

Vom MTB-Tool zur vernetzten Plattform

Nächste Schritte

Wir entwickeln MTB-cBioPortal weiter, damit Fälle einfacher vorbereitet, im MTB gezielter diskutiert und klinische Entscheidungen besser unterstützt werden können:

- Ähnliche MTB-Fälle identifizieren und visualisieren
- Studien über QuickQueck finden
- Studien strukturiert mit Patientendaten matchen

National anschlussfähig

Die Nachfrage aus universitätsmedizinischen Standorten schafft die Grundlage für eine nachhaltige Nutzung über **PM4Onco** hinaus.



International vernetzen

Auch international entstehen konkrete Anschlussstellen: In den Niederlanden betreibt **Health-RI** bereits ein cBioPortal, und der **Dutch National Cancer Data Node** adressiert dessen Weiterentwicklung als Brücke zwischen klinischer Nutzung und Sekundärnutzung von Krebsdaten. Europäische Initiativen wie **CANDLE** und **EOSC4Cancer** unterstreichen den Bedarf an interoperablen, föderierten Krebsdateninfrastrukturen. Deshalb ist unser Ziel der Aufbau einer nachhaltigen internationalen Community rund um **MTB-cBioPortal**.

Weitere Informationen

Live-Demo

MTB-cBioPortal anhand eines exemplarischen MTB-Falls erleben.

[\(LINK\)](#)



Imagefilm

Ein Video über Eindrücke und Features von MTB-cBioPortal.

[\(LINK\)](#)



PM4Onco

Erfahren Sie mehr über das Verbundprojekt PM4Onco.

[\(LINK\)](#)



Kontakt

Dr. Philipp Unberath
Friedrich-Alexander-Universität
Erlangen-Nürnberg
E-Mail: philipp.unberath@fau.de

Projektleitung PM4Onco

Prof. Dr. Dr. Melanie Börries
Institut für Medizinische Bioinformatik und
Systemmedizin, Universitätsklinikum Freiburg

Prof. Dr. Oliver Kohlbacher
Institut für Translationale Bioinformatik,
Universitätsklinikum Tübingen

Prof. Dr. Benedikt Brors
Deutsches Krebsforschungszentrum (DKFZ),
Angewandte Bioinformatik (B330)

Bildquellen

Vecteezy.com (modifiziert), eigene Darstellung
Magnific.com (modifiziert), eigene Darstellung



Für MTB-Teams & Standorte mit Interesse an cBioPortal

Molekulare Tumorboards digital unterstützen.

Vom Einzelfall zur Kohorte —
strukturiert, nachvollziehbar,
forschungsnah.

Was ist MTB-cBioPortal?

cBioPortal ist eine **Open-Source-Webanwendung** des *Memorial Sloan Kettering Cancer Center* zur verständlichen Visualisierung **molekularer** und **klinischer** Krebsdaten. Im Projekt **PM4Onco** entwickeln wir cBioPortal gezielt für Molekulare Tumorboards weiter: molekulare Profile, klinische Informationen und MTB-Prozesse werden in einer lokal installierbaren Oberfläche gebündelt.

Der MTB-Workflow in einer Plattform

- 1 Authentifizierung**
Sichere Anmeldung und rollenbasierter Zugriff für klinische Teams.
- 2 Fallansicht**
Patientinnen und Patienten gezielt für das Tumorboard vorbereiten.
- 3 Präsentieren**
Varianten, Timeline und klinische Daten im MTB zeigen.
- 4 Dokumentieren**
Therapieempfehlungen und Follow-up direkt erfassen.
- 5 Integration ins KIS**
Ergebnisse für klinische Systeme bereitstellen und ausleiten.
- 6 Retrospektive Analyse**
MTB-Kohorte für wissenschaftliche Fragestellungen auswerten.

Ziel: weniger Medienbrüche, mehr Transparenz, bessere Wiederverwendbarkeit klinischer und molekularer Informationen.

Darstellung eines MTB-Falls



"MTB-cBioPortal stellt komplexe genomische Daten von Krebspatientinnen und Patienten einfach und schnell zur Verfügung und ermöglicht mir eine effektivere Recherche für den jeweiligen MTB-Fall."

Dr. med. Jan Vorwerk (UKSH Campus Lübeck)

Kernfunktionen im Überblick

Fallübersicht

Alle relevanten klinischen und molekularen Informationen auf einen Blick.

Summary-Tab

Strukturierte Darstellung zentraler Falldaten, Befunde und molekularer Alterationen.

MTB-Dokumentation

Tabs für Therapieempfehlungen, Follow-up, Studiensusuche und weitere MTB-relevante Funktionen.

Therapieverlauf

Interaktiver Zeitstrahl zur Darstellung bisheriger Diagnosen, Therapien und Krankheitsverläufe.

Genomische Alterationen

Priorisierte Darstellung relevanter Varianten mit Annotationen aus Wissensdatenbanken wie *ClinVar*, *Cancer Hotspots* und *OncoKB*.

CNAs und Fusionen

Copy-Number-Alterationen und Genfusionen in interaktiven, filterbaren Tabellen.

PROMs

Visualisierung der erfassten *Patient-Reported Outcome Measures* in klaren, interpretierbaren Grafiken.

Analyse der eigenen MTB-Kohorte:

MTB-cBioPortal erweitert cBioPortal gezielt für Molekulare Tumorboards ohne die etablierten Analysefunktionen zu ersetzen. Kohortenübersicht, Gruppenvergleich, *Query by Gene*, *OncoPrints* und weitere Standardfunktionen stehen weiterhin zur Verfügung. So entsteht aus dokumentierten MTB-Fällen eine wachsende Datenbasis für Kohortenanalysen, Forschung und Evidenzgenerierung.