

Deutsche Version (siehe Unten)
Version française (ci-dessous)

Lay Summary

Project title	SVIP-O: Swiss Variant Interpretation Platform for Oncology
Main applicant	Dr. Daniel Stekhoven, NEXUS Personalized Health Technologies, ETH Zurich
Consortium	ETHZ, HES-SO, SIB Swiss Institute of Bioinformatics
Short Summary	SVIP-O aims to set up a single place for genetic mutations in cancer identified from Swiss hospitals patients. This curated database will enable clinicians to base their diagnoses on the same harmonized high-quality information, also made available to researchers.
Background	<p>Over the last two years a national working group of scientists and clinicians has discussed together to improve and harmonize the use of new sequencing technologies for cancer diagnostics in Swiss hospitals. The use of these technologies has led to an increasing importance of complex scientific methods in the clinical field. A major conclusion of the working group was the lack of a reliable central database with genetic mutations in cancer patients. This lack is leading to differences in diagnoses between hospitals and is adding a lot of unnecessary manual workload for the hospitals staff.</p> <p>Since mutations occur randomly, some combinations can be very rare. Therefore, researchers need huge numbers of data points to understand how the disease works and how we can fight it. Also, these data points need to be of high quality and clinical relevance, to avoid missing out on important details.</p>
Goal	The goal of SVIP-O is to harmonize and facilitate diagnostics in cancer across Swiss hospitals. This goal will be reached by submitting all mutations from hospitals in one place, agreeing on a joint way of assigning importance and clinical relevance to these mutations, and having an easy-to-use tool for the clinicians to access the information. Researchers will profit from controlled access to anonymized data for their projects.
Significance	Harmonizing cancer diagnostics is of utmost importance to healthcare in Switzerland – and elsewhere. It will make the decision based on genetic information from the tumor clear and independent of the choice of hospital. Several consortia abroad have started similar projects and we intend to collaborate with these efforts. The access of researchers to such high-quality data will enable good research and position Switzerland as part of the solution to fight cancer globally.

Deutsch

Projekttitle	SVIP-O: Swiss Variant Interpretation Platform für Onkologie
Hauptgesuchssteller	Dr. Daniel Stekhoven, NEXUS Personalized Health Technologies, ETH Zurich
Consortium	ETHZ, HES-SO, SIB Swiss Institute of Bioinformatics
Kurzzusammenfassung	Das Ziel von SVIP-O ist die Etablierung einer zentralen Datenbank zur Ablage von genetischen Mutationen in Krebs, welche an Schweizer Spitälern identifiziert werden. Nicht nur wird dies dazu beitragen, dass Kliniker ihre Diagnosen mit qualitative hochwertigen und harmonisierten Daten treffen können, sondern auch Forschern Zugriff auf diese Informationen ermöglichen.
Hintergrund	Eine nationale Arbeitsgruppe von Wissenschaftlern und Klinikern hat in den letzten zwei Jahren die Verbesserung und Harmonisierung von Krebsdiagnostik mittels neuen Sequenziertechnologien diskutiert. Durch den Einzug dieser neuen Technologien ist die Bedeutung von komplexen wissenschaftlichen Methoden im klinischen Umfeld gestiegen. Eine der wichtigsten Erkenntnisse der Arbeitsgruppe war das Fehlen einer zuverlässigen, zentralen Datenbank der Krebsmutationen in Schweizer Patienten. Dies führt zu Unterschieden in Diagnosen und unnötigem Aufwand für Spitalpersonal. Gewisse Kombinationen von Krebsmutation können sehr selten sein, da die Mutationen zufällig auftreten. Deswegen benötigen Forscher sehr grosse Datenmengen, um die Krankheit zu verstehen und zu bekämpfen. Neben der Anzahl ist auch die Qualität und klinische Relevanz der Daten wichtig, um zu vermeiden, dass wichtige Details verpasst werden.
Das Ziel	Das Ziel von SVIP-O ist die Harmonisierung und Vereinfachung von Krebsdiagnostik zwischen den Schweizer Spitälern. Dieses Ziel wird erreicht, wenn alle Mutationen aus Spitälern in einem Ort erfasst werden, eine gemeinsame Einigung über die Beurteilung klinischer Relevanz von Mutationen getroffen wird und ein einfach zu benutzendes Programm für Kliniker entwickelt wird, dass diese Zugriff auf die Informationen haben. Die Krebsforschung wird dann durch kontrollierten Zugang zu anonymisierten Daten profitieren.
Bedeutung	Die Harmonisierung der Krebsdiagnostik ist von höchster Bedeutung für die Gesundheitsversorgung in der Schweiz – und anderswo. Die Diagnoseentscheidung mittels genetischer Informationen wird somit eindeutig und nicht abhängig von der Wahl des Spitals. Verschiedene Konsortien weltweit haben ähnliche Projekte gestartet und wird beabsichtigen, mit diesen zusammenzuarbeiten. Der Forschungsstandort Schweiz wird durch den Zugang zu solch hochqualitativen Daten gestärkt und kann seine Rolle im Kampf gegen Krebs weiter festigen.

Français

Titre du projet	SVIP-O: Swiss Variant Interpretation Platform pour l'oncologie
Requérant principal	Dr. Daniel Stekhoven, NEXUS Personalized Health Technologies, ETH Zurich
Consortium	ETHZ, HES-SO, SIB Swiss Institute of Bioinformatics
Résumé	SVIP-O vise à implémenter une infrastructure unique pour les mutations génétiques des patients des hôpitaux suisses. Cette base de données contrôlée permettra aux cliniciens de baser leur diagnostic sur une information harmonisée de haute qualité, également disponible pour la recherche.
Contexte	<p>Ces deux dernières années, un groupe de travail national de scientifiques et cliniciens a collaboré pour améliorer et harmoniser l'utilisation du séquençage génétique pour le diagnostic du cancer dans les hôpitaux suisses. Ces technologies ont accru l'importance de méthodes scientifiques complexes dans le domaine clinique. Une conclusion majeure de ce groupe est le manque d'une base centrale fiable pour les mutations génétiques des patients du cancer. Ce manque conduit à des différences de diagnostic entre les hôpitaux et une charge de travail manuel évitable pour le personnel hospitalier.</p> <p>Ces mutations étant aléatoires, certaines combinaisons sont extrêmement rares, et de larges volumes de données sont donc nécessaires aux chercheurs pour comprendre l'étiologie de la maladie et comment la traiter. Ces données doivent en outre être de grande qualité et pertinence clinique, afin de ne pas louper des détails d'importance.</p>
Objectif	<p>L'objectif de SVIP-O est d'harmoniser et faciliter le diagnostic du cancer entre les hôpitaux suisses. Ce but sera atteint en centralisant les mutations observées dans les hôpitaux dans un système unique, utilisant une évaluation commune de la criticalité et la pertinence clinique de ces mutations, et offrant une interface conviviale aux cliniciens.</p> <p>Les chercheurs bénéficieront en outre d'un accès contrôlé à ces données anonymisées pour leurs projets.</p>
Importance	L'harmonisation du diagnostic du cancer est fondamentale pour le système de santé en Suisse – et ailleurs. Elle garantira la clarté des décisions basées sur l'information génétique des tumeurs, indépendamment du choix de l'hôpital. Plusieurs consortiums internationaux ont développé des projets similaires, et nous prévoyons de collaborer avec ces efforts. L'accessibilité de ces données de grande qualité aux chercheurs contribuera à la qualité de la recherche et positionnera la Suisse dans la lutte globale contre le cancer.