wir aufzeigen, wie personalisierte Medizin die Gesundheitsversorgung effizienter und sicherer machen könnte.



Marwin Johannes Philips



Kevin Michael Tippenhauer
kevin.tippenhauer@gmail.com



Datenfluss Gensequenzierung, Gendatenanalyse und Medikamentenverordnung