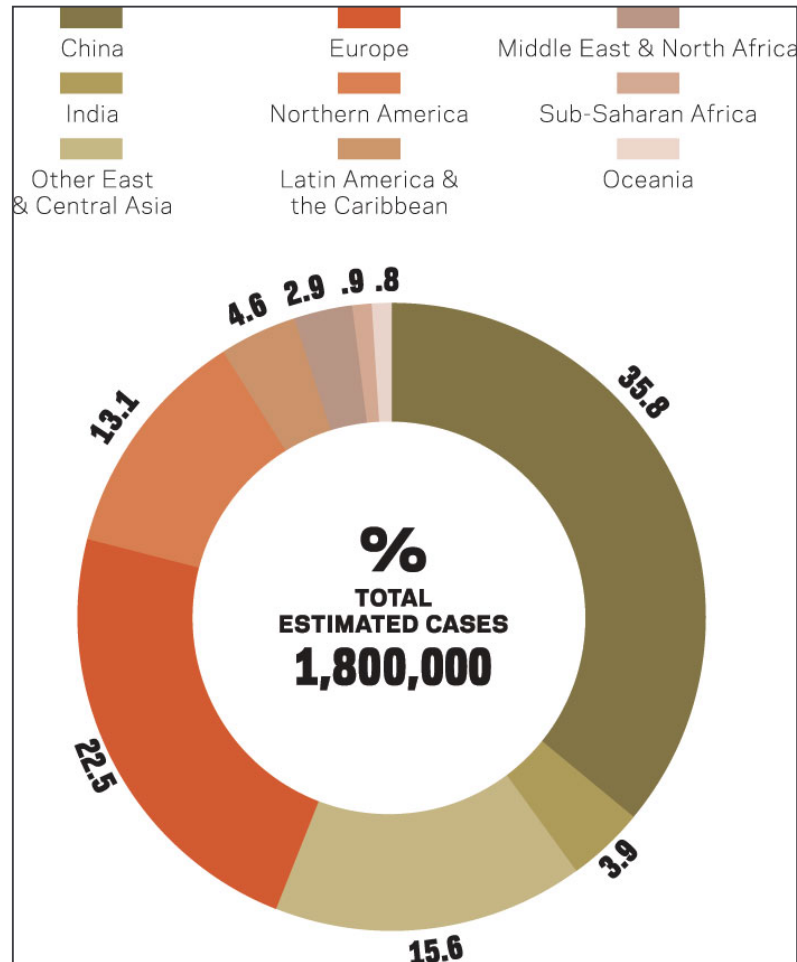


SYMPOSIUM 7. Juli 2022

Etablierte Versorgungsstrukturen und Ausblick für die Genommedizin am Beispiel des nationalen Netzwerks Genomische Medizin (nNGM) Lungenkrebs

Jürgen Wolf
Centrum für Integrierte Onkologie
Uniklinik Köln

Lungenkrebs verursacht die meisten Krebstoten - global und bei uns



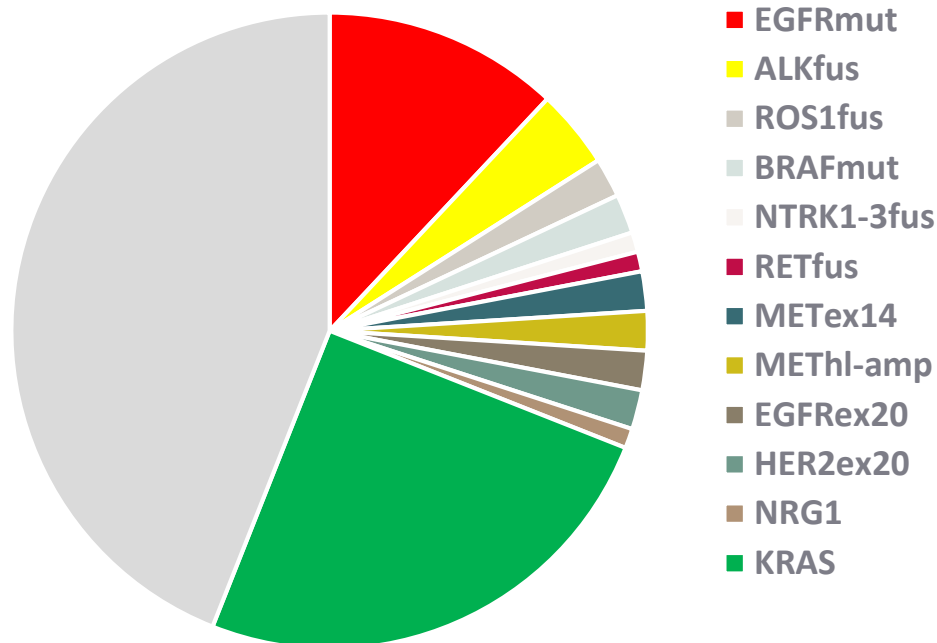
1,8 Mill. Lungenkrebstodesfälle jährlich weltweit

| ICD-10 Positionsnummer | Bösartige Neubildung | Gestorbene ¹ | Anteil in % |
|---------------------------|--|-------------------------|-------------|
| C34 | der Bronchien und der Lunge (Lungen- und Bronchialkrebs) | 44 786 | 19,4 |
| C25 | des Pankreas (Bauchspeicheldrüsenkrebs) | 18 922 | 8,2 |
| C50 | der Brustdrüse (Brustdrüsenkrebs (Mamma)) | 18 591 | 8,0 |
| C18 | des Kolons (Dickdarmkrebs) | 15 692 | 6,8 |
| C61 | der Prostata | 15 403 | 6,7 |
| C80 | ohne Angabe der Lokalisation | 10 638 | 4,6 |
| C22 | der Leber und der intrahepatischen Gallengänge | 8 457 | 3,7 |
| C16 | des Magens | 8 353 | 3,6 |
| C20 | des Rektums (Mastdarm oder Enddarm) | 7 417 | 3,2 |
| C71 | des Gehirns | 5 929 | 2,6 |

Lungenkrebs ist für jeden 5. Krebstodesfall In Deutschland verantwortlich

Die Therapie von (Lungen-) Krebs wird zunehmend molekular gesteuert

Beispiel: Therapierbare Treibermutationen beim Lungenkarzinom
(Zulassung, off-label, klinische Studien)



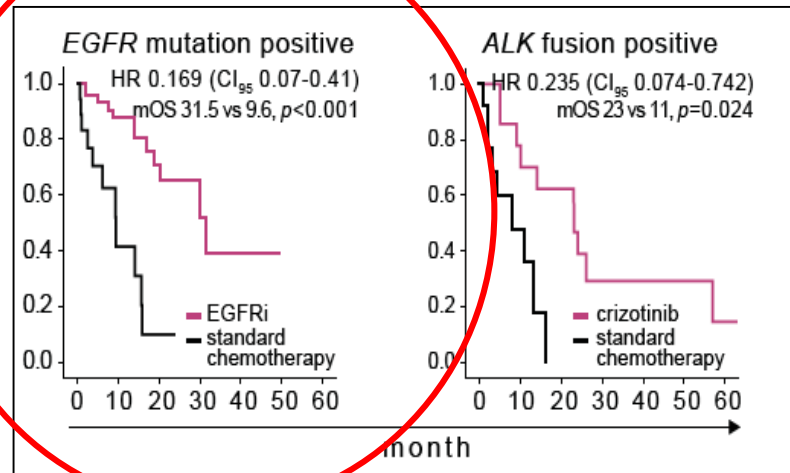
**Mutations-spezifische Therapien
(Kinaseinhibitoren, Antikörper)**

**Gensequenzierung (NGS) vor Therapiebeginn essentiell
> ähnliche Entwicklung bei anderen Tumorerkrankungen**

Personalisierte Lungenkrebs-Behandlung verlängert das Überleben um Jahre

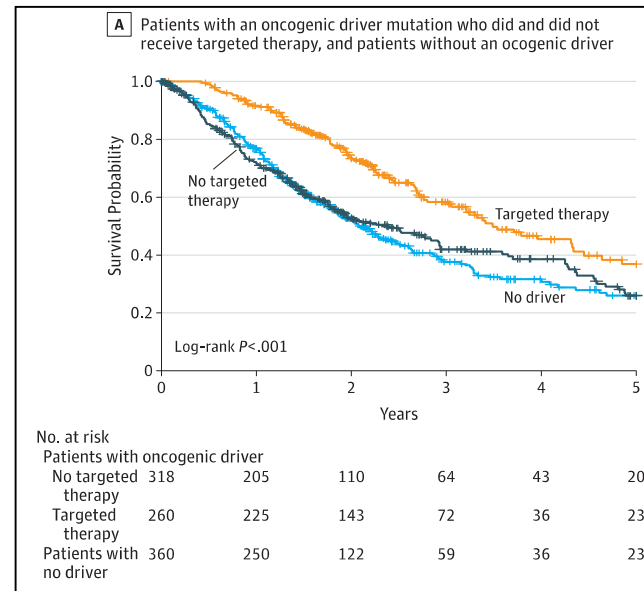
frühe Registerdaten (Ausgangslage: medianes Überleben mit Chemotherapie bei 10-12 Mon.)

