

Teil I: Kurzbericht

Titel: „Gbi4S: Genomische Sequenzauslesung - auf dem Weg zur molekularen Diagnostik (SeqQuery)“

Ausgangslage und Zielsetzung

Die globale Ausbreitung antimikrobieller Resistenzen zählt zu den größten gesundheitspolitischen Herausforderungen der heutigen Zeit. Trotz des klinischen Bedarfs hat sich die mikrobiologische Diagnostik in den letzten Jahrzehnten kaum verändert, sodass eine frühzeitige Diagnose für eine gezielte Behandlung und Infektionskontrolle weiterhin fehlt.

SeqQuery plant die Entwicklung eines neuen Diagnoseinstruments auf Basis der Genomsequenzierung, um genetische Unterschiede zwischen Antibiotika-empfindlichen und resistenten Erregern zuverlässig und automatisch zu erkennen. Ziel ist es, bestehende medizinische Diagnosesysteme in ihrer Vorhersagekraft und Schnelligkeit zu übertreffen. Dazu wird eine umfassende bakterielle Genomdatenbank etabliert, die als Referenz für die Identifizierung relevanter Sequenzvariationen dienen sollte. Dies sollte ermöglichen, Aussagen zu Antibiotikaresistenzen und Pathogenitätspotentialen von Erregern zu treffen und eine auf den einzelnen Patienten zugeschnittene Gesundheitsversorgung zu unterstützen.

Um zu evaluieren, ob eine solche Software als erfolgreiches Produkt auf dem Markt bestehen kann, sollte in der hier geförderten GoBio Sondierungsphase ein funktionsfähiger Prototyp entwickelt und mit Nutzern unterschiedlicher Hintergründe getestet werden, um den tatsächlichen Bedarf und Nutzen zu erfassen. Parallel dazu sollten mögliche Markthürden sowie regulatorische und rechtliche Herausforderungen identifiziert werden. Dazu zählen insbesondere eine Freedom-to-Operate-Analyse (FtO), eine Marktanalyse sowie eine sorgfältige Prüfung der verwendeten Softwarekomponenten.

Ablauf des Vorhabens

Im Rahmen der Sondierungsphase wurden eine Freedom-to-Operate (FtO)-Analyse sowie eine Marktanalyse durchgeführt (beauftragte Studie, Ascenion GmbH). Parallel dazu erfolgte eine technische Prüfung der eingesetzten Softwarekomponenten auf ihre Nutzbarkeit innerhalb der geplanten kommerziellen Softwarelösung.

Ein erster Softwareprototyp wurde entwickelt, der auf Open-Source-Lösungen basiert und eine erste Version der WGS-Datenanalyse und -interpretation bietet. Die Software ermöglicht das Hochladen und die automatisierte Prozessierung von Rohdaten aus bakteriellen DNA-Sequenzierungen. Nutzer können Dateien für die Prozessierung auswählen und erhalten erste Ergebnisse, wie die Detektion von Bakterienspezies, in Echtzeit. Nach Abschluss der Analyse können die Ergebnisdateien heruntergeladen werden.

Die technische Entwicklung des Prototyps erfolgte in mehreren Schritten:

- Entwurf und Systemanalyse: Definition der Anforderungen, darunter Benutzerführung, Verknüpfung mit existierenden bioinformatischen Pipelines und Datenschutz.
- Entwicklung der Web-Anwendung: Implementierung einer nutzerfreundlichen Webapplikation zur DNA-Sequenzanalyse.
- Integration bioinformatischer Tools: Nutzung und Optimierung bestehender Open-Source-Software zur Sequenzanalyse.

- Datenmanagement und Sicherheit: Sicherstellung der Anonymisierung sensibler Patientendaten und Einhaltung strikter Datenschutzrichtlinien.

Die Funktionalität des Prototyps wurde durch einen ausgewählten Kreis von Testnutzern evaluiert. Die Rückmeldungen fielen durchweg positiv aus: Alle Tester empfanden die Software als nützlich und würden sie in ihrem Arbeitsalltag einsetzen. Zudem wurden wertvolle Hinweise zu notwendigen Anpassungen gesammelt, von denen einige bereits in der Implementierung sind.

