

GHGA

THE
GERMAN
HUMAN
GENOME-
PHENOME
ARCHIVE



**Das Portal für die
deutsche Genomforschung**

GHGA

**T H E
G E R M A N
H U M A N
G E N O M E -
P H E N O M E
A R C H I V E**

Inhalt

- 04** **Grußwort**
- 05** **Omics-Daten**
Eine treibende Kraft für die
Forschung und Versorgung
- 08** **Daten teilen**
Der Schlüssel zu einer
besseren Versorgung
- 11** **GHGA**
Die nationale Infrastruktur für
den sicheren Datenaustausch
- 13** **Ein starkes Netzwerk in
Deutschland und darüber
hinaus**
Föderiertes Netz mit
einheitlichen Datenzugang
- 15** **Portfolio**
Aktuelle und künftige
Funktionen
- 16** **Daten gemeinsam
nutzen – aber FAIR**
Das GHGA Metadatenmodell
- 17** **Unsere Datenschutzstrategie**
Schutz sensibler Patient*innen-
daten auf mehreren Ebenen
- 21** **Mehr als ein Archiv**
Standardisierte Datenanalyse
erleichtern
- 23** **Datenpotenzial kommunizieren**
Training und Öffentlichkeits-
arbeit
- 24** **Sichtweise von Patient*innen
einbeziehen**
Verantwortung übernehmen
- 25** **Die Zukunft der Genom-
medizin**
Aus Sicht der Expert*innen
- 29** **Impressum**

GHGA – Das Deutsche Humangenom-Phänomarchiv

**Die Expertise für humane Omics-Daten:
Wir machen Daten nutzbar.
Wir schützen Daten.**

Das erklärte Ziel des Deutschen Humangenom-Phänomarchivs (GHGA) ist es, das volle Potenzial humaner Omics-Daten auszuschöpfen. Vereinte Kräfte aus Forschung und Medizin bauen dafür ein Portal für die sichere Archivierung, gemeinsame Nutzung und Analyse solcher Daten auf. Durch die Bündelung von Fachwissen etablieren wir ein technisch sicheres Datenportal und schaffen gleichzeitig einen ethisch-rechtlichen Rahmen. Dies ermöglicht eine sichere gemeinsame Nutzung humaner Omics-Daten.

Wie kann die Omics-Forschung ihr Potenzial zur Verbesserung der Gesundheitsversorgung entfalten? Welche Bedeutung hat die gemeinsame Datennutzung für die Forschung, und wie können die Interessen der Patient*innen gewahrt werden? In dieser Broschüre präsentieren wir die Ansätze, die GHGA zur Lösung dieser Fragestellungen verfolgt. Von Softwareentwicklung über Datenanalyse bis hin zur Umsetzung der FAIR-Prinzipien und Gewährleistung der Datensicherheit – GHGA wird zur deutschen Ressource für effiziente Genomforschung!

Die Broschüre gibt einen Einblick, wie die gemeinsame Nutzung von Omics-Daten die Forschung und Gesundheitsversorgung revolutionieren kann, und zeigt, dass GHGA eine Schlüsselrolle in dieser Vision für Deutschland spielt.

Die Redaktion,

Jörn Walter

GHGA Co-Sprecher für Öffentlichkeitsarbeit, Universität des Saarlandes

Eva Winkler

GHGA Direktorium, NCT Heidelberg

Juliane Winkelmann

GHGA Co-Sprecherin für Öffentlichkeitsarbeit, Helmholtz Munich

Jan Korbel

GHGA Direktorium, EMBL Heidelberg

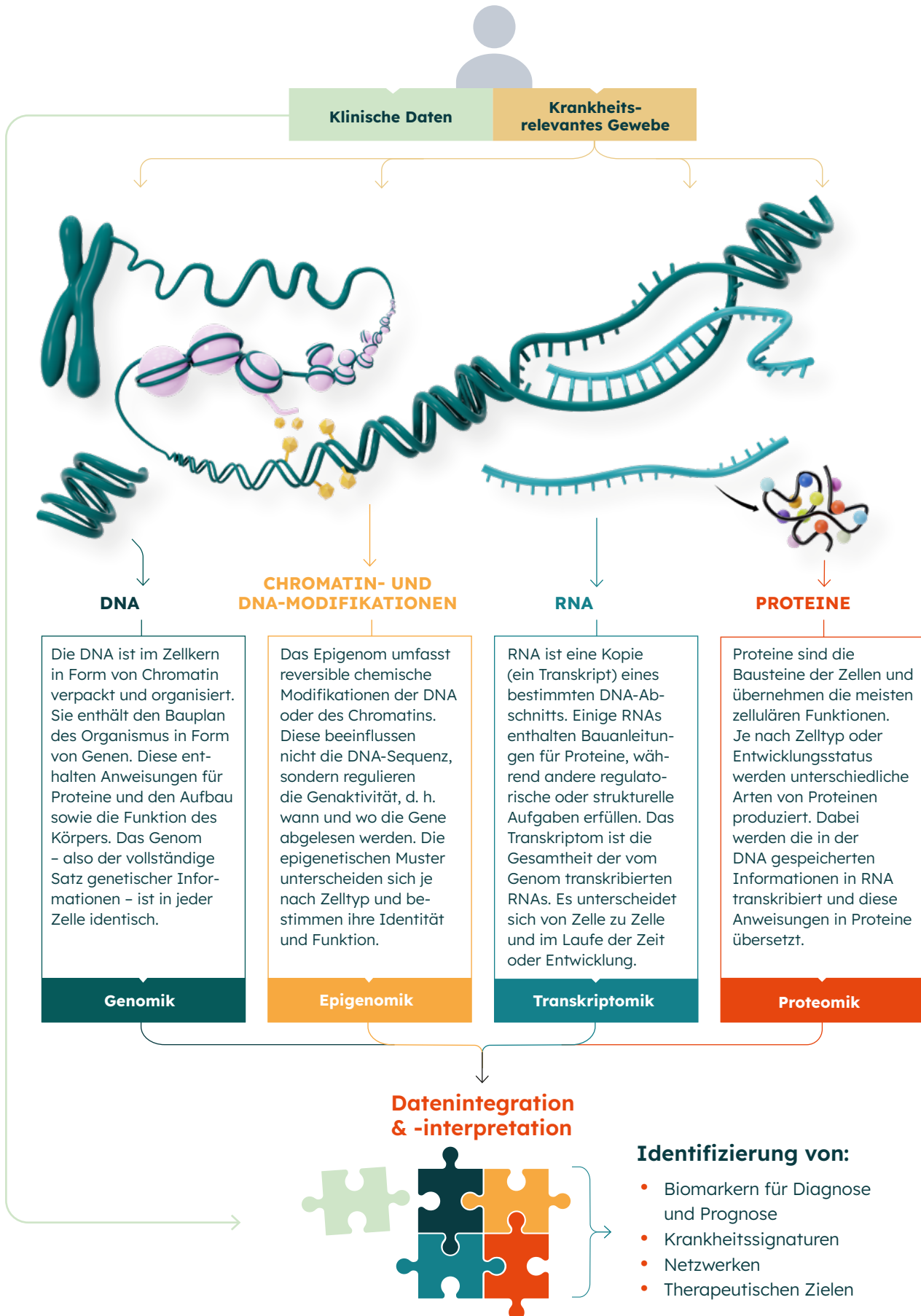
Oliver Kohlbacher

GHGA Direktorium, Universität Tübingen

Oliver Stegle

GHGA Direktorium, DKFZ Heidelberg

Was sind Omics-Daten?



Omics-Daten: Eine treibende Kraft für Forschung und Gesundheitsversorgung

Moderne Sequenzierverfahren erlauben es, immer effizienter Omics-Daten in Forschung und Medizin zu erzeugen. Diese Daten werden in der Molekular-diagnostik eingesetzt, um die Prävention, Diagnose und Behandlung von bestimmten Krankheiten zu verbessern und die Gesundheitsversorgung zu revolutionieren. Allerdings sind das Management und der sichere Austausch von Omics-Daten eine Herausforderung.