Deutschland:
Netzwerk Genomische Medizin



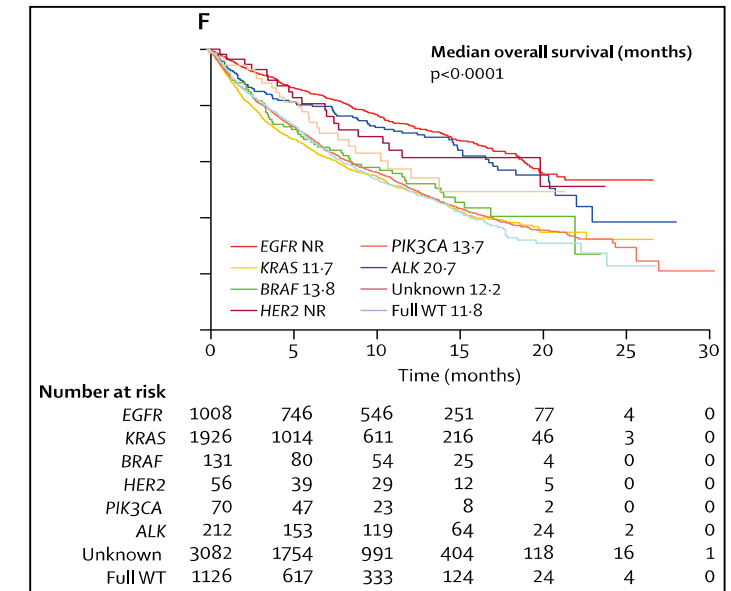
The Clinical Lung Cancer Genome Project and Network Genomic Medicine. Sci Transl Med 2013;5:209ra153

USA:
Lung Cancer Mutational Consortium



Kris et al. JAMA 2014;311:1998-2006

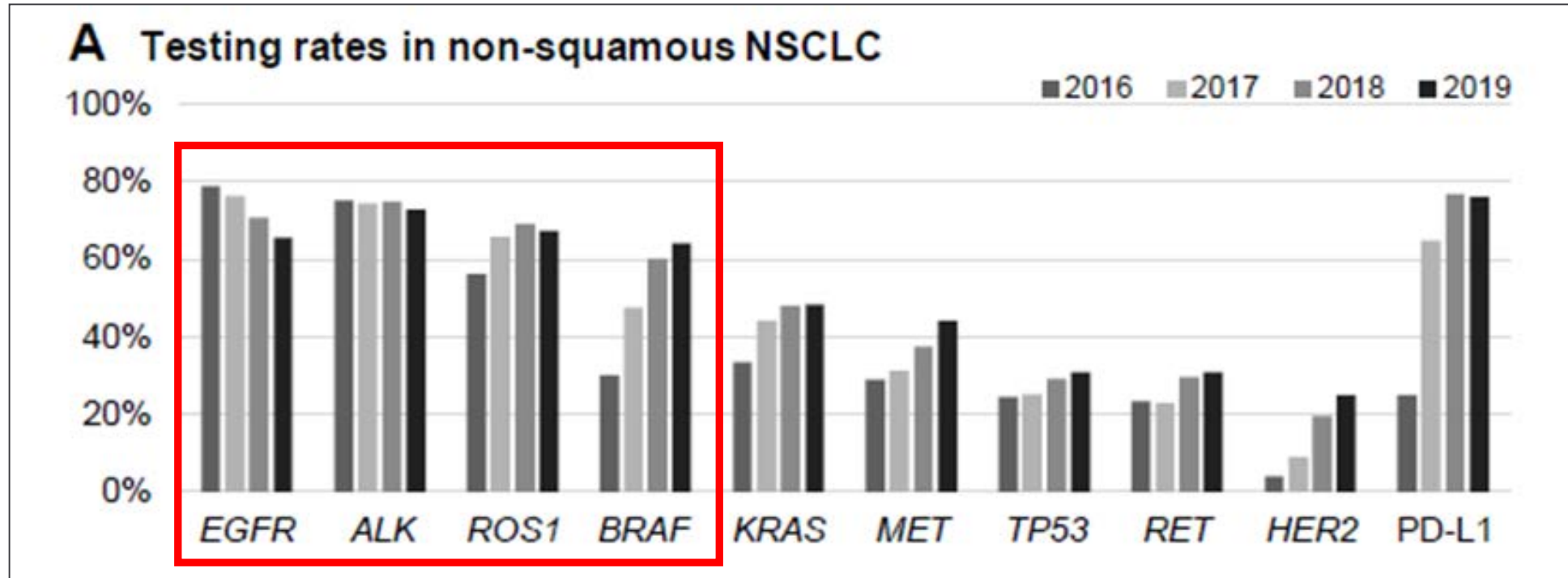
France:
INCA cohort



Barlesi et al. Lancet 2016;387:1415-26

> noch bessere Überlebenszeiten von 5 Jahren und mehr in aktuellen Studien und Registerevaluierungen mit sequentiellen Therapien und Nächstgenerations-Inhibitoren

Molekulare Testraten in Deutschland sind inakzeptabel und führen zum Verlust Tausender Patientenlebensjahre / Jahr



Griesinger et al, Lung Cancer 2020

- > **Krebstherapien werden in Deutschland in ca. 1700 Krankenhäusern und 600 onkologischen Praxen durchgeführt**
- > **trotz eines leistungsfähigen Gesundheitssystems erhebliche Defizite beim Innovationstransfer**

Die Implementierung genomischer Medizin erfordert eine neue Arbeitsteilung zwischen spezialisierten Zentren und Regelversorgern

Zentralisierung von Diagnostik, Beratung, Evaluation



- Genomsequenzierung mit regelmäßiger Weiterentwicklung und QS
- Konsentierete Empfehlungen zur Therapie
- Molekulare Tumorboards
- Zweitmeinungsangebot
- Klinischen Studien und spezialisierte Behandlungen
- Datenbanken und kontinuierliche Evaluation

Forschungs-nahes Spitzenzentrum

heimatnahe Routinebehandlung



Tumorgewebe
Klinische Daten

Befund
Empfehlung
Beratung



Krankenhäuser und Praxen

Nationales Netzwerk Genomische Medizin Lungenkrebs

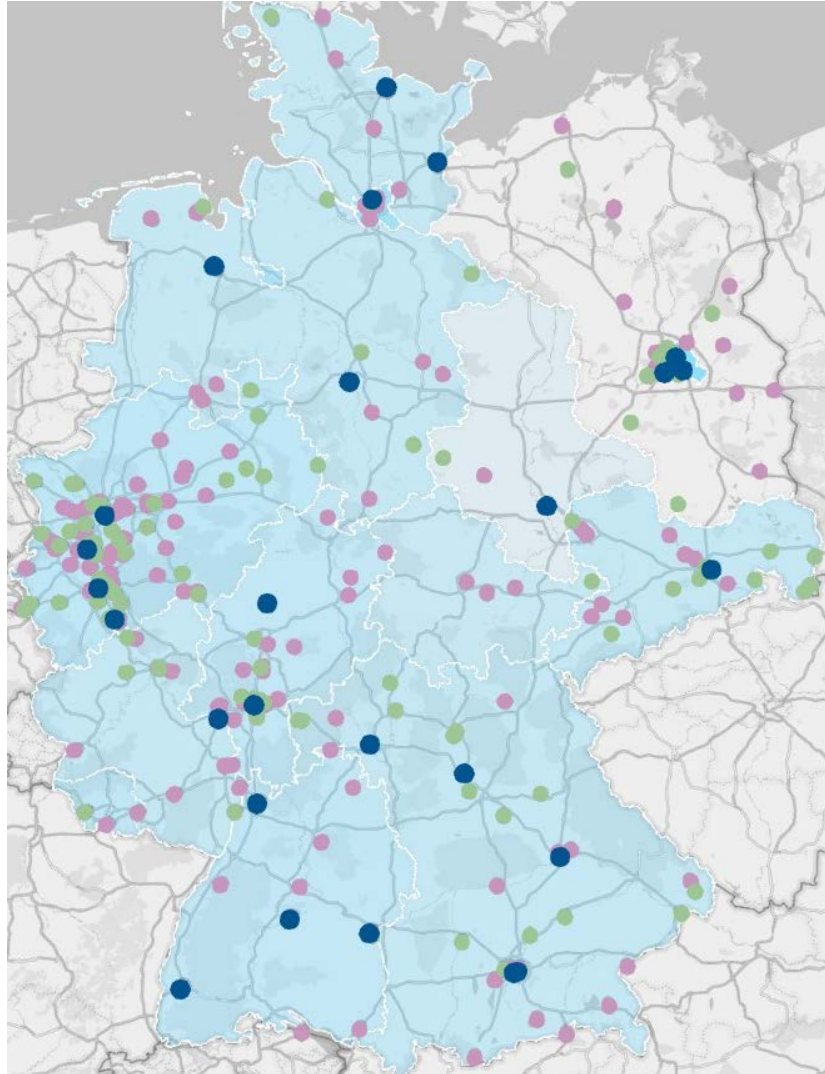
gefördert von der Deutschen Krebshilfe seit 2018
und den Krankenkassen

www.nngm.de



nNGM

National Network
Genomic Medicine
Lung Cancer



● **24 Netzwerkzentren (NZ)**
an 26 Standorten

359 Netzwerkpartner (NP):
● 170 Praxen / MVZs
● 189 Krankenhäuser

**24 nNGM Zentren:
Netzwerk der Netzwerke**

Berlin Charité, Berlin Helios,
Berlin Heckeshorn, Berlin Vivantes,
Dresden, Düsseldorf, Erlangen, Essen,
Frankfurt, Freiburg, Gießen-Marburg,
Halle/Saale, Hamburg, Hannover,
Heidelberg, Kiel/Lübeck, Köln/Bonn, Mainz,
München TU/LMU, Oldenburg, Regensburg,
Tübingen-Stuttgart, Ulm, Würzburg

Stand 2021:

**ca. 15.000 Pat. mit fortgeschrittenem
NSCLC erfasst
= ca. 50% der Zielpopulation**

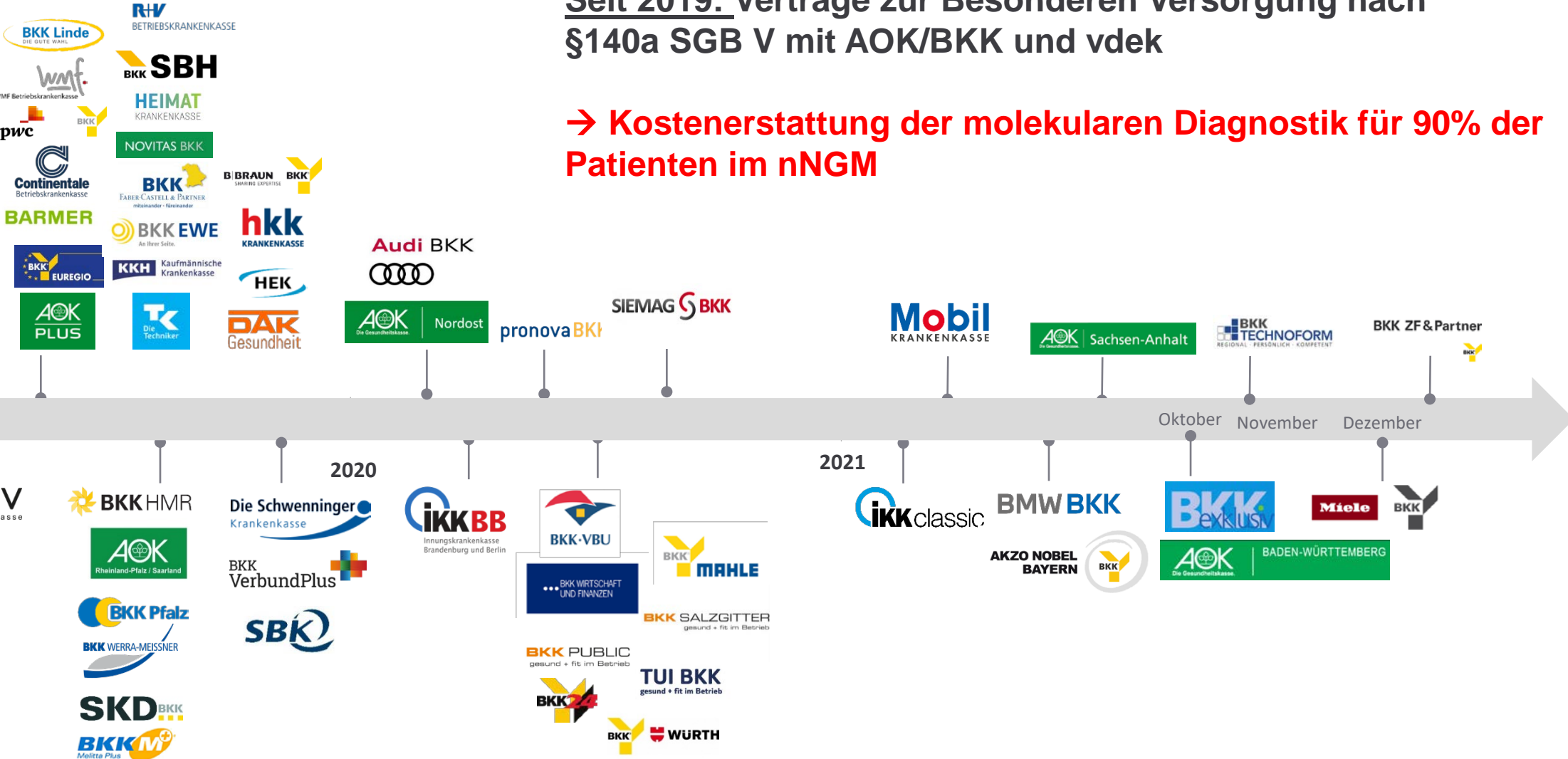
- harmonisierte NGS-basierte breite molekulare Testung mit zentraler QS
- harmonisierte Interpretation und Empfehlung
- **Zentrale Evaluation**
- **Studienallokation**
- **Erstattung durch die Krankenkassen durch Besondere Versorgungsverträge**