Zusammenarbeit mit anderen Forschungseinrichtungen

Im Rahmen der Sondierungsphase wurden gesammelte Bakterienstämme, die an der Medizinischen Hochschule Hannover (MHH) und dem Rigshospitalet in Kopenhagen untersucht wurden, in die Entwicklung einbezogen. Die sequenzierten Genome dieser Stämme dienten als Test- und Entwicklungsgrundlage für SeqQuery. Zusätzlich wurden für die bioinformatische Analyse Teile der Rechenkapazitäten des Helmholtz-Zentrums für Infektionsforschung (HZI) genutzt.

Wesentliche Ergebnisse und Fazit

Die Sondierungsphase zeigte, dass SeqQuery technologisch und marktseitig vielversprechend ist. Die erfolgreiche Entwicklung eines funktionalen Prototyps sowie die positive Resonanz aus ersten Nutzertests unterstreichen den Bedarf an automatisierten Lösungen für die genomische Analyse bakterieller Erreger.

Erreichte Meilensteine:

- Entwicklung einer funktionsfähigen Web-basierten Analyseplattform mit einer intuitiven Benutzeroberfläche.
- Automatisierte DNA-Analyse-Pipeline, die mit unterschiedlichen Sequenzierungstechnologien kompatibel ist.
- Durchführung einer Patent-Landscape-Analyse, um rechtliche Hürden und mögliche Schutzstrategien zu identifizieren.
- Identifikation von Marktchancen und Zielgruppen durch eine umfassende Marktanalyse.

Obwohl eine weitere Machbarkeitsphase nicht stattfinden wird, hat das Projekt wesentliche Erkenntnisse geliefert. Neben der Entwicklung einer nutzerfreundlichen Analyseplattform wurden zentrale technische und marktwirtschaftliche Fragen geklärt.

Durch die interdisziplinäre Zusammenarbeit von Biologie, Medizin und Informatik leistete das SeqQuery-Projekt einen wichtigen Beitrag zur Weiterentwicklung der molekularen Diagnostik und zur Bekämpfung antibiotikaresistenter Erreger. Die erarbeiteten Konzepte und Erkenntnisse bieten eine wertvolle Grundlage für zukünftige Forschungsvorhaben und mögliche alternative Verwertungsstrategien.

Titel: „Gbi4S: Genomische Sequenzauslesung - auf dem Weg zur molekularen Diagnostik (SeqQuery)“

Teil II: Detaillierte Darstellung der durchgeführten Arbeiten

Wie in Teil I beschrieben, wurde in der Sondierungsphase des SeqQuery-Projekts untersucht, ob das geplante Softwareprodukt einen klaren Nutzen für potenzielle Nutzer bietet und ob ein entsprechender Bedarf besteht. Im Mittelpunkt stand dabei die Entwicklung eines ersten funktionalen Softwareprototyps, der die Analyse von Whole-Genome-Sequencing (WGS)-Daten erleichtert. Ergänzend dazu wurden mögliche Umsetzungshürden in Bezug auf Marktanforderungen, rechtliche Rahmenbedingungen sowie bestehende Konkurrenzprodukte analysiert. Gleichzeitig erfolgte eine systematische Betrachtung der Marktchancen, regulatorischen Rahmenbedingungen und wirtschaftlichen Verwertungsmöglichkeiten.

Die folgenden Abschnitte beschreiben die durchgeführten Arbeiten im Detail, vergleichen sie mit der ursprünglichen Vorhabenbeschreibung und analysieren die erzielten Ergebnisse. Dabei werden sowohl die technischen Fortschritte als auch die wirtschaftlichen und regulatorischen Erkenntnisse betrachtet, um eine umfassende Bewertung des Projekts vorzunehmen.