Erschwungliche Genomsequenzierung durch technologischen Fortschritt

Im Jahr 2001 wurde das erste menschliche Genom im Rahmen des [Humangenomprojekts](#) sequenziert. Seitdem sind die Kosten aufgrund rasanter technologischer Entwicklungen (z. B. Hochdurchsatz-Sequenzierung/Next Generation Sequencing [NGS]) erheblich gesunken. Heute liegen sie bei etwa 300 Euro pro Genom. Fortschritte in der Bioinformatik haben die Sequenzierung als gängiges Verfahren in Forschung und Diagnostik gefestigt.

Omics-Daten auf dem Vormarsch

Mit der Weiterentwicklung der Sequenzierungsverfahren steigt nicht nur die Zahl der pro Jahr sequenzierten Genome, sondern auch die gewonnene Informationsdichte. Es werden vermehrt Multi-Omics-Ansätze eingesetzt, bei denen verschiedene Arten von Omics-Daten von ein und derselben Person oder Probe analysiert werden. Die Fülle an verfügbaren Daten stellt eine Herausforderung dar, bietet jedoch auch eine noch nie dagewesene Chance für die Forschung. Sie ermöglicht ein besseres Verständnis komplexer Wechselwirkungen.

Revolution im Gesundheitswesen: Omics-Daten verbessern Prävention, Diagnose und Behandlung

Omics-Daten gewinnen in der Gesundheitsversorgung zunehmend an Bedeutung. Sequenzierung ermöglicht die Diagnose von (Seltene) Erkrankungen, indem sie die zugrunde liegenden genetischen Veränderungen identifiziert. Die Ermittlung erblicher Risikofaktoren kann bei der Krankheitsprävention helfen und eine engmaschige Überwachung Betroffener erlauben. Auf Genomanalysen basierende personalisierte Therapien berücksichtigen die individuellen biologischen Unterschiede zwischen Patient*innen. Sie haben das Potenzial, jenen zu helfen, bei denen herkömmliche Therapien nicht ansprechen. Sei es bei Krebs oder Seltene Erkrankungen: Omics-Daten können einen wichtigen Beitrag zur Überwachung und Verbesserung des Gesundheitszustands leisten und sich direkt auf die Versorgung der Patienten*innen auswirken.

Genomik wird Teil der Regelversorgung

Bislang ist die molekulare Analyse von Genomdaten zur Diagnose oder für personalisierte Therapien in Deutschland selten Teil der medizinischen Regelversorgung. Das ist jedoch im Begriff, sich zu ändern. Im Jahr 2021 wurde mit einem Gesetz die rechtliche Grundlage für ein Modellprojekt geschaffen, mit dem die nationale Initiative genomDE ab 2024 die Genommedizin in die klinische Regelversorgung integrieren soll.



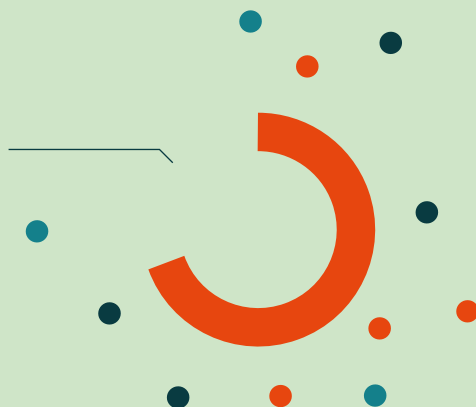
Ob in der Forschung oder Medizin – Daten sind unverzichtbar. Erst durch das Zusammenführen und die gemeinsame Nutzung von Daten aus größeren Kohorten können neue Forschungsergebnisse und wissenschaftliche Entdeckungen vorangetrieben werden.

genomDE ist eine nationale Initiative, die die notwendigen Konzepte und Infrastrukturen entwickelt, um die Anwendung von Genomik im alltäglichen Gesundheitswesen zu fördern. GHGA hat zur Entwicklung dieser Konzepte beigetragen und bereitet seine Datenknoten darauf vor, in der Zukunft als Genomdatenzentren für das Gesundheitswesen zu dienen.

Was ist Big Data?

70 %

der Krebsfälle werden bis 2027 mit Hilfe von Genomanalysen diagnostiziert



40

Exabyte an menschlichen Genomdaten entstehen bis 2025

=

4 0 0 0 0
0 0 0 0 0
0 0 0 0 0
0 0 0 0 0

Bytes

=



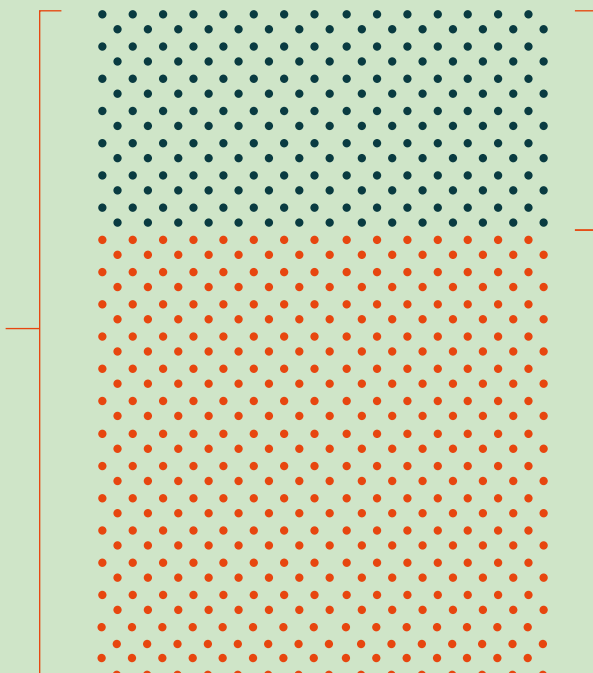
1 Milliarde Filme



66 Jahre Musik

60

Millionen sequenzierte Genome bis 2025 in den G20-Staaten



20

Millionen von Seltenen Erkrankungen

40

Millionen von Krebs

Datenaustausch: der Schlüssel zu einer besseren Versorgung

Daten werden meist nur lokal von der Person oder Institution, die sie erhoben hat, gespeichert und stehen damit nicht für die weitere Forschung zur Verfügung. Die gemeinsame und sichere Nutzung von Omics-Daten wird das volle Potenzial der Daten freisetzen und wissenschaftliche Entdeckungen sowie die Entwicklung von Diagnoseverfahren und Therapien ermöglichen. Die folgenden Beispiele zeigen, wie die gemeinsame Datennutzung die Forschung und Gesundheitsversorgung beeinflusst.

Bevölkerungsdaten für die Forschung nutzen

Die **NAKO Gesundheitsstudie** ist eine Langzeit-Bevölkerungsstudie, die von einem Netzwerk deutscher Forschungseinrichtungen organisiert und durchgeführt wird. Ziel ist es, die Ursachen von Volkskrankheiten wie Krebs, Diabetes, Herz-Kreislauf- und Infektionskrankheiten zu erforschen und den Einfluss von Faktoren wie Umwelt, Ernährung, Lebensstil und Genetik zu verstehen. Die Studie umfasst Daten von mehr als 200.000 Teilnehmenden und wird nun auf Omics-Daten ausgeweitet. Mit Hilfe dieser Daten können die Ursachen und Risikofaktoren weit verbreiteter Krankheiten erforscht und Möglichkeiten der Früherkennung und Prävention ermittelt werden. Die Omics-Daten werden in GHGA gespeichert und stehen so für weitere Forschungsprojekte zur Verfügung.