Fallpauschalisierte Vergütung im nNGM

Seit 2019: Verträge zur Besonderen Versorgung nach §140a SGB V mit AOK/BKK und vdek

→ Kostenerstattung der molekularen Diagnostik für 90% der Patienten im nNGM

- AOK Bayern
- AOK Bremen/Bremerhaven
- AOK Hessen
- AOK Niedersachsen
- AOK Nordwest
- AOK Rheinland/Hamburg

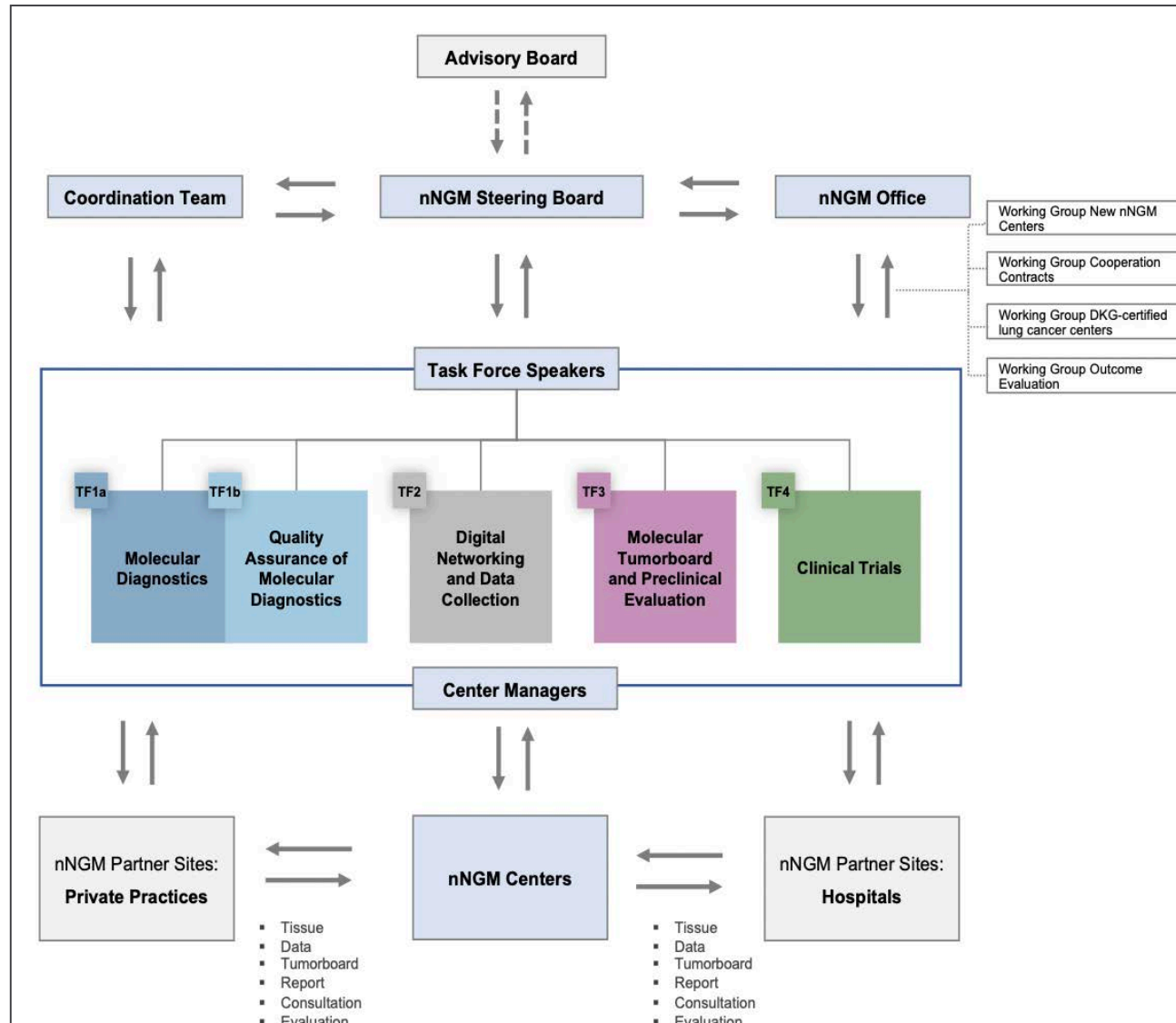


Die Struktur des nNGM Verbunds



nNGM

Nationales Netzwerk
Genomische Medizin
Lungenkrebs



TF 1 Molekulare Diagnostik

- Bundesweit harmonisierte NGS-Diagnostik
- Methodische Weiterentwicklung
- Zentrale Qualitätssicherung

TF 2 Digitale Vernetzung und Datensammlung

- IT-Architektur mit zentraler Datenbank
- Vernetzung mit anderen Initiative

TF 3 Molekulares Tumorboard und präklinische Evaluation

- Harmonisierung der Empfehlungen
- Präklinische Plattform zur Charakterisierung neuer Mutationen

TF 4 Klinische Studien

- Harmonisierung des Studienportfolios
- Flächendeckendes Angebot bei seltenen Mutationen
- Entwicklung eigener Studienprotokolle

TF 1a: Molekulare Diagnostik

Sprecher: R. Büttner (Köln), F. Haller (Erlangen), S. Merkelbach-Bruse (Köln)

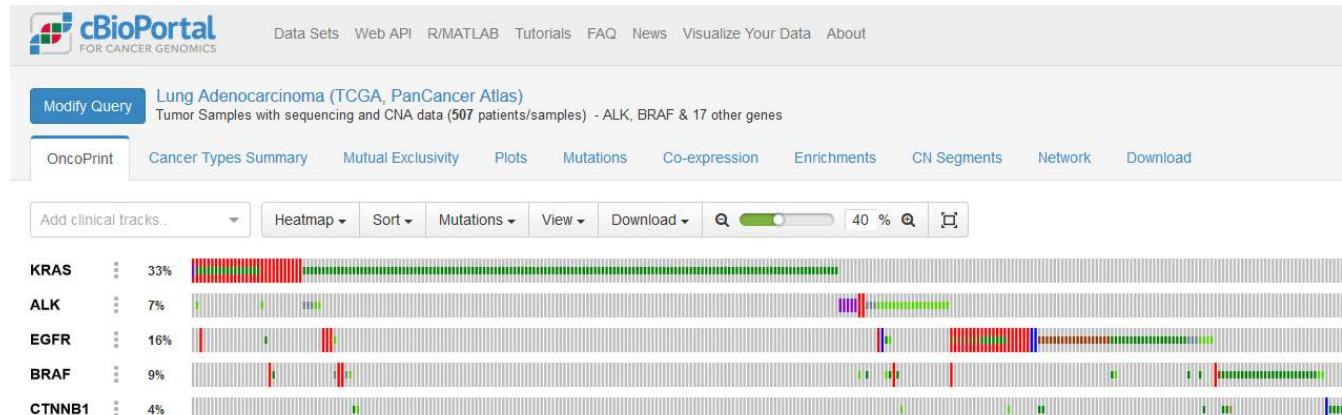


nNGM

Nationales Netzwerk
Genomische Medizin
Lungenkrebs

- Harmonisiertes NGS Panel mit regelmäßigem Update
- Gemeinsame SOPs für molekulare Diagnostik (NGS, FISH etc.)
- Harmonisiertes Reporting
- Evaluation neuer Testverfahren
 - RNA-sequencing > fusions
 - Liquid Biopsy u.a.