Meilenstein 1: Entwicklung eines funktionalen Softwareprototyps

Der erste Meilenstein hatte zum Ziel, einen funktionalen Softwareprototyp zu entwickeln, der eine technische Machbarkeitsstudie für die geplante Anwendung darstellt. Zu Beginn der Projektphase wurde daher fristgerecht ein umfassender technischer und konzeptioneller Entwurf erstellt. Darauf aufbauend erfolgte eine detaillierte Projektplanung, die sämtliche erforderlichen Arbeitsschritte, Zuständigkeiten sowie realistische Zeitabschätzungen enthielt. Zur visuellen Konzeption und Gestaltung der Benutzeroberfläche wurde das Design-Tool Figma eingesetzt. Dies erlaubte eine klare Kommunikation der Benutzerführung sowie zentraler Funktionen und ermöglichte eine frühzeitige Abstimmung innerhalb des Teams.

Parallel zur Konzeptphase wurde eine technische Infrastruktur geschaffen, die als Grundlage für die spätere Softwareentwicklung dienen sollte. Diese umfasste insbesondere eine Cloud-Infrastruktur auf Basis von Kubernetes sowie die Einrichtung eines Cloud-Servers inklusive eines S3-Storage-Systems für Datenmanagement und -speicherung. Diese Serverarchitektur bildete die Voraussetzung, um eine zukünftige vollständige Integration der bioinformatischen DNA-Analysepipelines zu ermöglichen. Zum Zeitpunkt der ersten Entwicklungsarbeiten wurde die bioinformatische Pipeline (basierend auf Snakemake) noch in einer lokalen Serverumgebung betrieben. Um eine Integration der Pipeline in die Cloud-Umgebung zu erreichen, wurde das Message-Queuing-System RabbitMQ eingesetzt, das eine zuverlässige Vergabe und Steuerung von Online-Datenverarbeitungsjobs ermöglichte. Die Projektleitung koordinierte diese Arbeiten maßgeblich, übernahm die Konzeption und Anpassung der bioinformatischen Pipeline und führte regelmäßige Abstimmungen mit der Ascenion GmbH durch, um die Vorbereitung der Freedom-to-Operate-Analyse (FtO) sicherzustellen und mögliche rechtliche Aspekte der kommerziellen Nutzung frühzeitig zu klären.

Die Softwareentwicklung des Prototyps erfolgte iterativ nach einem agilen Vorgehen, um schnell und flexibel auf auftretende technische Herausforderungen oder geänderte Nutzeranforderungen reagieren zu können. Jeder Entwicklungszyklus beinhaltete dabei die Implementierung neuer Funktionen, intensive interne Tests und die unmittelbare Anpassung der Software auf Basis der Testergebnisse.

Technologisch basierte der Softwareprototyp auf modernen Webtechnologien. Für das Frontend kam das Vue.js-Framework in Kombination mit Quasar, Typescript, HTML5 und CSS3 zum Einsatz. Im Backend wurden sowohl die API-Schnittstelle als auch zentrale Systemprozesse mit der Programmiersprache GO realisiert, während die bioinformatische Verarbeitung der Daten mithilfe von Python-Skripten erfolgte. Für das Datenmanagement und den Datenfluss zwischen Frontend und Backend wurde die bereits erwähnte Cloud-basierte Infrastruktur genutzt, insbesondere der S3-Storage zur Datenspeicherung und -bereitstellung.

Ein besonderer Schwerpunkt wurde auf eine intuitive Benutzeroberfläche gelegt, wofür mehrere zentrale UI-Komponenten realisiert wurden. Dazu gehörten:

- ein Grundskelett der Benutzeroberfläche zur übersichtlichen Strukturierung der Anwendung,
- eine Upload-Funktion für DNA-Sequenzdateien,
- ein Job-Viewer und -Manager für das Management und Monitoring laufender Analysen,
- ein File-Downloader zum Zugriff auf Ergebnisdateien,
- ein Live Status Viewer zur Echtzeitüberwachung laufender Prozesse sowie
- ein Result Viewer zur interaktiven und benutzerfreundlichen Visualisierung der Analyseergebnisse.