KI-gestützte Gesundheitsversorgung

Künstliche Intelligenz (KI) ist im Gesundheitswesen bereits weit verbreitet: robotergestützte Chirurgie; Apps, die bei der Erkennung von Hautkrebs helfen; Auswertung von MRT- und Röntgenbildern; Wearables für Diabetespatient*innen sind nur einige Beispiele. Um die KI-Algorithmen hinter diesen Anwendungen zu trainieren, werden große Datensätze benötigt. Die Weiterentwicklung der KI-gestützten Gesundheitsfürsorge könnte weltweit jährlich Milliarden von Euro einsparen. GHGA wird sicheren und einheitlichen Zugang zu großen Datensätzen bieten, um KI-gestützte Auswertungen für Forschung und klinische Versorgung zu unterstützen und voranzutreiben.

Gemeinsame Datennutzung für die Präzisionsmedizin

Umfassende Genom- und Transkriptomanalysen ermöglichen personalisierte Medizin und können die Patient*innenversorgung verbessern. So zeigt das DKFZ/NCT/DKTK **MASTER (Molecularly Aided Stratification for Tumor Eradication Research)-Programm**, dass umfassende molekulare Untersuchungen diagnostische und therapeutische Vorteile für Krebspatient*innen bieten. Mithilfe eines standardisierten Präzisionsonkologie-Workflows am DKFZ und am NCT Heidelberg werden das Tumor- und das Kontrollgenom von Patient*innen mit unterschiedlichen Krebserkrankungen analysiert und die Ergebnisse in einem multidisziplinären molekularen Tumorboard diskutiert. In mehr als 85 % der Fälle werden Empfehlungen für zielgerichtete Behandlungen ausgesprochen, die derzeit in mehr als einem Drittel der Fälle umgesetzt werden können. Im Vergleich zu vorausgegangenen Therapien lässt sich durch diesen Ansatz bei mehr als einem Drittel der Patient*innen ein verlängertes, progressionsfreies Überleben erreichen. Damit demonstriert das MASTER-Programm den klinischen Nutzen der individualisierten Krebsmedizin, bei der die Zusammenführung und gemeinsame Nutzung von Informationen der Schlüssel zur Akkumulation großer genomischer und klinischer Datensätze ist. Der mehr als 1300 Patient*innen umfassende MASTER-Datensatz war der erste, der in GHGA verfügbar war.



Die gemeinsame Datennutzung kann das volle Potenzial von Daten ausschöpfen. GHGA ermöglicht die sichere Archivierung und den effektiven Zugang zu humanen Omics-Daten, was innovative Forschung und Programme für die Gesundheitsversorgung fördert.

Bei GHGA arbeiten wir gemeinsam daran, dass Omics-Daten in den Fokus rücken und sowohl von der Forschung als auch von der Gesundheitsversorgung effektiv genutzt werden können.



Datenaustausch in Krisenzeiten: die Corona-Pandemie

Die Genomforschung hatte einen entscheidenden Einfluss auf die Corona-Pandemie. Sie ermöglichte die Entschlüsselung des SARS-CoV-2-Genoms, beschleunigte die Impfstoffentwicklung, half bei der Überwachung von Virusvarianten und informierte die Gesundheitspolitik. Durch die Genomsequenzierung der Patient*innen konnten individuelle Risikofaktoren vorhergesagt werden.

Die gemeinsame Datennutzung spielte hierbei eine entscheidende Rolle und trieb die Forschung voran. In Krisensituationen ist es besonders wichtig, Forschungsdaten sicher und schnell zu teilen. Der Aufbau einer Infrastruktur, die einen sicheren und zugleich FAIRen Datenzugang (siehe S. 15) für legitime Forschungsfragen ermöglicht, wird für Deutschland eine solide Grundlage für die Zukunft der Wissenschaft schaffen. Während der Corona-Pandemie hat sich GHGA an Initiativen wie [DeCOI](#) und [CoGDat](#) beteiligt und ein Portal zur Sammlung und gemeinsamen Nutzung von SARS-CoV-2-Sequenzrohdaten eingerichtet, um die molekulare Überwachung von Virusvarianten in ganz Deutschland zu ermöglichen.

Aufbau einer Referenzgenomsammlung für Seltene Erkrankungen

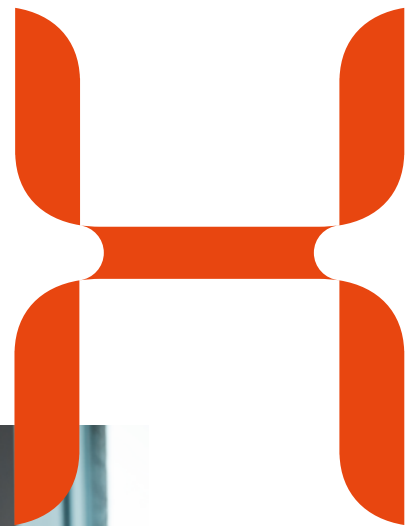
Seltene Erkrankungen werden oft durch Abweichungen im genetischen Code verursacht. Nur wenn große Sammlungen von Referenzgenomen angelegt und von den Kliniken gemeinsam genutzt werden, kann die Diagnose von Patient*innen gelingen. Je seltener eine Krankheit ist, desto größer müssen diese Datensammlungen sein, um die genetische Abweichung zu finden. Eine schnelle und korrekte Diagnose sowie richtige Behandlung sind sowohl für die einzelnen Patient*innen als auch für das Gesundheitssystem eine Entlastung. Frühzeitig eingesetzte Sequenzierungstechniken können die diagnostische Erfolgsquote mehr als verdreifachen, und das bei einem Drittel der Kosten pro Diagnose. GHGA arbeitet eng mit Forschenden und Interessengruppen im Bereich der Seltene Erkrankungen, wie z. B. Solve-RD, zusammen, um eine Referenzgenomsammlung aufzubauen und Analysemethoden bereitzustellen, die auf die Bedürfnisse dieser Gruppen zugeschnitten sind.

GHGA: Die nationale Infrastruktur für den sicheren Datenaustausch

Indem GHGA ein sicheres Zuhause für humane Omics-Daten schafft, werden erstmals Datensätze aus ganz Deutschland in einer einzigen Infrastruktur zugänglich gemacht. Als nationale Initiative können wir Forschenden einen ethisch-rechtlichen Rahmen bieten, der in Einklang mit der Datenschutzgrundverordnung (DSGVO) steht.

Genomforschung vorantreiben

Da humane Omics-Daten meist lokal gespeichert werden, können Forschende nur schwer Datensätze finden oder teilen. GHGA wird deutschen Institutionen dabei helfen, Daten zu bündeln und besser auffindbar zu machen. Forschende können so ihre Ergebnisse mit weiteren Datensätzen überprüfen und innovative Methoden für große Datenmengen (Big Data) nutzen. Dadurch werden weitere Erkenntnisse gewonnen und neue Forschungsergebnisse können in die klinische Regelversorgung einfließen. Dies wird den Patient*innen zugutekommen und den Wert der genomischen Medizin erhöhen.



Von der Infrastruktur-entwicklung bis hin zum ethisch-rechtlichen Rahmen für die gemeinsame Nutzung von humanen Daten arbeitet unser interdisziplinäres Team zusammen, um optimale Lösungen zu finden.

Datenpotenzial voll ausschöpfen

Die in humanen Omics-Daten enthaltenen Informationen können zur Beantwortung einer Vielzahl von Forschungsfragen beitragen – weit über die ursprüngliche Fragestellung hinaus. Stellt man die Daten anderen Forschenden und Ärzt*innen zur Verfügung, können neue Forschungshypothesen getestet werden, ohne dass neue Daten erhoben werden müssen. Das spart Zeit und Geld.

Sichtbarkeit der deutschen Forschung steigern

Als deutscher Knotenpunkt des föderierten [European Genome-phenome Archive \(EGA\)](#) und der [European Genomic Data Infrastructure \(GDI\)](#) wird GHGA nationale Datenschutzbestimmungen einhalten und gleichzeitig eng mit internationalen Dateninfrastrukturen verknüpft sein. So gestalten deutsche Forschende zukünftige weltweite Standards für den Datenaustausch mit und übernehmen eine führende Rolle in internationalen Forschungskonsortien.