> Veröffentlichung der Testergebnisse über cBioPortal in Vorbereitung



Panel 2.0 (Indikation: AC, PC)

| Gen | NCBI | Ensembl | Exone |
|-----------|--------------------------------|--------------------|---|
| ALK | NM_004304.4 | ENST00000389048 | 22, 23, 24, 25 |
| BRAF | NM_004333.4 | ENST00000288602.6 | 11, 15 |
| CTNNB1 | NM_001904.3 | ENSG00000168036 | 3 |
| EGFR | NM_005228.3 | ENST00000275493.2 | 18, 19, 20, 21 |
| ERBB2 | NM_004448.2 | ENST00000269571.5 | 8, 19, 20 |
| FGFR1 | NM_023110.2 | ENST00000447712.2 | 4, 5, 6, 7, 10, 12, 13, 14, 15 |
| FGFR2 | NM_000141.4 | ENST00000358487.9 | 6, 7, 8(b), 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 18 |
| FGFR2 | NM_022970.3 | ENST00000457416.2 | 8(a) |
| FGFR3 | NM_000142.4 | ENST00000440486.2 | 3, 6, 7, 9, 10, 12, 14, 16, 18 |
| FGFR4 | NM_213647.1 | ENST00000292408.4 | 3, 6, 9, 12, 13, 15, 16 |
| IDH1 | NM_005896.2 | ENST00000345146.2 | 4 |
| IDH2 | NM_002168.2 | ENST00000330062.3 | 4 |
| KRAS | NM_033360.2 | ENST00000256078.4 | 2, 3, 4 |
| MAP2K1 | NM_002755.3 | ENST00000307102.5 | 2, 3 |
| MET | NM_001127500.2 | ENST00000397752.3 | 14, 16, 17, 18, 19 |
| MET | NM_001127500.2 | ENST00000397752.3 | Intron 13, ersten 100 bp von Intron 14 |
| NRAS | NM_002524.4 | ENST00000369535.4 | 2, 3, 4 |
| PIK3CA | NM_006218.2 | ENST00000263967.3 | 8, 10, 21 |
| PTEN | NM_000314.4 | ENST00000371953.3 | 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8 |
| ROS1 | NM_002944.2 | ENST00000368508.3 | 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41 |
| TP53 | NM_000546.5 | ENST00000269305.4 | 4, 5, 6, 7, 8 |
| NTRK1 | NM_002529.3 | ENST00000524377.5 | 13, 14, 15, 16, 17 |
| NTRK2 | NM_006180.3 | ENST00000277120.7 | 14, 15, 16, 17, 18, 19 |
| NTRK3 | NM_001012338.2 | ENST00000360948.6 | 15, 16, 17, 18, 19, 20 |
| RET | NM_020975.6 | ENST00000355710.8 | 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18 |
| HRAS | NM_005343.4, NM_001130442.1 | ENST00000311189.8 | 2, 3, 4 |
| STK11 | NM_000455.4 | ENST00000326873.11 | 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 |
| KEAP1 | NM_203500.2 | ENST00000171111.10 | 2, 3, 4, 5, 6 |
| rs6444724 | dbSNP151 | | |
| rs6811238 | dbSNP151 | | |
| rs338882 | dbSNP151 | | |
| rs321198 | dbSNP151 | | |
| rs3780962 | dbSNP151 | | |
| rs2269355 | dbSNP151 | | |

TF 1b: Qualitätssicherung der molekularen Diagnostik

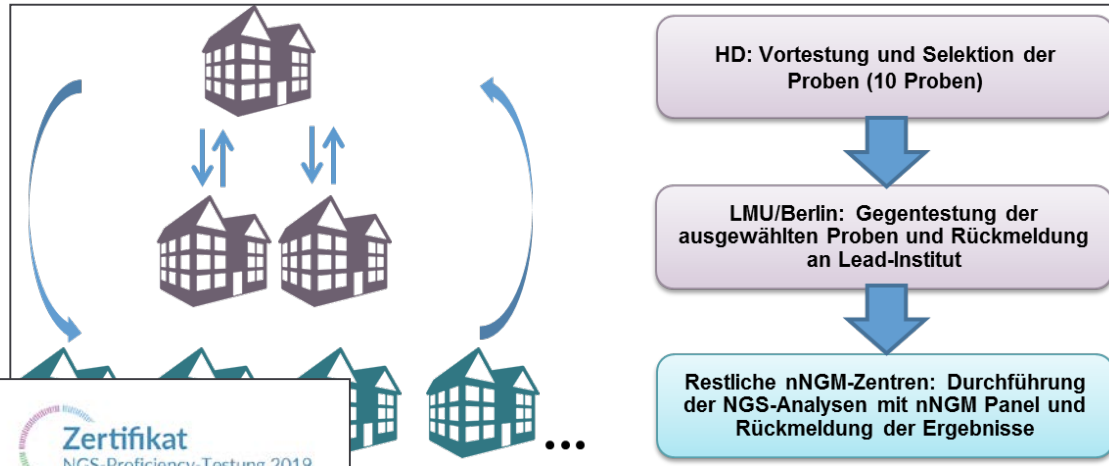
Sprecher: P. Schirmacher (Heidelberg), F. Klauschen (München), D. Horst (Berlin)



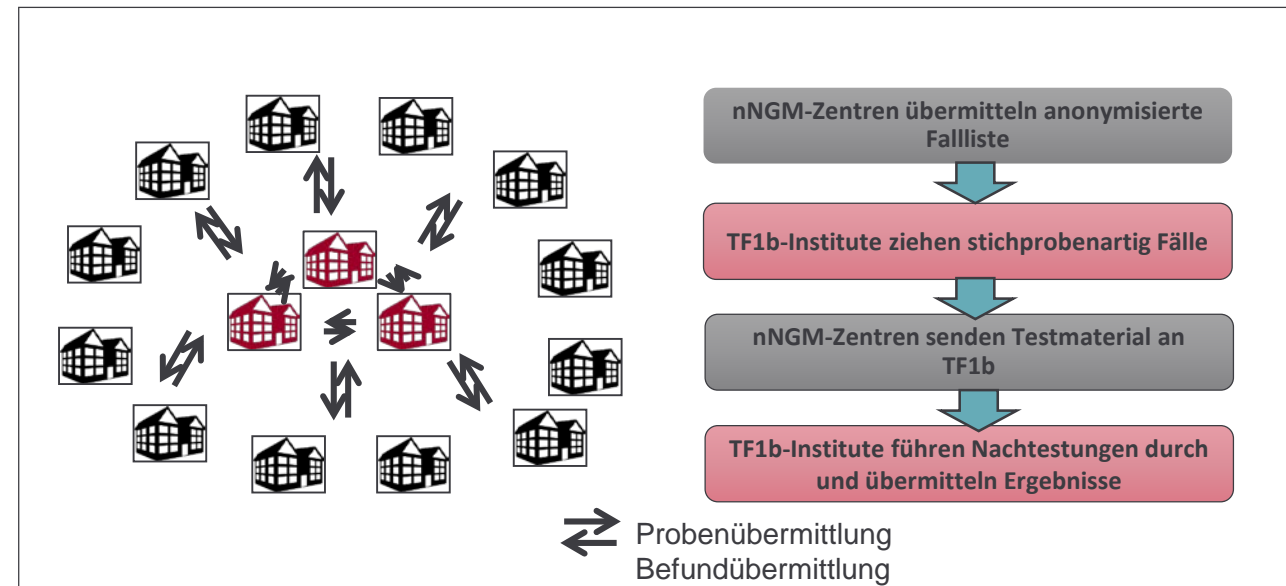
nNGM

Nationales Netzwerk
Genomische Medizin
Lungenkrebs

NGS-Proficiency Testung



NGS-Performance Testung



> Qualitätskontrolle auch relevant für Kostenerstattung und für Beitritt neuer Zentren

TF 2: Dokumentation und Evaluation

Sprecher: A. Kron (Köln), M. Lablans (Heidelberg), C. v. Kalle (Berlin)

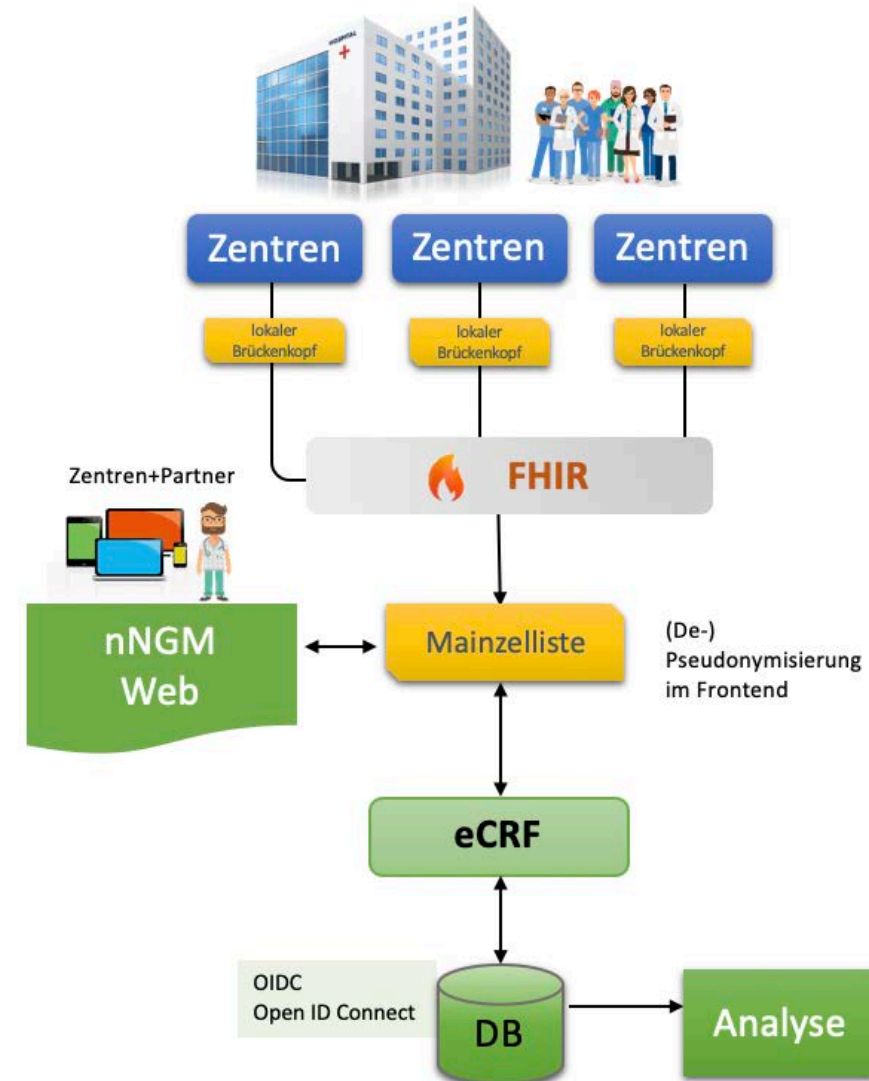


nNGM

Nationales Netzwerk
Genomische Medizin
Lungenkrebs

Herausforderung IT-Architektur

- Nutzung für Klinik (Klarnamen) und Forschung (pseudonymisiert) → Mainzliste DKFZ
- Zentrale nNGM Datenbank (eCRF - Fa. MedicalSyn)
- Etablierung + Nutzung von nNGM-FHIR Profilen
- Verschiedene Optionen der Datenübermittlung in die Datenbank: Transfer oder Remote
- Anbindung
 - zentrales Studienregister
 - MURIEL Datenbank für harmonisierte klinische Informationen
 - Patienten-App (DATABOX) → DigiNet