Für die interaktive Darstellung der Ergebnisse wurde nach Evaluation verschiedener Technologien die Bibliothek Apexcharts gewählt, welche zusammen mit dem Quasar Framework eine flexible und visuell ansprechende Darstellung der komplexen Analysedaten ermöglichte. Die Realisierung dieser Visualisierung stellte eine besondere Herausforderung dar, da sie hohen Anforderungen an Benutzerfreundlichkeit und interaktive Nutzung gerecht werden musste.

Die ursprüngliche Zeitplanung von vier Monaten bis zur Fertigstellung eines Minimum Viable Products (MVP) verzögerte sich geringfügig um drei Wochen. Grund hierfür war, dass die Integration der zuvor lokal betriebenen Snakemake-Pipeline in die Webapplikation aufwendiger war als ursprünglich angenommen. Zur Lösung dieses Problems mussten umfangreiche Anpassungen an der Pipeline vorgenommen und spezielle Python-Wrapper programmiert werden, die eine Echtzeitaktualisierung der Ergebnisse ermöglichten.

Die finanzielle Förderung für diesen Meilenstein wurde überwiegend für Personalkosten eingesetzt. Konkret wurde ein Softwareentwickler zu 100 % und die Projektleitung zu 25 % finanziert. Externe Dienstleistungen waren zu diesem Zeitpunkt noch nicht notwendig, da sämtliche Infrastrukturarbeiten intern realisiert wurden.

Die geleisteten Arbeiten erwiesen sich als unbedingt notwendig und angemessen, um eine stabile, zukunftsfähige technische Basis für die weiteren Entwicklungsphasen zu schaffen. Die iterative Entwicklungsmethodik ermöglichte zudem ein frühzeitiges Erkennen und effizientes Beheben von Fehlern, was die Gesamtqualität der Software deutlich verbesserte.

Ein zusätzlicher wichtiger Teil der Arbeiten in diesem Meilenstein war die umfassende Recherche und Analyse bestehender wissenschaftlicher und kommerzieller Lösungen im Bereich der Pangenomanalyse und Resistenzvorhersage. Die meisten vorhandenen Softwarelösungen setzen bioinformatische Kenntnisse voraus und basieren auf Kommandozeilenanwendungen. Andere kommerzielle Lösungen sind oft für spezifische Anwendungen konzipiert und nicht flexibel erweiterbar. Im Gegensatz dazu bietet SeqQuery

eine dynamische Lösung, die eine kontinuierliche Integration neuer Genomdaten in eine referenzierbare Pangenomdatenbank erlaubt, wodurch die Vorhersagegenauigkeit stetig verbessert werden kann.

Meilenstein 2: Evaluation und Erweiterung

Der zweite Meilenstein konzentrierte sich auf die Evaluation des entwickelten Softwareprototyps durch eine systematische Nutzerbefragung sowie auf eine gezielte Weiterentwicklung der Software basierend auf den Testergebnissen. Die Nutzerbefragung wurde federführend vom Programmierer durchgeführt, wobei der Fragebogen nach einem standardisierten Verfahren entwickelt wurde (genaue Standards noch zu spezifizieren). Die Umfrage wurde als qualitativer Test konzipiert und umfasste drei Teile: eine Entry-Survey zur Erfassung des Nutzungskontextes und der bisherigen Erfahrungen der Testpersonen, einen praktischen Testlauf, bei dem die Nutzer eigenständig Rohdaten hochladen und verarbeiten mussten, sowie eine abschließende Final-Survey zur Erhebung der Eindrücke nach der Nutzung.

Die ausgewählten Testpersonen setzten sich aus Wissenschaftlern aus Laboren, Datenwissenschaftlern und Klinikern zusammen. Durch diese diverse Auswahl wurde sichergestellt, dass ein breites Spektrum der späteren Zielgruppe repräsentiert war.