Patient*innen einbeziehen

Um den ethischen und rechtlichen Herausforderungen bei der gemeinsamen Nutzung von Omics-Daten zu begegnen, entwickelt GHGA Leitlinien und Module für Einwilligungserklärungen. Diese informieren Patient*innen und unterstützen Ärzt*innen und Forschende. Ein offener Dialog mit den Patient*innen und transparente Einblicke in die GHGA-Struktur ermöglichen die aktive Beteiligung aller Interessengruppen.

Nachhaltige Forschung fördern

Ein Langzeitarchiv wie GHGA gewährleistet eine nachhaltige Datennutzung, indem es internationale Standards nutzt und Infrastrukturen für alle humanen Omics-Daten bereitstellt. Zentrale Datenspeicherung reduziert den Bedarf an Datenkopien. Dies ermöglicht eine effiziente Nutzung von Speicherplatz und reduziert Kosten, Energieverbrauch und Umweltauswirkungen.



Sensible Omics-Daten schützen

Sensible Omics-Daten müssen geschützt werden. GHGA verfolgt daher einen mehrschichtigen Ansatz. Wir schaffen eine sichere Software-Infrastruktur mit einem ethisch-rechtlichen Rahmen, der nicht nur dem geltenden Datenschutzrecht entspricht, sondern auch im Austausch mit und ausgerichtet auf die Bedürfnisse der Patient*innen entwickelt wird.

Forschung und Gesundheitsversorgung verknüpfen

Die Verbindung zwischen Forschung und klinischer Versorgung schafft einen Kreislauf. Forschungsergebnisse beeinflussen die Entscheidungen im Gesundheitswesen, angefangen bei Diagnosen und Therapien bis hin zur Gesundheitspolitik. Gleichzeitig ermöglicht der Zugang zu klinischen Daten neue Forschungsergebnisse. Patient*innen profitieren so von einer Forschung, die auf umfangreiche Datensätze zurückgreift.

Daten einfacher teilen und trotzdem schützen

Datenproduzent*innen können die optimierten Prozesse und Infrastruktur von GHGA nutzen, um Daten sicher mit anderen Forschenden zu teilen. Sie entscheiden dabei selbst, wem sie Zugriff gewähren. Dadurch wird die gemeinsame Datennutzung effizienter und Forschende können schneller mit ihrer Arbeit beginnen.

Genomforschung vermitteln

Eine transparente Kommunikation über die für GHGA relevanten Themen – wie gemeinsame Datennutzung und Datenschutz – wird der Open-Science-Bewegung unter Forschenden und Kliniker*innen weiteren Auftrieb geben. Die aktive Einbindung der Öffentlichkeit wird zudem den Nutzen der Genommedizin für die Gesundheit jedes Einzelnen hervorheben.

Ein starkes Netzwerk in Deutschland und darüber hinaus

GHGA agiert als deutschlandweites Netzwerk. Als deutscher Knotenpunkt in europäischen Initiativen gestaltet GHGA zukünftige internationale Standards für den Datenaustausch mit und trägt zu einer nachhaltigen Dateninfrastruktur weltweit bei.

Föderiertes Netzwerk mit einheitlichem Datenzugang

Das GHGA-Datenportal wird als zentrale Anlaufstelle für das Hoch- und Herunterladen und die Analyse von Omics-Daten dienen. Hinter den Kulissen wird diese „zentrale“ Anlaufstelle von GHGA von **Datenknoten** bedient, die als föderiertes Netzwerk arbeiten. Diese sogenannten Data Hubs sind mit **lokalen GHGA-Partnerinstitutionen** – führenden Einrichtungen in der Genommedizin und Hauptproduzenten von Omics-Daten (wie NGS-CN) – verbunden. Wir knüpfen an bestehende Infrastrukturen an, indem wir mit lokalen, regionalen und nationalen Hochleistungsrechenzentren sowie Zentren mit bestehenden Cloud-Infrastrukturen (wie **de.NBI/ ELIXIR-DE**) zusammenarbeiten. Diese verfügen über die Kapazität und Erfahrung für den nachhaltigen Betrieb einer robusten und skalierbaren Infrastruktur.

Fachwissen für ein gemeinsames Ziel bündeln

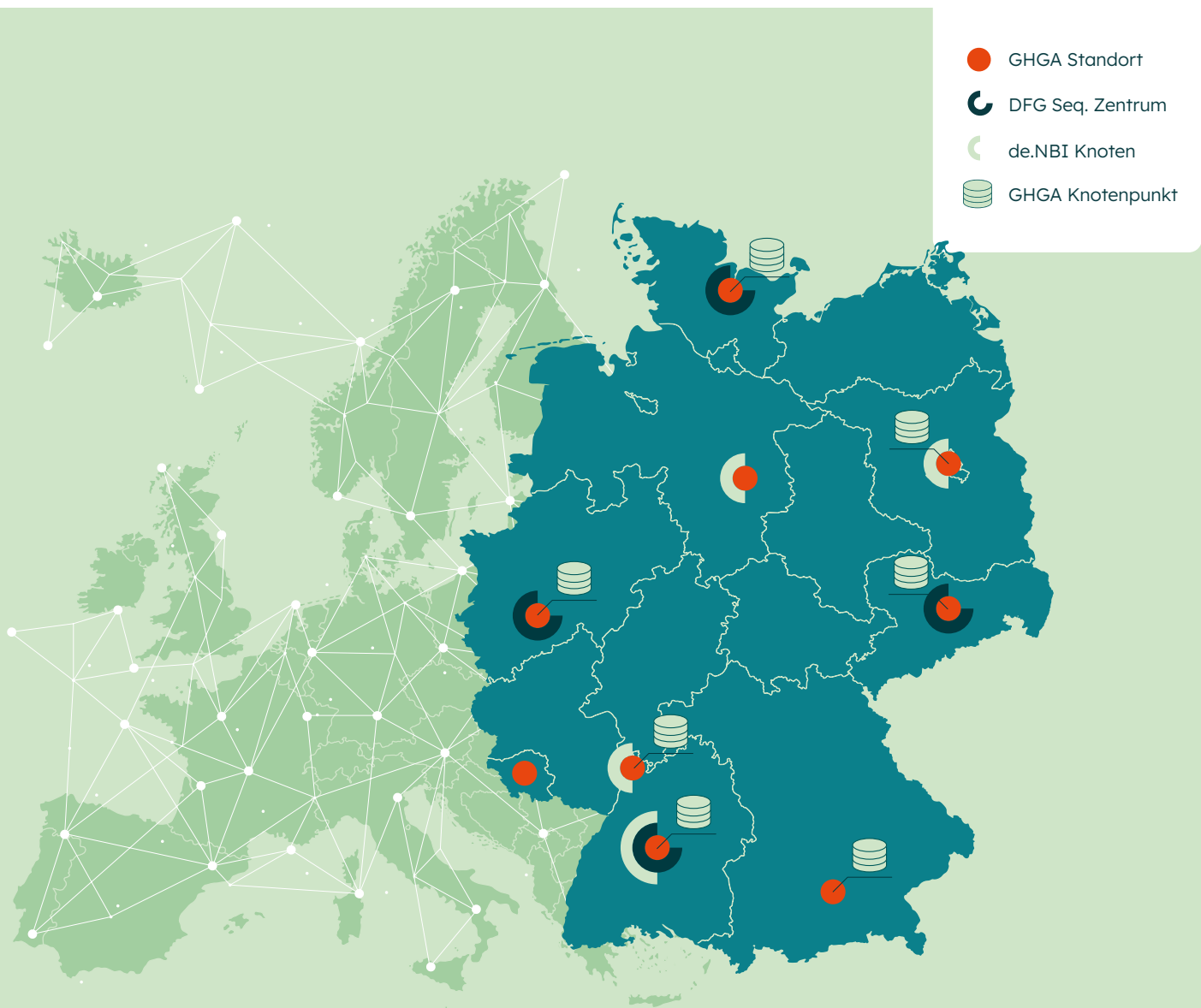
Bei GHGA arbeiten Expert*innen aus den Bereichen Softwareentwicklung und IT-Betrieb, Ethik und Recht, Bioinformatik und Biologie sowie Medizin gemeinsam am Aufbau einer sicheren Infrastruktur für Omics-Daten. Unterstützt wird das Team von renommierten Forschenden aus 21 Universitäten, Helmholtz-Zentren und Forschungseinrichtungen in ganz Deutschland, die ihre Expertise in das Projekt einbringen.