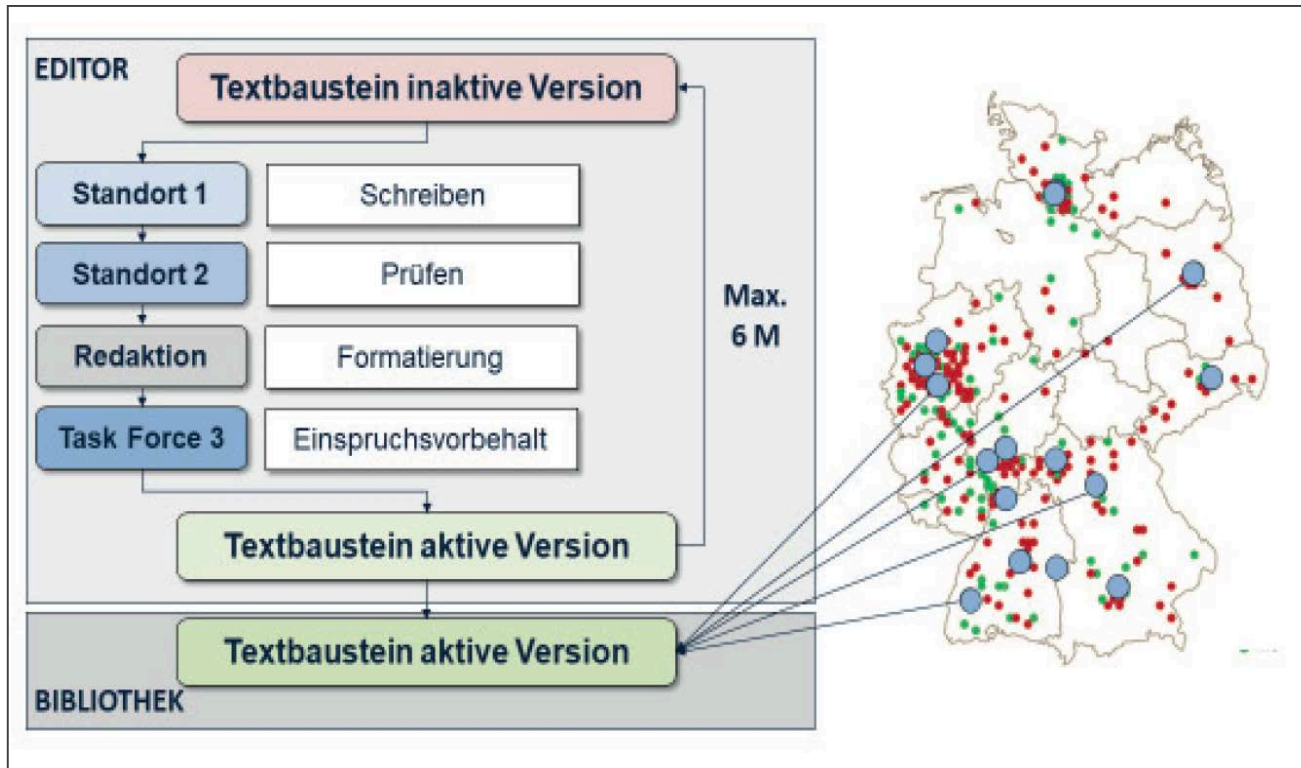
TF 3: Beratung

Sprecher: C. Brandts (Frankfurt), S. Loges (Mannheim/DKFZ), M. Wermke (Dresden)
In Zusammenarbeit mit A. Heyll, MDK Kompetenzzentrum Onkologie



nNGM | Nationales Netzwerk
Genomische Medizin
Lungenkrebs

Harmonisierung von molekularen Befunden und klinischer Information im Netzwerk



Hauptseite Meine Seite Gene Hilfe

Muriel - Molekulare theRapieEmpfehlungen für Lungenkrebs

Gene Aktivität Textbausteine

Gene

- ★ ALK (ENST00000389048) NM_004304.4
- ★ BRAF (ENST00000288602) NM_004333.4
- ★ CTNNB1 (ENST00000349496) NM_001904.3
- ★ EGFR (ENST00000275493) NM_005228.3
- ★ ERBB2 (ENST00000269571) NM_004448.2
- ★ FGFR1 (ENST000004477) NM_023110.2
- ★ FGFR4 (ENST00000292408) NM_213647.1
- ★ IDH1 (ENST00000345146) NM_005896.2
- ★ KRAS (ENST00000311936) NM_033360.2
- ★ MAP2K1 (ENST00000307) NM_002755.3

Klinische Informationen (nNGM-Datenbank MURIPEDIA)

EGFR - p.L747_T751del

c.2238_2252del
p.L747_T751del

Molekularpathologische Wertung

Bei der Gruppe der Exon 19 In-frame Deletionen (Ex19del) im EGFR-Gen handelt es sich um typische, aktivierende EGFR-Mutationen, die zu einer verstärkten TKI-Aktivität führen. Sie machen einen Anteil von ca. 40-45% aller EGFR-Mutationen beim NSCLC aus [1].

Klinische Studien

In der Erstliniensituation ist eine Therapie im Rahmen der Studie CEGF816X2102 (Köln und Essen) möglich: Studienpatienten erhalten zunächst eine Monotherapie mit dem Drittgenerationsinhibitor EGFR16 (vergleichbar zu Osimertinib). Nach etwa 4 Monaten erfolgt eine Rebiopsie mit Untersuchung möglicher Resistenzmechanismen, an die sich mehrere rational ausgewählte Kombinationsbehandlung auf Basis von EGFR16 anschließen. Das Ziel der Studie ist, durch diesen Ansatz die Zeit der Krankheitskontrolle mit zielgerichteter Therapie zu verlängern.

In der Resistenzsituation nach Erstlinientherapie sind u.U. weitere Studienoptionen möglich. Wir bieten mit den molekularpathologischen Ergebnissen einer Rebiopsie oder Liquid Biopsy eine Vorstellung im molekularen Tumorboard an.

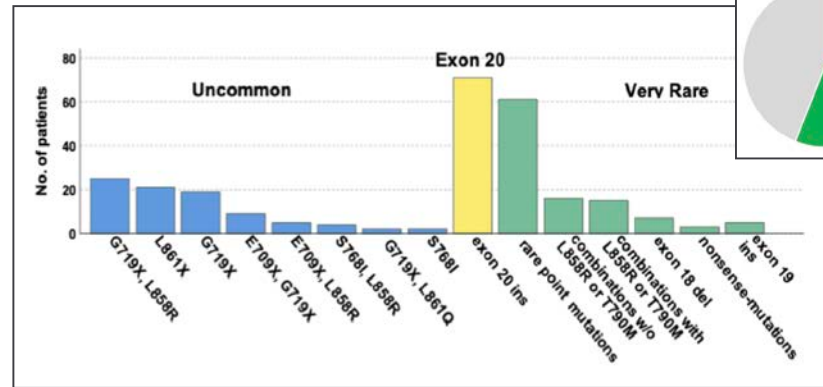
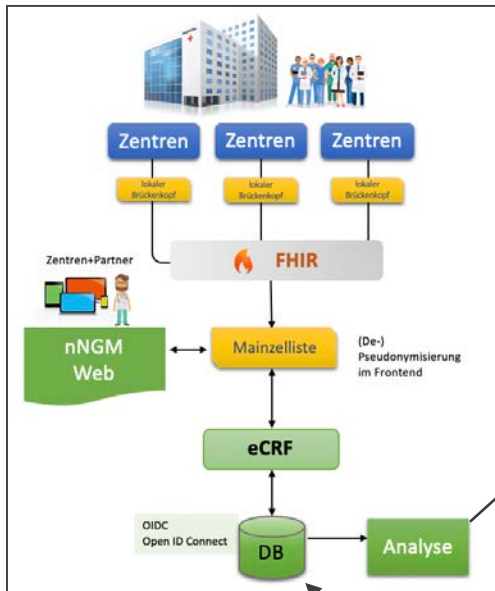
Zulassungen zielgerichtete Substanzen / Immuntherapie

Zugelassene Substanzen für die Erstlinientherapie (in alphabetischer Reihenfolge): Afatinib

Seit Q1 / 2022: Freischaltung und Anfügen an jeden nNGM Zentrums-Pathologiebefund

nNGM Datenbank: kont. Generierung von Evidenz aus der Versorgung

aktuell: genomische und klinische Daten von ca. 25.000 Patienten



834 Fälle mit untypischen EGFR-Mutationen

> Ann Oncol. 2022 Mar 6;S0923-7534(22)00361-1. doi: 10.1016/j.annonc.2022.02.225. Online ahead of print.

Treatment outcome of atypical EGFR mutations in the German National Network Genomic Medicine Lung Cancer (nNGM)

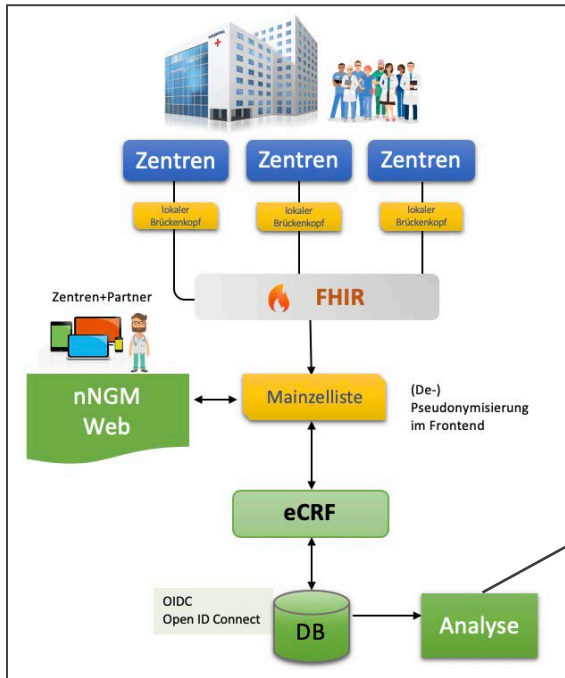
M Janning¹, J Süptitz², C Albers-Leischner³, P Delpy⁴, A Tufman⁵, J-L Velthaus-Rusik³, M Reck⁶, A Jung⁷, D Kauffmann-Guerrero⁵, I Bonzheim⁸, S Brändlein⁹, H-D Hummel¹⁰, M Wiesweg¹¹, H-U Schildhaus¹², J A Stratmann¹³, M Sebastian¹³, J Alt¹⁴, J Buth¹⁵, I Esposito¹⁶, J Berger¹⁶, L Tögel¹⁷, F C Saalfeld¹⁸, M Wermke¹⁸, S Merkelbach-Bruse¹⁹, A M Hillmer²⁰, F Klauschen⁷, C Bokemeyer³, R Buettner¹⁹, J Wolf², S Loges²¹

Muriel - Molekulare theRapieEmpfehlungen für Lungenkrebs

| Gene | Aktivität | Testverfahren |
|---|---|---|
| ALK ALK (ENST00000389040) NM_004304.4 | BRAF BRAF (ENST00000288602) NM_064333.4 | CTNNB1 CTNNB1 (ENST00000149490) NM_001930.3 |
| ERBB2 ERBB2 (ENST00000269371) NM_004482.2 | FGFR1 FGFR1 (ENST00000477171) NM_023110.2 | FGFR2 FGFR2 (ENST00000104071) NM_002414.4 (für das zusätzliche Exon 8 Verwendung von NM_022970.3 (4/ENST00000457418.0)) |
| FGFR3 FGFR3 (ENST00000440400) NM_001424.4 | FGFR4 FGFR4 (ENST00000262408) NM_213547.1 | IDH1 IDH1 (ENST00000345148) NM_001896.2 |
| IDH2 IDH2 (ENST00000330062) NM_002168.2 | IMMUNOTHERAPIE Immuntherapie | KRAS KRAS (ENST00000119390) NM_033360.2 |
| MAP2K1 MAP2K1 (ENST00000307103) NM_002755.3 | MET MET (ENST00000187752) NM_001127580.2 | NRAS NRAS (ENST00000168530) NM_002524.4 |

nNGM Datenbank: kont. Generierung von Evidenz aus der Versorgung

aktuell: genomische und klinische Daten von ca. 25.000 Patienten



K-ras Mutation Subtypes in NSCLC and Associated Co-occurring Mutations in Other Oncogenic Pathways

> J Thorac Oncol. 2019 Apr;14(4):606-616. doi: 10.1016/j.jtho.2018.12.013. Epub 2018 Dec 31.