Die Evaluation zeigte insbesondere folgende zentrale Ergebnisse:

- Nutzer bevorzugten intuitive und visuell klar strukturierte Ergebnisdarstellungen. Insbesondere klinische Anwender wünschten sich eine vereinfachte und schnelle Darstellung relevanter Ergebnisse.
- Es wurde deutlich, dass viele Nutzer aufgrund mangelnder Erfahrung mit Rohdatensätzen derzeit auf Unterstützung durch spezialisierte Bioinformatiker angewiesen sind. Die Nutzer äußerten explizit den Wunsch, selbstständig mit den Daten arbeiten zu können, was durch intuitive Benutzerführung und verständliche Visualisierungen ermöglicht werden könnte.
- Darüber hinaus wurde mehrfach der Wunsch nach zusätzlichen Analyse-Funktionen geäußert, die über die reine Rohdatenprozessierung und Annotation hinausgehen. Insbesondere die Möglichkeit, vertiefende Analysen oder Quervergleiche durchzuführen, wurde als wertvoll angesehen.

Parallel dazu erfolgte die intensive Vorbereitung und Durchführung einer Freedom-to-Operate-Analyse sowie eine umfassende Lizenzanalyse der verwendeten Softwarekomponenten durch die Ascenion GmbH. In enger Abstimmung mit Ascenion wurden die rechtlichen Rahmenbedingungen systematisch geprüft. Die Analyse bestätigte, dass keine relevanten Patenthürden existieren, welche die geplante Weiterentwicklung oder eine mögliche spätere Verwertung erschweren könnten. Jedoch wurde deutlich, dass die spezifischen Bedingungen der verwendeten Open-Source-Lizenzen sorgfältig zu beachten sind, um lizenzrechtliche Konflikte zu vermeiden.

Zusätzlich zur Lizenzanalyse wurde eine umfassende Marktanalyse durchgeführt. Diese Marktanalyse beinhaltete die Untersuchung des Wettbewerbsumfelds, eine Bewertung der Zielmärkte sowie die Erarbeitung denkbarer Verwertungsszenarien. Auf Basis der Analyse wurden konkrete Handlungsempfehlungen für die weitere Projektentwicklung formuliert. Diese Erkenntnisse dienten anschließend als Entscheidungsgrundlage für die weiteren strategischen Planungen und möglichen zukünftigen Finanzierungsoptionen.

Parallel zur Markt- und Lizenzanalyse erfolgte die kontinuierliche softwaretechnische Weiterentwicklung des Prototyps. Durch die agile Scrum-Methodik wurden Nutzerfeedback und Fehleranalysen aus den Tests direkt in die Softwareentwicklung integriert. Es wurden fortlaufend Anpassungen vorgenommen, die vor allem auf eine bessere Usability und Visualisierung der Ergebnisse zielten. Viele der von den Nutzern gewünschten Funktionen wurden bis zum Meilenstein 3 erfolgreich implementiert.

Darüber hinaus erfolgte die Formulierung neuer Aufgabenpakete, um weitere Entwicklungsschritte systematisch vorzubereiten und vorzustrukturieren.

Die finanzielle Förderung wurde für Personalkosten (Softwareentwickler zu 100 % sowie Projektleitung zu 25 %) und für externe Dienstleistungen (10.000 € für die Patent-Landscape-Analyse, Marktanalyse und Softwarelizenzen) aufgewendet. Alle eingesetzten Mittel wurden im Rahmen der ursprünglich geplanten Verwendung eingesetzt.

Der zweite Meilenstein wurde fristgerecht erreicht und alle gesetzten Ziele wurden erfüllt. Die Ergebnisse lieferten eine fundierte Grundlage für die finale Projektphase (Meilenstein 3).

Meilenstein 3: Abschlussarbeiten, Optimierungen und Weiterentwicklungsperspektiven

Im dritten und abschließenden Meilenstein des Projekts wurden die Softwarearbeiten basierend auf den Ergebnissen der Nutzerevaluation aus Meilenstein 2 fortgesetzt und finalisiert. Aufgrund der umfangreichen Anregungen und Verbesserungsvorschläge aus der vorangegangenen Testphase wurde entschieden, auf weitere Nutzerbefragungen in diesem Tertial zu verzichten, da bereits ausreichend Input vorlag, um die gesamte geplante Programmierzeit sinnvoll auszufüllen. Da bereits zu Beginn dieses dritten Meilensteins bekannt war, dass eine weitere Finanzierung zur Durchführung einer umfassenden Machbarkeitsphase nicht bewilligt werden würde, konzentrierten sich die abschließenden Arbeiten auf die Fertigstellung eines minimal nutzbaren Produkts (MVP). Dieses MVP ermöglicht nun eine Nutzung in kleinerem Rahmen zur Verarbeitung eigener Forschungsdaten sowie der Daten bestehender Kollaborationspartner. Darüber hinaus gewährleistet das MVP, dass die entwickelte Softwarelösung zukünftig auch ohne weitere direkt anschließende externe Förderung eingesetzt und schrittweise weiter ausgebaut werden kann.