GHGA wird, unter dem Dach der **Nationalen Forschungsdateninfrastruktur (NFDI)**, durch die **Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG)** gefördert. Im Rahmen der NFDI werden **Daten aus Wissenschaft und Forschung systematisch erschlossen, vernetzt und nachhaltig verfügbar gemacht.**

Das Next Generation Sequencing Competence Network (NGS-CN) ist eine von der **DFG** geförderte Initiative bestehend aus vier spezialisierten Zentren. Sie stellt Infrastruktur und Expertise für die Hochdurchsatzsequenzierung zur Verfügung und macht Omics-Forschung für die Lebenswissenschaften und Medizin zugänglich.



i
Mehr über
unsere
Arbeitsweise



Ein starker Partner in Europa

Derzeit werden personenbezogene genetische und phänotypische Daten, die für Forschungsprojekte in Europa gesammelt werden, im **European Genome-phenome Archive** (EGA) gespeichert. Innerhalb des förderierten EGA hat sich ein Netzwerk nationaler Knoten auf gemeinsame Standards und Infrastrukturen verständigt, um den Datenaustausch in ganz Europa zu ermöglichen. GHGA ist der deutsche Knoten in diesem Netzwerk.

Die europäische Initiative **1+ Million Genomes** (1+MG) hat das Ziel, Daten von mehr als einer Million humaner Genome zu sammeln. Sie wird europaweit einen sicheren Zugang zu den Daten ermöglichen – für bessere Forschung, personalisierte Medizin und gesundheitspolitische Entscheidungen. Um die Vision von 1+MG zu verwirklichen, wurde die Einrichtung einer europäischen Infrastruktur im Rahmen des

Projektes **European Genomic Data Infrastructure** (GDI) finanziert. Aufbauend auf einem Netzwerk nationaler Infrastrukturen werden technische Standards angeglichen und ein gemeinsamer ethisch-rechtlicher Rahmen unter Berücksichtigung nationaler Anforderungen definiert. GHGA bildet den deutschen GDI-Knoten, der die in GHGA gespeicherten Genomdaten an die paneuropäische GDI-Infrastruktur anbindet und unsere Expertise in das Netzwerk integriert.

Auf globaler Ebene arbeitet GHGA mit der **Global Alliance for Genomics and Health** (GA4GH) zusammen. Wir unterstützen den Aufbau und die Umsetzung internationaler Standards und harmonisierter Verfahren für einen effektiven und verantwortungsvollen Austausch genomischer und gesundheitsbezogener Daten auf der ganzen Welt.

Portfolio



GHGA Metadata Catalog

- Erste operative Phase
- Sammlung bestehender nationaler Studien
- Standardisierte Datensatzbibliothek mit (EGA-kompatiblem) GHGA-Metadatenmodell



GHGA Archive

- Nationale EGA-Funktionalität
- Optimierte Dateneinreichung
- Zentrale Infrastruktur für Datenzugriffsverfahren
- Einheitlicher ethisch-rechtlicher Rahmen
- Harmonisierte Metadaten



GHGA Atlas

- Standardisierte Datenauswertung
- Datenvisualisierung
- Statistik und Zusammenfassung
- Integration mehrerer Omics-Modalitäten und Verknüpfung von Omics-Daten mit phänotypischen Daten



GHGA Cloud

- Cloud-basierte Analyseplattform (PaaS) für umfangreiche Omics-Datensätze
- Community-spezifische Datenportale



Mehr zum
aktuellen Stand
der Entwicklungen

Daten gemeinsam nutzen – aber FAIR

Man kann Daten nicht teilen, ohne sie zu beschreiben. Metadaten sind hierbei entscheidend und liefern Informationen über die Eigenschaften eines Datensatzes: das „Was“, „Wann“, „Wo“, „Wer“, „Wie“ und „Warum“. Ohne detaillierte Metadaten können Daten nicht gefunden, verwendet oder interpretiert werden. Metadaten beschreiben zum Beispiel Zell- oder Gewebetyp der Probe, Krankheitsstatus oder Protokolle oder Instrumente, die zur Erzeugung der Daten verwendet wurden. Sie können auch Details über den/ die Datenspende*r*in (z. B. Alter oder biologisches Geschlecht) enthalten.

Das GHGA-Metadatenmodell wurde entwickelt, um die Beschreibung von Daten zu harmonisieren und damit die gemeinsame Nutzung von Daten in der Forschung zu erleichtern. Die Verwendung etablierter und weit verbreiteter Ontologien und Vokabularien hilft den Datenproduzent*innen, ihre Daten auf FAIRe Weise zu beschreiben und relevante Daten abzurufen.

Die erste Phase von GHGA – der GHGA Metadata Catalog – ist ein öffentliches Portal für die Suche nach humanen Omics-Studiendaten von deutschen Forschungseinrichtungen. Der Katalog ermöglicht die Suche nach nicht-personenbezogenen Metadaten. Er sammelt Informationen über humane Omics-Datensätze, die von deutschen Institutionen für die Sekundärforschung unter kontrollierten Zugangsbedingungen verfügbar sind.



Mehr zum
GHGA-Metadaten-
Modell

Was ist FAIR?

Die **FAIR-Prinzipien** sind ein Leitfaden zur Verbesserung der Verwendung und Speicherung von Daten. Daten sollen dabei die folgenden Kriterien erfüllen:



Findable – Auffindbar

(Meta-)Daten sollen durch die Verwendung eindeutiger Kennzeichnungen und umfassender Beschreibungen für Personen und Computersysteme leicht zu finden sein.



Accessible – Zugänglich

Die Verfahren für einen sicheren und transparenten Zugang müssen klar definiert sein, damit die Nutzer*innen wissen, wie sie auf die Daten zugreifen können.



Interoperable – Interoperabel

Mithilfe von (Metadaten-)Standards und Ontologien können Daten über verschiedene Arbeitsabläufe oder Systeme hinweg genutzt und mit anderen Daten integriert werden.

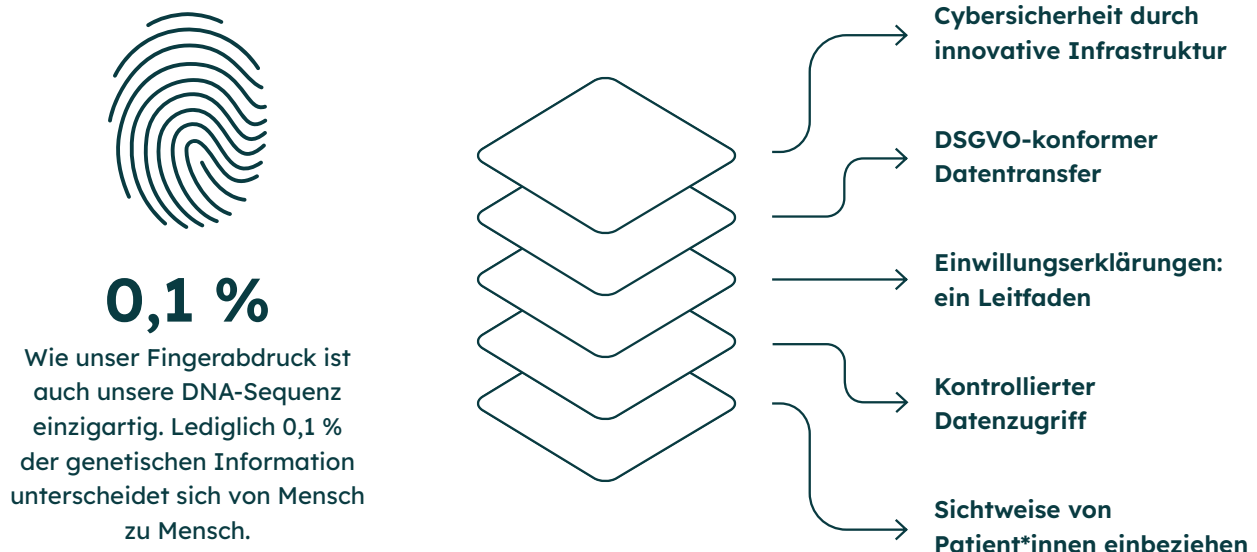


Reusable – Wiederverwendbar

Detaillierte (Meta-)Daten ermöglichen eine optimale weitere Nutzung.