> J Thorac Oncol. 2021 Apr;16(4):572-582. doi: 10.1016/j.jtho.2020.11.017. Epub 2020 Dec 9.

Genetic Heterogeneity of MET-Aberrant NSCLC and Its Impact on the Outcome of Immunotherapy

Matthias Scheffler
Andreas Hans Scheel
Nima Abedpo
Jana Fassunke
Wolfgang Schulze

> J Thorac Oncol. 2021 Nov;16(11):1952-1958. doi: 10.1016/j.jtho.2021.06.025. Epub 2021 Jul 8.

Efficacy of Immune Checkpoint Inhibitors Alone or in Combination With Chemotherapy in NSCLC Harboring ERBB2 Mutations

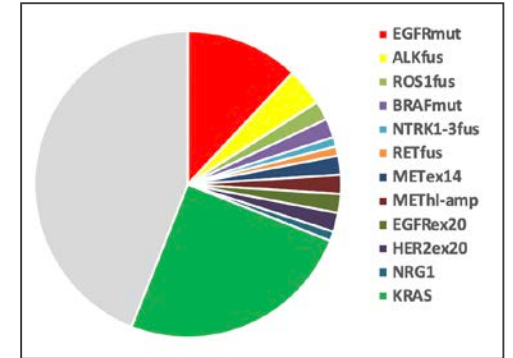
Anna Kron¹, Matthias Scheffler¹,
Anna-Kristina Eisele¹,
Rieke Nila Fischer¹,
Jana Fassunke²,
Juliane Sueptitz¹,
Michael Hamm⁸,
Stefan Krueger¹²,
Wolfram Meister¹²,
Wolfgang Schulze¹

Felix C Saalfeld¹, Carina Wenzel², Petros Christopoulos³, Sabine Merkelbach-Bruse⁴,
Timm M Reissig¹,
Johannes Berger¹,
Albrecht Stenzl¹,
Sylvia Herold²,
Gerlinde Schmitt¹,
Cornelius F Walther¹,
Martin Wermke¹

> J Thorac Oncol. 2022 Jan;17(1):76-88. doi: 10.1016/j.jtho.2021.08.764. Epub 2021 Sep 30.

Comprehensive Analysis of TP53 and KEAP1 Mutations and Their Impact on Survival in Localized- and Advanced-Stage NSCLC

Mohamed Mahde Saleh¹, Matthias Scheffler², Sabine Merkelbach-Bruse¹,
Andreas Hans Scheel¹, Bastian Ulmer¹, Jürgen Wolf², Reinhard Buettner³



TF 4: Klinische Studien

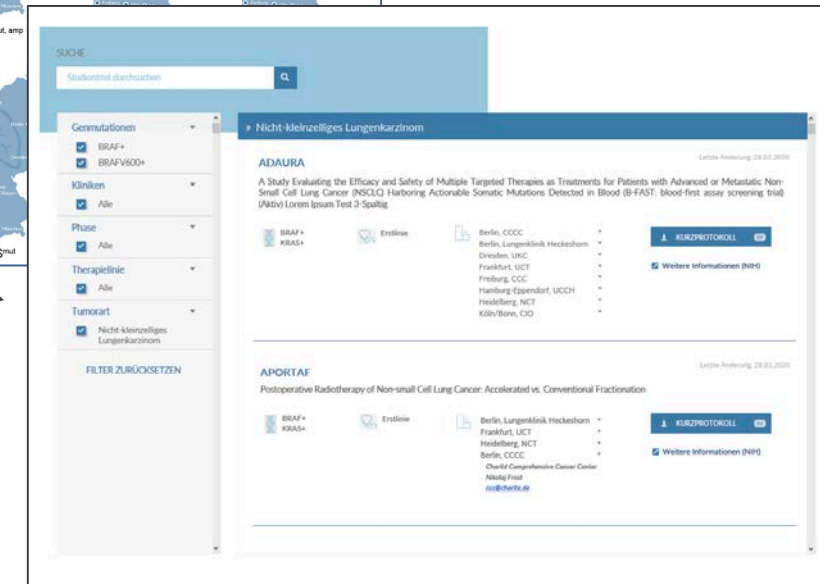
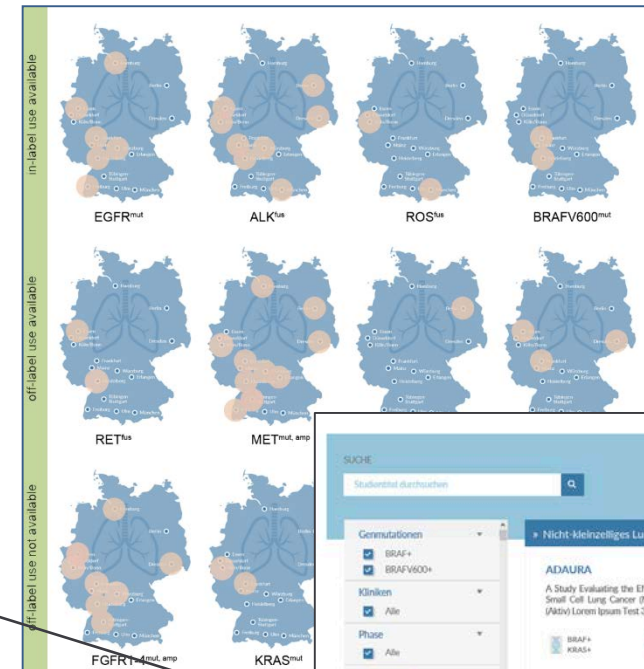
Sprecher: M. Sebastian (Frankfurt), M. Thomas (Heidelberg), J. Wolf (Köln)



nNGM

Nationales Netzwerk
Genomische Medizin
Lungenkrebs

- Harmonisierung des Studien-Portfolios
 - > Steigerung Rekrutierung
 - > Flächendeckung
- Zentrales Studienregister in Zusammenarbeit mit DKTK
 - > www.nngm.de (CCP-Office / TF 2)
- nNGM Phase II IITs initiiert in molekular definierten Subgruppen
- International kompetitive Rekrutierung in Zulassungs-relevanten molekularen Subgruppen



> Studien gewährleisten Zugang zu noch nicht zugelassenen Medikamenten und sind für diese Patienten ein essentieller Teil der Versorgung

Shaw....Wolf....**NEJM 2014**; Hyman...Wolf....**NEJM 2015**; Rizvi....Wolf....**Lancet Oncol 2015**; Kim...Wolf....**Lancet Oncol 2016**; Nogova.....Büttner, Wolf, **JCO 2017**; Soria.....Wolf.... **Lancet, 2017**; Jänne.....Wolf....**JAMA 2017**, Michels..... Wolf, **JTO 2019**; Tan.....Wolf....**Lancet Resp Med 2020**; DrilonWolf....**NEJM 2020**; Drilon.....Wolf....**Lancet Onc 2020**; Wolf.....,**NEJM 2020**; Skoulidis....Wolf....**NEJM 2021**.

nNGM Kooperationen





Unsere Ziele



Gesundheitskompetenz

"Der gut informierte Patient lebt länger." Das ist keine Phrase, sondern Realität. Wir setzen uns dafür ein, dass Patienten Wissen aufbauen können.



Umfassende Diagnostik

Wir fordern eine flächendeckende, umfassende molekulare Diagnostik bei jedem Patienten mit nicht-kleinzelligem Lungenkrebs.



Personalisierte Therapie

Wir wollen, dass sich Therapiesituation und Überlebenschancen von Lungenkrebspatienten in Deutschland verbessern.

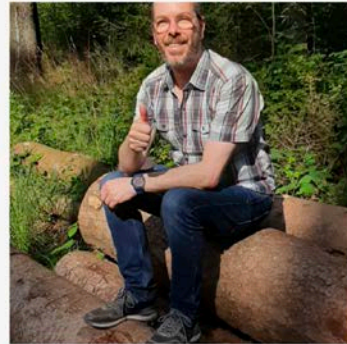


Patientenzentrierte Forschung

Wir brauchen neue Therapieansätze, ein besseres Nebenwirkungsmanagement und die Vernetzung von Ärzten, Patienten und Forschern.



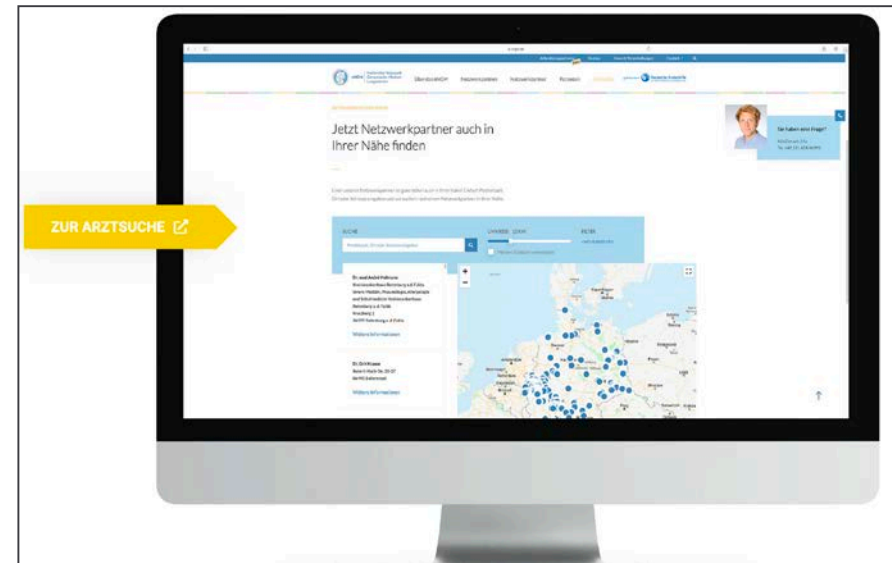
Reiner, Diagnose 2009, Testung auf Mutation 2014, Mutation ROS1, "Ich fahre gerne die weite Strecke zu meiner Klinik, da dort die Experten für meine seltene Lungenkrebsart sind."