Der Fokus lag auf der Optimierung der Ergebnisvisualisierung und der Funktion zum Hochladen großer Datensätze. Die Nutzer hatten deutlich gemacht, dass diese beiden Bereiche entscheidend für die zukünftige Praxistauglichkeit der Software sind. Hierzu wurden folgende Aufgaben iterativ bearbeitet:

- Stabilisierung und kontinuierliche Optimierung der Upload-Funktion, insbesondere hinsichtlich der Performance und Robustheit beim Umgang mit großen Dateien.
- Erweiterung und Verbesserung der visuellen Darstellung von Analyseergebnissen, wobei neue interaktive Visualisierungskomponenten entwickelt wurden, um den Nutzern eine intuitive Interpretation der komplexen Daten zu ermöglichen.
- Ausbau und Optimierung der Datei- und Jobverwaltung im Frontend, einschließlich der Komponenten Job Viewer, Job Manager, File Downloader sowie Live-Status Viewer.

Weiterhin wurde ein Keycloak-Server implementiert und die Verwaltung individueller Nutzerprofile verbessert. Diese Maßnahme gewährleistete eine zuverlässige Nutzerauthentifizierung sowie eine verbesserte Zugriffskontrolle, um die Datensicherheit

innerhalb des Systems weiter zu stärken. Weitere spezifische Datenschutzmaßnahmen wurden implementiert, deren Details derzeit noch spezifiziert werden müssen.

Parallel dazu wurde der Abschlussbericht erstellt, welcher eine detaillierte und nachvollziehbare Zusammenfassung der gesamten durchgeführten Arbeiten sowie der erzielten Ergebnisse enthält. In diesem Bericht wurden insbesondere die technische Machbarkeit, der potenzielle Nutzen sowie weitere Entwicklungsperspektiven dargestellt.

Unabhängig vom Ende der direkten Förderung ist geplant, die entwickelte Software in kommende Forschungsprojekte zu integrieren. Sofern eine Finanzierung für langfristige Wartung und Weiterentwicklung gesichert werden kann, ist zudem vorgesehen, das System auch für externe Nutzer zu öffnen und begleitend dazu in wissenschaftlichen Publikationen zu veröffentlichen. Ziel ist es, durch Publikationen die Sichtbarkeit der Software in der wissenschaftlichen Gemeinschaft zu erhöhen und Kooperationen weiter auszubauen.

Die Integration und Erweiterung der Pangenom-Datenbank, ein wesentlicher technischer Aspekt, wurde ebenfalls fortgeführt. Die kontinuierliche Erweiterung dieser Datenbank verspricht erhebliches Potenzial für präzisere Vorhersagen in der mikrobiologischen Diagnostik. Langfristig wird die entwickelte Software damit zu einer wertvollen Grundlage für zukünftige Forschungsprojekte und mögliche klinische Anwendungen.

Die personelle Förderung für diesen Meilenstein umfasste einen Softwareentwickler zu 100 % sowie die Projektleitung zu 25 %. Die Mittel wurden vollständig entsprechend der Planung eingesetzt.

Geplante Publikationen

Obwohl die direkte Finanzierung zur Ausgründung von SeqQuery als eigenständiges Softwareprodukt (weiterhin unser langfristiges Ziel) zunächst endet, wird die entwickelte Software in künftige Projektvorhaben eingebunden. Sobald eine langfristige Finanzierung für Wartung und Weiterentwicklung sichergestellt ist, soll das System auch externen Nutzern zur Verfügung gestellt werden. Begleitend zu dieser Finanzierung ist geplant, die Software in wissenschaftlichen Publikationen vorzustellen. Dadurch soll die Sichtbarkeit der entwickelten Plattform gesteigert und ihre Akzeptanz innerhalb der wissenschaftlichen Fachwelt erhöht werden.