Schutz sensibler Patient*innendaten auf mehreren Ebenen: Unsere Datenschutzstrategie

GHGA verfolgt einen mehrschichtigen Ansatz in Bezug auf die Datensicherheit. Wir bauen eine hochmoderne Infrastruktur als Basis für eine sichere Datenarchivierung und -weitergabe auf. Der Rahmen für die DSGVO-konforme Datenverarbeitung und der kontrollierte, aber dennoch FAIRe Datenzugriff bilden eine weitere Ebene, um sicherzustellen, dass die Daten geschützt sind und gleichzeitig ihr Potenzial für die Forschung ausschöpfen.



Warum sind Omics-Daten besonders schützenswert?

Unsere DNA enthält Informationen über sensible Merkmale wie Krankheitsrisiken, biologisches Geschlecht und ethnische Zugehörigkeit. Beim Umgang mit diesen Daten ist daher besondere Vorsicht geboten. Zu Forschungszwecken erhobene Daten werden in der Regel pseudonymisiert. Einzelne Gensequenzen können aber trotzdem zu einer Re-Identifizierung führen. Omics-Daten sind in der Regel nicht öffentlich zugänglich, sondern werden in sicheren Archiven aufbewahrt und nur berechtigten Forschenden unter bestimmten Bedingungen zur Verfügung gestellt.

Patient*innen möchten die Forschung mit ihren Daten unterstützen

Omics-Daten sind sensibel und benötigen besonderen Schutz. Patient*innen wissen das. Dennoch sind sie bereit, ihre Daten der Wissenschaft zur Verfügung zu stellen – in der Hoffnung, künftigen Betroffenen mit neuen Entwicklungen und Behandlungsmöglichkeiten zu helfen. Eine Studie mit Krebspatient*innen ergab, dass 97 % grundsätzlich bereit sind, ihre klinischen Daten für die biomedizinische Forschung zur Verfügung zu stellen. Die wichtigste Bedingung für ihre Zustimmung? Eine größtmögliche Datensicherheit. Ein Ziel, das GHGA anstrebt.



Sichere Datenspeicherung an den GHGA-Datenknoten mit dem Zero-Trust-Modell.

Cybersicherheit durch innovative Infrastruktur

GHGA ermöglicht es, hochsensible Omics-Daten in einem einheitlichen, datenschutzkonformen Rahmen zu speichern und zu analysieren. Die Sicherheit der Infrastruktur und der Daten steht hierbei an oberster Stelle. Unsere private Cloud-Umgebung beherbergt alle Daten physisch an GHGA-Datenknoten. Dadurch vereinen wir die Vorteile des modernen Cloud-Computings mit der Datensicherheit und Kontrolle von IT-Infrastrukturen vor Ort. Wir stellen damit sicher, dass keine Ressourcen mit anderen Nutzern geteilt werden und alle Vorschriften eingehalten werden. Darüber hinaus wird auf allen Ebenen der Anwendung das Zero-Trust-Modell umgesetzt: Alle Benutzer*innen, innerhalb oder außerhalb des Netzwerks, durchlaufen eine strenge Identitätsprüfung, bevor sie Zugang zu autorisierten Daten erhalten.

DSGVO-konformer Datentransfer

Sensible personenbezogene Daten, wie humane Omics-Daten, sind durch die europäische Datenschutzgrundverordnung (DSGVO) geschützt. Die Auslegung der DSGVO richtet sich nach dem Land, in dem die Daten verarbeitet werden. Als nationale Initiative befasst sich GHGA mit der Rechtsgrundlage für die Datenverarbeitung in Deutschland. Darüber hinaus arbeiten die GHGA-Expert*innen an Risikobewertungen, De-Identifizierungs- und Anonymisierungsmethoden sowie an einem Verhaltenskodex für eine gemeinsame Datennutzung.

Mehr als nur Gesetze – wie Patient*innen GHGA mitgestalten, Seite 24



Die Datenverwaltenden (Data Stewards) unterstützen die Nutzer*innen beim Hoch- und Herunterladen ihrer Daten sowie bei Fragen zum kontrollierten Datenzugriff.



GHGA setzt sich aktiv für die Einhaltung der Datenschutzvorschriften innerhalb der EU und in internationalen Datenräumen ein. Als Teil von EU-Initiativen wie FAIR Data Spaces und GA4GH gestalten unsere Expert*innen internationale Standards mit. Die grenzüberschreitende Datennutzung fördert die internationale Zusammenarbeit, steigert die Sichtbarkeit der deutschen Forschung und verbessert gleichzeitig die Qualität der Wissenschaft. So wird der Nutzen für die Bevölkerung erhöht.

Einwilligungserklärung: ein Leitfaden für Forschende und Kliniker*innen

In der Regel ist die Zustimmung von Patient*innen und Forschungsteilnehmenden erforderlich, um Omics-Daten und damit verbundene Gesundheitsdaten zu Forschungszwecken weiterzugeben. Wir haben Module entwickelt, die in Einwilligungserklärungen integriert werden können. Diese können von Kliniker*innen, Forschenden und Institutionen genutzt werden, die Daten über GHGA teilen wollen. Die Module informieren Betroffene über die Möglichkeit, ihre Omics-Daten mit Genomarchiven wie GHGA zu teilen.

In dem Bemühen, bereits vorhandene Daten für Forschungszwecke verfügbar zu machen, haben wir eine App entwickelt, die die Beurteilung der rechtlichen Gültigkeit der Datenfreigabe anhand einer beliebigen früheren (Alt-)Einwilligungserklärung unterstützt.



Mehr zu den Hilfsmitteln für Einwilligungserklärungen

Kontrollierter Datenzugriff

Der Datenzugang innerhalb des GHGA Datenportals ist streng kontrolliert. Nur nicht-personenbezogene Metadaten sind öffentlich zugänglich. Forschende, die archivierte Daten nutzen oder personenbezogene Metadaten einsehen möchten, müssen den Zugang beantragen – in der Regel bei der Person oder Institution, die die Daten eingereicht hat. Ein Datenzugriffskomitee (DAC) oder eine vergleichbare Instanz prüft den Antrag, bevor der Zugang gewährt wird. Dieser Schritt stellt sicher, dass nur Forschende mit einem legitimen Forschungsvorhaben Zugriff zu sensiblen Daten erhalten.

Forschende oder Institutionen, die Daten an GHGA übermitteln, sind nach wie vor selbst für die Daten verantwortlich. Es ist ihre Entscheidung, wer Zugriff zu den Daten erhält. GHGA dient in diesem Prozess als Auftragsverarbeiter. Speziell geschulte Datenverwalter*innen (Data Stewards) an den GHGA-Datenknoten werden den Nutzer*innen bei der Einreichung von Daten helfen, sie bei der Verwaltung von Zugriffsanfragen beraten und einen sicheren Zugang über verschlüsselte Downloads ermöglichen.