Guido, Diagnose 02/2020, EGFR-Mutation, "In der Natur tanke ich Energie und kann gleichzeitig die Seele baumeln lassen – hier bin ich glücklich."



Bärbel, Diagnose 2008, ROS1-Mutation 2012 festgestellt, Spaziergang mit Hund 2020, "Ich habe eine chronische Erkrankung und lebe gut damit."



DigiNet: Steuerung personalisierter Lungenkrebstherapie durch digitale Vernetzung von Behandlungspartnern und Patienten

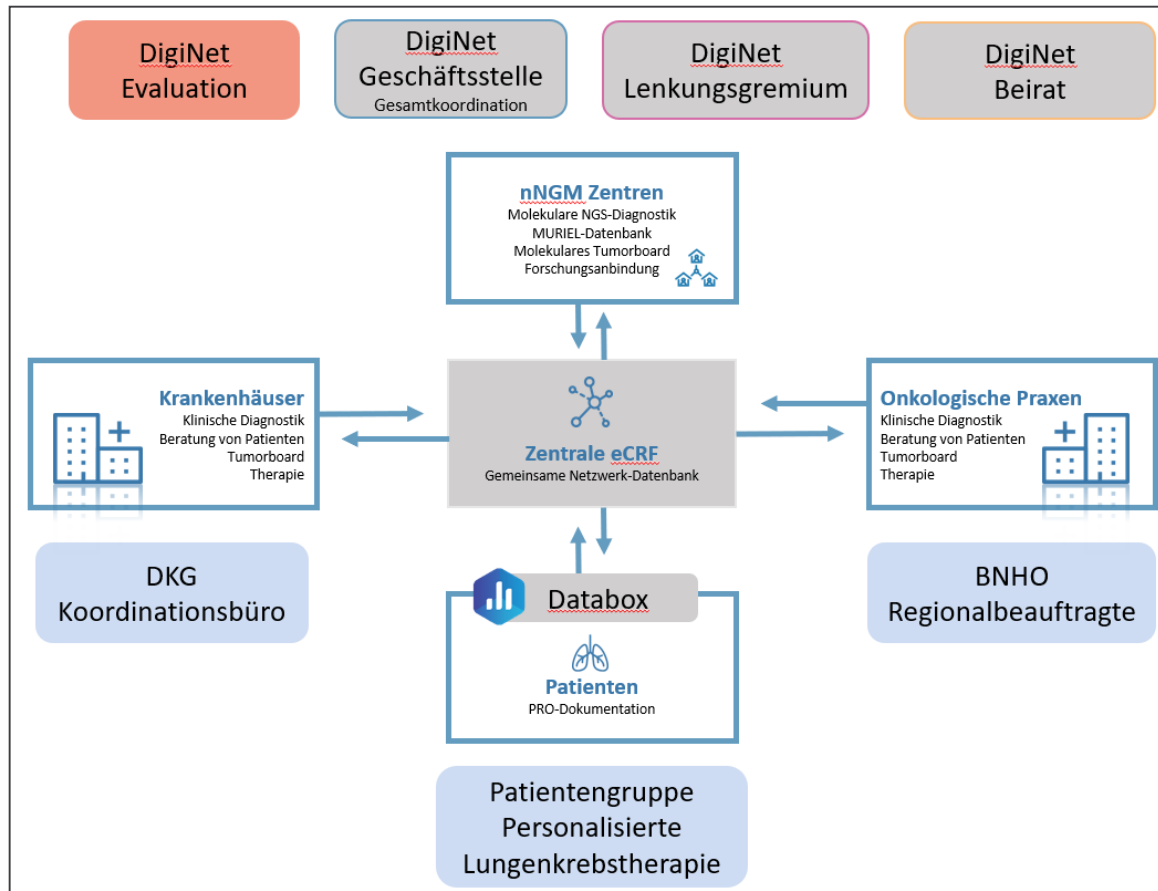
gefördert ab Herbst 2021 durch Innovationsfonds

Messung des Outcomes und Optimierung der Vernetzung (Prozessqualität)

DigiNet Kohorte:
2400 Patienten mit fortgeschrittenem NSCLC
LKR Kontrollkohorte: 7800 Patienten

➤ **Kontinuierliche Erfassung der “Patient Journey“ mittels digitaler Vernetzung**

Antragsteller:
nNGM Zentren, AOKs, BARMER, DKG, BNHO, Kliniken und Praxen, Patientenvertreter, Uni Greifwald, IGKE Köln, FOM Köln (Evaluation)



DigiNet: Steuerung personalisierter Lungenkrebstherapie durch digitale Vernetzung von Behandlungspartnern und Patienten

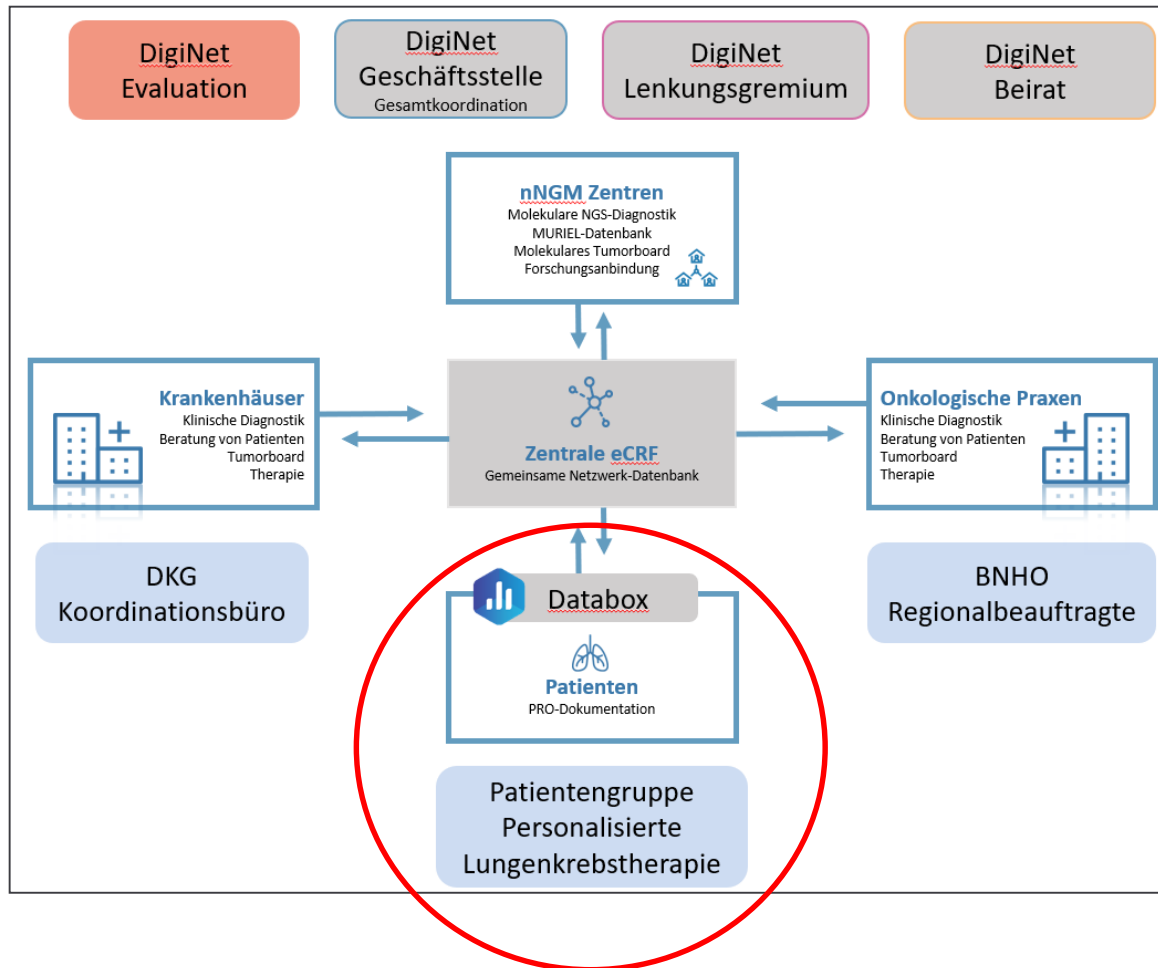
gefördert ab Herbst 2021 durch Innovationsfonds

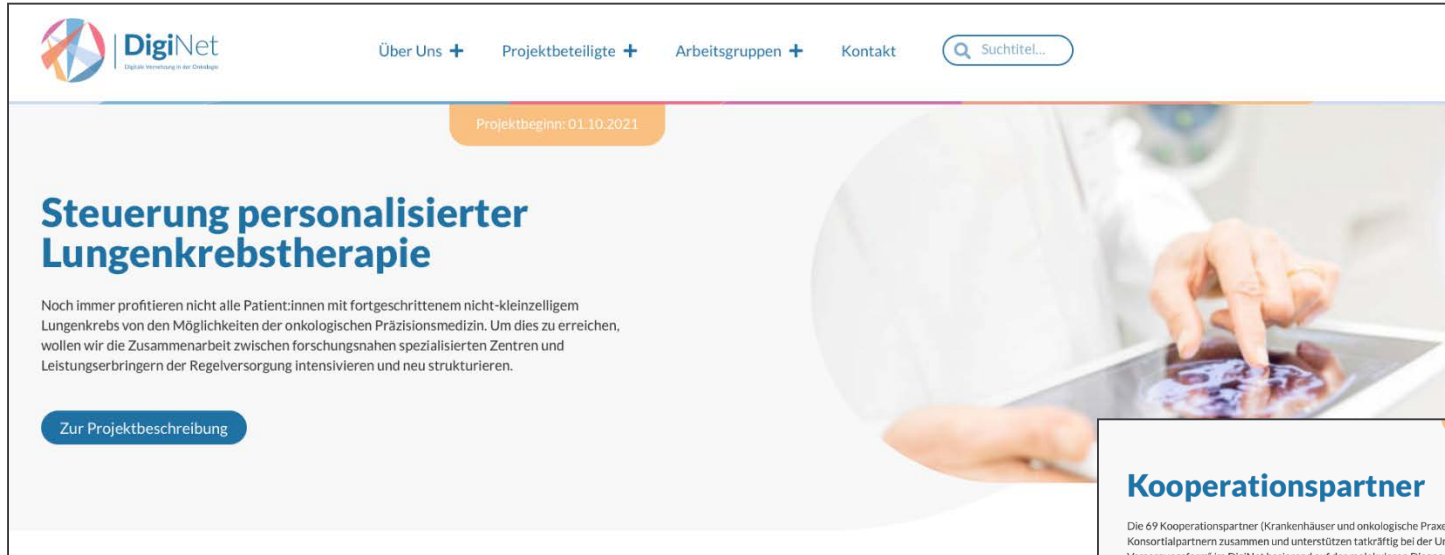
Messung des Outcomes und Optimierung der Vernetzung (Prozessqualität)