Nutzen und Verwertbarkeit der Ergebnisse

Die durchgeführten Arbeiten haben wesentliche wissenschaftliche und technologische Fortschritte ermöglicht. Der entwickelte Softwareprototyp stellt eine automatisierte, benutzerfreundliche Analyseplattform dar, die besonders relevant für Forschungseinrichtungen, Diagnostiklabore sowie pharmazeutische Unternehmen sein kann. Folgende Punkte unterstreichen die Verwertbarkeit der Ergebnisse:

- Automatisierte Analyse-Pipeline, die ohne tiefgehende bioinformatische Vorkenntnisse bedienbar ist.
- Modulares und skalierbares System, das sich in bestehende bioinformatische Infrastrukturen integrieren lässt.
- Möglichkeit, langfristig das System als Software-as-a-Service (SaaS) anzubieten, was den Zugang für verschiedene Nutzergruppen erleichtern würde.

Zudem könnte langfristig eine Ausgründung in Betracht gezogen werden, falls Investoren Interesse an der Kommerzialisierung der entwickelten Technologie zeigen.

Bekannte Fortschritte im Forschungsumfeld

Im Verlauf des Projekts wurden mehrere vergleichbare Lösungen identifiziert. Diese umfassen sowohl Open-Source-Tools für spezifische wissenschaftliche Zwecke als auch kommerzielle Produkte. Häufig erfordern bestehende Lösungen jedoch entweder umfangreiche bioinformatische Vorkenntnisse oder sind nicht als Pangenom für eine kontinuierliche Erweiterung durch neue Genomdaten konzipiert.

Folgende Entwicklungen wurden im Projektzeitraum beobachtet und berücksichtigt:

- Verbesserungen existierender Open-Source-Pangenom-Analysertools, die allerdings weiterhin keine nutzerfreundliche Oberfläche bieten.
- Kommerzielle Systeme zur Resistenzvorhersage, die jedoch überwiegend mit geschlossenen Datenbanken arbeiten und nicht flexibel erweiterbar sind.
- Internationale Forschungsprojekte mit ähnlichen Zielen, die jedoch meist auf spezialisierte Anwendungen beschränkt bleiben.

Die Analyse dieser bestehenden Lösungen stellte sicher, dass SeqQuery eine eigenständige, ergänzende Positionierung einnimmt. Insbesondere die dynamische Integration neuer Genomdaten stellt ein Alleinstellungsmerkmal dar, welches signifikante Vorteile gegenüber anderen existierenden Ansätzen bietet.

Zusammenfassung und zukünftige Perspektiven

Obwohl die Machbarkeitsphase nicht bewilligt wurde, bilden die Ergebnisse dieser Sondierungsphase eine wertvolle Grundlage für zukünftige Forschungs- und Entwicklungsprojekte. Potenzielle Weiterentwicklungen sollen folgende Aspekte umfassen:

- Weiterführende Verfeinerung und Integration der Wissensgraphen-Technologie, um die Genauigkeit der Antibiotikaresistenzvorhersage zu verbessern.
- Erweiterung und Anpassung der Software für klinische Anwendungen, wenn regulatorische Anforderungen adressiert und erfüllt werden können.
- Potenzielle Integration in bestehende Diagnostik-Workflows oder Kooperationen mit etablierten Diagnostikunternehmen zur weiteren Nutzung und Verbreitung.

Die im Rahmen dieses Projektes gewonnenen Erkenntnisse und die entwickelte Software bilden eine solide Grundlage für zukünftige Forschungsprojekte. Sollte eine zukünftige Finanzierung sichergestellt werden, bietet das System gute Voraussetzungen für eine nachhaltige wissenschaftliche und kommerzielle Weiterentwicklung.