Der nächste Schritt: Standardisierte Datenanalyse und Interpretation erleichtern

Die Mission von GHGA reicht über die reine Archivierung von Daten hinaus. Wir wollen die einheitliche Auswertung der Daten, die in GHGA gespeichert sind, fördern, indem wir optimierte Analysemethoden bereitstellen und globale Standards für den Datenaustausch und die Auswertung von Daten entwickeln.

Dezentrale Datenspeicherung

Die Entwicklung einer Software, die über mehrere Datenknoten hinweg eingesetzt und gleichzeitig flexibel an die örtlichen Ressourcen angepasst werden kann, erfordert agile Entwicklungs- und Implementierungspraktiken. Wir betrachten Softwareentwicklung und -betrieb als eine Einheit und verwenden eine fortschrittliche, dennoch zuverlässige domain-driven Microservice-Architektur. Um unabhängig von einer bestimmten IT-Infrastruktur zu sein und eine kontinuierliche Bereitstellung sicherzustellen, setzen wir auf Container-Orchestrierung mittels Kubernetes und des damit assoziierten Ökosystems.

Standards und Best Practices

Wir setzen uns intensiv für die Anpassung an nationale und internationale Software-Standards ein und treiben deren Entwicklung voran. So beteiligen wir uns aktiv an den Gemeinschaftsprojekten von NFDI, ELIXIR Europe, nf-core und GA4GH. Beispielsweise wurden in Übereinstimmung mit den GA4GH-Standards Konzepte für die Datenverschlüsselung (Crypt4GH-kompatibel), föderiertes Identitäts- und Zugriffsmanagement (GA4GH Visa- und Passport-kompatibel) und Services zur Ausführung von Workflows (WES, GA4GH-kompatibel und durch Nextflow implementiert) entwickelt.

Kollaborative und standardisierte Datenanalyse

Um aus Rohdaten aussagekräftige Erkenntnisse zu gewinnen, bedarf es einer bioinformatischen Analyse der Daten. Standardisierte Analyseabläufe (auch als Workflows bezeichnet) ermöglichen reproduzierbare und effiziente Forschung und Diagnostik. Unser Ziel bei GHGA ist es, robuste, präzise und reproduzierbare Workflows bereitzustellen, z. B. für die Identifizierung kritischer Variationen innerhalb einer bestimmten Genomsequenz. Dabei nutzen, verbessern und vergleichen wir bestehende Workflows und orientieren uns an den von Netzwerken wie GA4GH, nf-core und NGS-CN definierten Standards.

Studienübergreifende Vergleiche und die gemeinsame Analyse mehrerer Kohorten erfordern eine einheitliche Verarbeitung der Datensätze. GHGA-Workflows werden gemeinsam mit den Forschenden und Netzwerken entwickelt und frei zugänglich gemacht (z. B. über nf-core). Sie können selbständig und lokal von den Nutzer*innen ausgeführt werden. In späteren Phasen von GHGA können die Workflows in einer von den Datenknoten bereitgestellten vertrauenswürdigen Forschungsumgebung genutzt werden. Das macht den Transfer der Daten überflüssig. Unabhängig davon, wo die Workflows ausgeführt werden, werden die Ergebnisse reproduzierbar und vergleichbar sein.

GHGA ist nicht auf sich allein gestellt, sondern arbeitet mit globalen Initiativen zusammen, um gemeinschaftliche Standards für die Nutzung von humanen Omics-Daten festzulegen.



Eine FAIRe Plattform mit Hilfsmitteln zur Verwaltung von Metadaten



Ein sicherer und föderierter Datenspeicher für große Omics-Datensätze



Ein Identitäts- und Berechtigungsmanagement für Nutzer*innen und Zugriffsanfragen



Einhaltung von und Beitrag zu globalen Standards und Lösungen

Das Potential von Forschungsdaten kommunizieren

Die Kommunikationskanäle von GHGA sind vielfältig. So erreichen wir unterschiedliche Zielgruppen mit der gleichen Botschaft: Wenn wir die richtigen Sicherheitsmaßnahmen treffen, ist das Teilen von Daten sicher und entscheidend für den Fortschritt in der Wissenschaft.

Eine Infrastruktur für die Forschungsgemeinde

Wir stehen in ständigem Austausch mit den Datenproduzent*innen und Nutzer*innen von Omics-Daten. Nur wenn wir wissen, was Forschende unterschiedlicher Disziplinen brauchen, können wir eine Plattform bereitstellen, die allen Anforderungen genügt.

Schulung künftiger Wissenschaftler*innen

GHGA bildet Studierende und Forschende durch Vorträge, Webinare und praktische Schulungen im Hinblick auf die Herausforderungen und Möglichkeiten der Omics-Forschung und der gemeinsamen Datennutzung weiter. Unsere Schulungen befassen sich mit Themen wie Metadaten, FAIRe Datennutzung, Einwilligungserklärungen und Datenschutz sowie bioinformatischen Analysemethoden und Statistik – zugeschnitten auf eine Vielzahl von GHGA Communities.



Mehr zu unseren Schulungsangeboten

Omics-Forschung sichtbar machen

GHGA liegt der Austausch mit der Öffentlichkeit am Herzen. Wir wollen das Verständnis für und Vertrauen in die Forschung erhöhen und damit letztlich fundierte Entscheidungen über die gemeinsame Nutzung von Daten ermöglichen. Genomforschung kann lebensretend sein, ist interessant und betrifft uns alle. Daher suchen wir den Dialog mit der Öffentlichkeit, unter anderem durch lokale Veranstaltungen wie Science Slams, Science Pop Up Stores oder unseren Podcast „Der Code des Lebens“.



Hier geht es zu unserem Podcast

Die Sichtweise von Patient*innen einbeziehen

Die aktive Beteiligung von Betroffenen stellt nicht nur sicher, dass wir Verantwortung übernehmen, sondern verbessert auch Forschungsergebnisse. Wenn Patient*innen ein Mitspracherecht an dem haben, was erforscht wird, profitiert letztlich die Versorgung. Durch die Einbeziehung der Patient*innen in die Abläufe von GHGA erhoffen wir uns, die Transparenz zu optimieren und den Betroffenen eine aktive Rolle in den Diskussionen über ihre Daten zu ermöglichen.



Wir sind entschlossen, die Bedürfnisse und Erwartungen der Patient*innen durch aktive und kontinuierliche Beteiligung zu erfüllen.

Dialog mit Betroffenen

GHGA möchte die Erwartungen und Sorgen der Patient*innen verstehen. Schon früh in der Projektplanung wurden Betroffene und Vertreter*innen von Patient*innenverbänden für Seltene Erkrankungen und Krebs in beratenden Foren zu ihren Ansichten bezüglich einer transparenten und vertrauenswürdigen Leitung sowie Verwaltung von GHGA befragt. Durch einen kontinuierlichen Austausch von Ideen und Perspektiven rund um Omics-Daten hoffen wir, die Betroffenen – und nicht nur ihre Daten – zu einem integralen Bestandteil des Wachstums und der Entwicklung von GHGA zu machen.

Den Patient*innen Gehör verschaffen

Durch die Zusammenarbeit mit Betroffenen und ihre Beteiligung an der Verwaltung und Aufsicht von GHGA stellen wir sicher, dass die Stimme der Patient*innen nicht nur gehört wird, sondern auch einen bedeutenden Einfluss hat.

Die Einrichtung eines Patient*innenbeirats gibt den Betroffenen ein direktes Mitspracherecht bei Entscheidungsprozessen. Indem die Sichtweise der Patient*innen in der Öffentlichkeitsarbeit von GHGA einbezogen wird, können Angelegenheiten, die den Patient*innen am Herzen liegen, in den Mittelpunkt gerückt werden.

Die Zukunft der Genommedizin

Die Frage, wie Präzisionsmedizin genau die Menschen erreicht, die von ihr profitieren können, ist eine der größten Herausforderungen in der Onkologie.