DigiNet Kohorte:
2400 Patienten mit fortgeschrittenem NSCLC
LKR Kontrollkohorte: 7800 Patienten

➤ **Kontinuierliche Erfassung der “Patient Journey“ mittels digitaler Vernetzung**

Antragsteller:
nNGM Zentren, AOKs, BARMER, DKG, BNHO, Kliniken und Praxen, Patientenvertreter, Uni Greifwald, IGKE Köln, FOM Köln (Evaluation)





DigiNet | [Über Uns +](#) | [Projektbeteiligte +](#) | [Arbeitsgruppen +](#) | [Kontakt](#) |

Projektbeginn: 01.10.2021

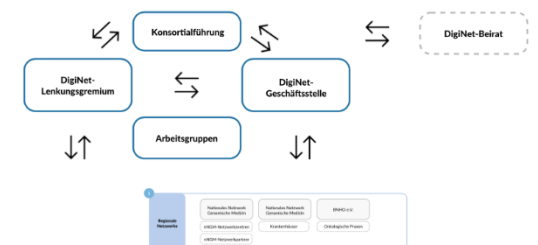
Steuerung personalisierter Lungenkrebstherapie

Noch immer profitieren nicht alle Patient:innen mit fortgeschrittenem nicht-kleinzelligem Lungenkrebs von den Möglichkeiten der onkologischen Präzisionsmedizin. Um dies zu erreichen, wollen wir die Zusammenarbeit zwischen forschungsnahen spezialisierten Zentren und Leistungserbringern der Regelversorgung intensivieren und neu strukturieren.

[Zur Projektbeschreibung](#)

Governance-Struktur

Folgende Akteure sind an der Umsetzung des DigiNet-Projekts beteiligt:



Konsortialführung
 DigiNet-Lenkungsgremium ↔ DigiNet-Geschäftsstelle
 Arbeitsgruppen

DigiNet-Beirat
 IT-Kooperationspartner
 Kooperationspartner

DigiNet...



vernetzt!

DigiNet nimmt die digitale Vernetzung von ausgewählten nNGM-Zentren mit Krankenhäusern, onkologischen Praxen und Patient:innen in Angriff.



strukturiert!

DigiNet ermöglicht eine neue Strukturierung der Zusammenarbeit zwischen nNGM-Zentren, Regelversorgung und Patient:innen.



evaluiert!

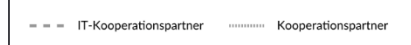
DigiNet ermöglicht die kontinuierliche Erfassung der Behandlungsverläufe und damit eine forschungsnaher Evidenz-generierende Versorgung.

Kooperationspartner

Die 69 Kooperationspartner (Krankenhäuser und onkologische Praxen) arbeiten eng mit den Konsortialpartnern zusammen und unterstützen tatkräftig bei der Umsetzung der „neuen Versorgungsform“ im DigiNet basierend auf der molekularen Diagnostik und der digitalen Vernetzung in der sektoren- und fachübergreifenden Behandlung.



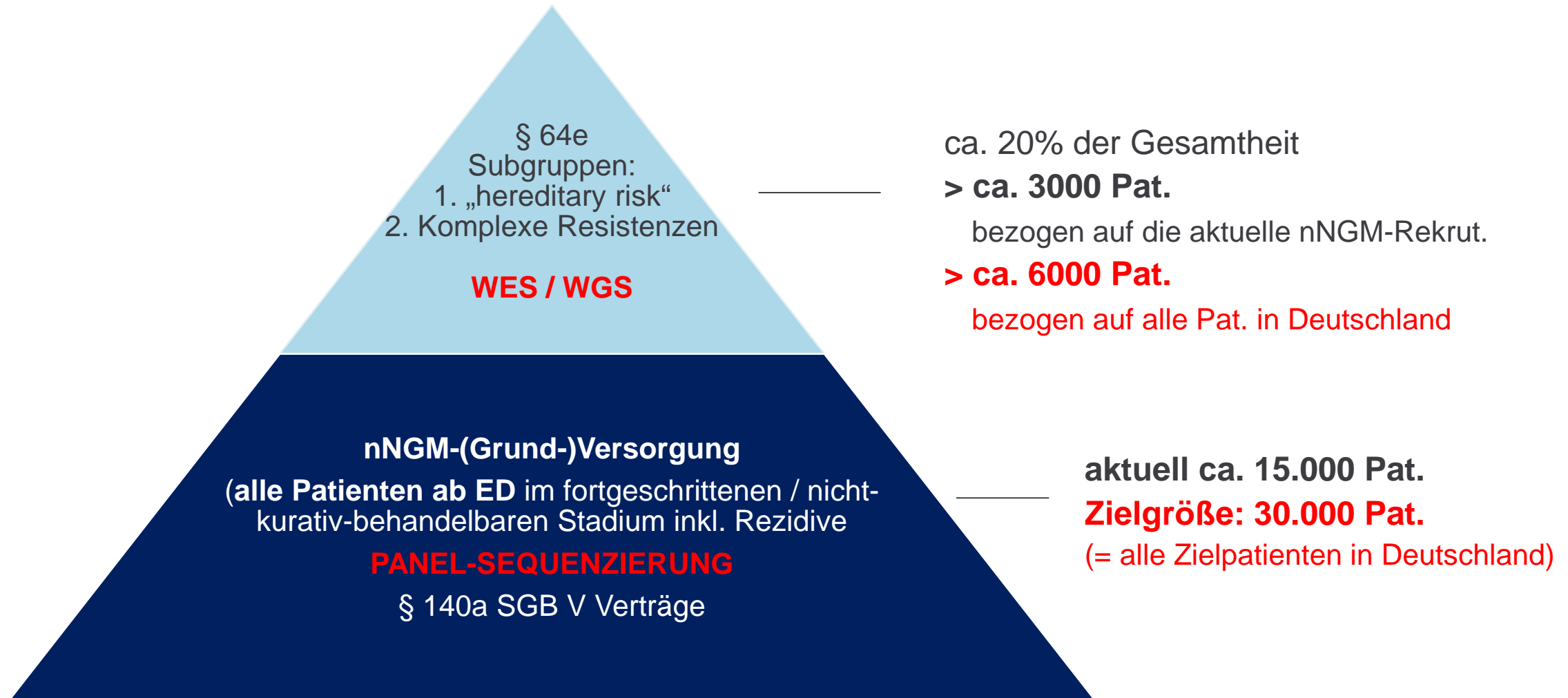
- Johanniter-Krankenhaus Bonn, 53113 Bonn
- St. Vincent Hospital Köln, 50733 Köln
- Klinikum Dortmund GmbH, 44145 Dortmund
- Krankenhaus Bethanien Solingen, 42699 Solingen
- Klinikum Leverkusen GmbH, 51375 Leverkusen
- St. Elisabeth Hospital Gütersloh GmbH, 33332 Gütersloh
- Evangelische Lungenklinik Berlin, 13125 Berlin
- DRK Klinik Berlin Mitte, 13359 Berlin



Vertretung nNGM in aktuellen nationalen Initiativen

- **genomDE:** Pilotprojekt des BMG zur Aufbau einer bundesweiten Plattform zur medizinischen Genomsequenzierung (Projektleitung: TMF)
> vertreten in Steuerungsgruppe und allen AGs
- **Modellvorhaben nach § 64e SGB V** zur umfassenden Diagnostik und Therapiefindung mittels Genomsequenzierung bei seltenen und bei onkologischen Erkrankungen
> vertreten in AG Medizin
- **Zentrum für Krebsregisterdaten des Robert Koch Instituts**
> vertreten im Beirat für die Zusammenführung von Krebsregisterdaten

nNGM im Modellvorhaben



nNGM im Modellvorhaben

nNGM – Expertise im genomDE:

> **Netzwerkbildung (*patient access*)**

> **Generierung von Evidenz
aus der Versorgung
(*follow-up, real world evidence*)**

ca. 20% der Gesamtheit

> **ca. 3000 Pat.**

bezogen auf die aktuelle nNGM-Rekrut.

> **ca. 6000 Pat.**

bezogen auf alle Pat. in Deutschland

in fortgeschrittenen / nicht-
kurativ-behandelbaren Stadium inkl. Rezidive

PANEL-SEQUENZIERUNG

§ 140a SGB V Verträge

aktuell ca. 15.000 Pat.

Zielgröße: 30.000 Pat.

(= alle Zielpatienten in Deutschland)

Zusammenfassung und Ausblick



nNGM

Nationales Netzwerk
Genomische Medizin
Lungenkrebs

- Das nNGM hat beispielhaft für Lungenkrebs gezeigt, wie *state of the art* genomische Medizin in einem Netzwerkmodell in die Breite der Versorgung getragen werden kann.
- Hierbei wurden Lösungen erarbeitet für den Innovationstransfer in der gesamten Onkologie:
 - > Harmonisierung und Qualitätssicherung von molekularen Befunden und klinischer Empfehlung
 - > Zentrale Datensammlung, Evaluation und Generierung von Real World Evidenz
 - > Erarbeitung von Finanzierungsmodellen
 - > Einbeziehung von Patienten
- Die nächsten Schritte im nNGM fokussieren auf:
 - > Erreichen der Mehrheit der Lungenkrebspatienten durch neue Zentren und neue Partner
 - > Integration mit vergleichbaren Initiativen in Deutschland
 - > Digitale Vernetzung der regionalen Netzwerkpartner und der Patienten zur kontinuierlichen Generierung von Evidenz aus einer forschungsnahen klinischen Versorgung

Danke !

- **allen Patienten und ihren Familien**



nNGM | National Network
Genomic Medicine
Lung Cancer



zielgenau



Deutsche Krebshilfe
HELFFEN. FORSCHEN. INFORMIEREN.

- nNGM-Zentren
- Task Force - Sprecher
- Zentrumsmanager
- nNGM-Geschäftsstelle



Bundesministerium
für Bildung
und Forschung



Bundesministerium
für Gesundheit

Ministerium für
Kultur und Wissenschaft
des Landes Nordrhein-Westfalen



- **allen regionalen Netzwerkpartnern**



BARMER



... und viele weitere Krankenkassen



DKTK
Deutsches Konsortium für
Translationale Krebsforschung

dkfz.

GERMAN
CANCER RESEARCH CENTER
IN THE HELMHOLTZ ASSOCIATION