Natürliche Selektionsmechanismen führen zur Entstehung molekularer Vielfalt und zur Evolution von Tumoren, was wiederum Resistenzen in der Krebstherapie zur Folge hat. Momentan konzentrieren wir uns bei molekularen Diagnosen meist auf einzelne Gene oder Genpanels, die aus sehr kleinen und alten Gewebeproben gewonnen wurden. Diese Vorgehensweise ist vergleichbar mit historischen Straßenkarten, die keine aktuellen Informationen zu Baustellen, neuen Straßen oder Staus anzeigen. Im Straßenverkehr hat Google Maps altmodischen Karten daher den Rang abgelassen. Um das „Google Maps“-Prinzip in die Versorgung der Patient*innen zu bringen, müssen wir umfassende Omics-Daten mit langjährigen Gesundheitsdaten aus der realen Welt kombinieren. GHGA hat das Potenzial, die Infrastruktur für solche Entwicklungen bereitzustellen, indem es bisher heterogen erhobene und analysierte Omics-Daten vereint und mit den zugehörigen klinischen Daten auf nationaler Ebene verbindet.

“

Wir brauchen einen „Google-Maps-Ansatz“ für die Krebstherapie! GHGA schafft die Infrastruktur, um neue Omics-Ansätze mit klinischen Daten zu kombinieren und somit dynamische Algorithmen auf Basis von Schwarmintelligenz für die Weiterentwicklung der Gesundheitsversorgung zu ermöglichen.

Prof. Dr. Thorsten Schlomm

Professor für Urologie und Direktor der Klinik für Urologie an der Charité – Universitätsmedizin Berlin; Gründer von DNA-Med; GHGA Co-Sprecher für Öffentlichkeitsarbeit





Prof. Dr. Dr. Eva Winkler

Heisenberg-Professorin und Leiterin der Sektion für Translationale Medizinethik am Universitätsklinikum Heidelberg und Geschäftsführende Direktorin des Nationalen Centrums für Tumorerkrankungen (NCT), Heidelberg; GHGA Direktorium und Co-Sprecherin für ELSI



Das Ziel von GHGA ist es, datenbasierte Forschung im Interesse von Patient*innen und der Öffentlichkeit zu ermöglichen. Die Einbeziehung von Patient*innen ist für uns ein integraler Bestandteil dieser Mission. Deshalb arbeiten wir eng mit Patientenvertreter*innen und Patient*innenorganisationen zusammen, um Wege zu definieren, wie eine sinnvolle Beteiligung der Patient*innen in der Entwicklung und Aufsicht von GHGA umgesetzt werden kann. Eine sinnvolle Einbeziehung von Patient*innen in die Forschung wird dazu beitragen, eine Zukunft zu gestalten, in der das Gesundheitssystem die Bedürfnisse und Anliegen derjenigen ernst nimmt, die auf dieses System angewiesen sind.

Prof. Dr. Juliane Winkelmann

Professorin für Humangenetik an der Technischen Universität München und Direktorin des Instituts für Neurogenomik am Helmholtz Munich; GHGA Co-Sprecherin für Öffentlichkeitsarbeit und Co-Koordinatorin des GHGA-Datenknotens in München



“

Bei mehr als der Hälfte der Patient*innen mit Seltene Erkrankungen können wir heute eine molekulargenetische Diagnose mittels Exom- und Genomsequenzierung stellen.

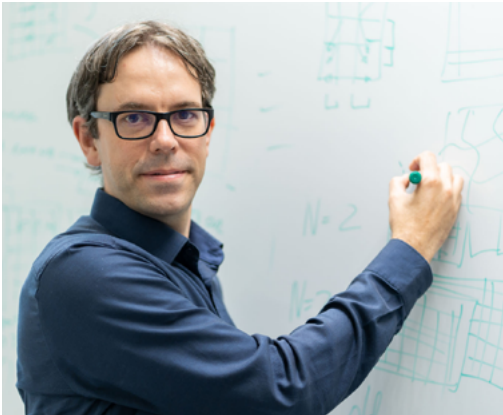
Das ist wichtig, um die Prognose abzuschätzen, unnötige diagnostische Untersuchungen zu vermeiden und auch für die weitere Familienplanung. In einigen Fällen können wir sogar eine spezifische Therapie anbieten.

Den Patient*innen, denen wir noch nicht helfen konnten, können wir im Sinne einer wissensgenerierenden Patient*innenversorgung mit systemischen Multi-Omics-Analysen im Rahmen von Forschungsprojekten helfen und so oft doch noch eine Diagnose stellen. Um Daten zwischen Forschenden auszutauschen und solche Analysen zu erleichtern, gibt es GHGA.



In zehn Jahren sprechen wir hoffentlich nicht mehr von einer Forschungsinfrastruktur, sondern von einer Genomdateninfrastruktur, die sowohl die Forschung als auch die klinische Versorgung auf nahtlos integrierte Weise unterstützt!

GHGA hat seine Wurzeln in der Forschung – gefördert als Teil der NFDI und durch das Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) und die Bundesländer. Die interessante und spannende Frage lautet: Wie können Forschungsbemühungen miteinander verknüpft und mit der klinischen Versorgung verbunden werden?



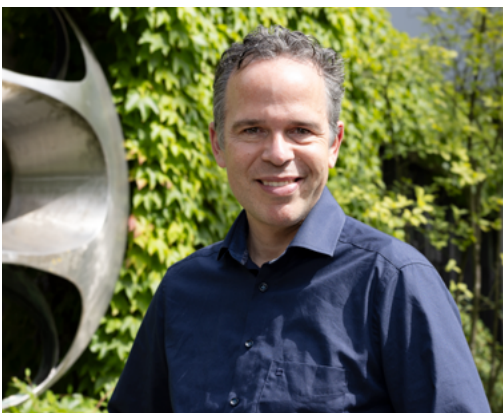
Wenn wir in die Zukunft blicken, sehen wir eine zunehmende Verschmelzung von Forschung und Gesundheitsversorgung. Aber wie können wir einen noch aktiveren Austausch schaffen? Wie können wir mehr Forschungsideen in das Gesundheitssystem einbringen und mehr Ideen zur Förderung der Umsetzung in den Forschungsbereich einbringen?

Wir sind davon überzeugt, dass GHGA einen wichtigen Beitrag zum Erreichen dieser Ziele leisten kann! GHGA ist ein Puzzlestück, um die beiden Welten Patient*innenversorgung und Forschung noch enger miteinander zu verbinden.



Prof. Dr. Oliver Stegle

Leiter der Abteilung Bioinformatik der Genomik und Systemgenetik am Deutschen Krebsforschungszentrum (DKFZ) und Leiter der Gruppe Statistical Genomics and Systems Genetics am Europäischen Laboratorium für Molekularbiologie (EMBL) in Heidelberg; GHGA Direktorium



Prof. Dr.-Ing. Oliver Kohlbacher

Professor für Angewandte Bioinformatik an der Fakultät für Informatik der Eberhard Karls Universität Tübingen, Direktor des Instituts für Bioinformatik und Medizinische Informatik und Direktor des Instituts für Translationale Bioinformatik am Universitätsklinikum Tübingen; GHGA Direktorium

Prof. Dr. Jan Korbel

Leiter der Abteilung Data Science am Europäischen Laboratorium für Molekularbiologie (EMBL) in Heidelberg und Leiter der Abteilung Mechanismen der genetischen Variation und Datenwissenschaft am Deutschen Krebsforschungszentrum (DKFZ); GHGA Direktorium

Impressum

Herausgeber:

Deutsches Krebsforschungszentrum (DKFZ)
Geschäftsstelle GHGA-Konsortium (W620)
Im Neuenheimer Feld 280
D-69120 Heidelberg, Deutschland
Telefon: +49 6221 423601

Chefredakteur: Prof. Dr. Oliver Stegle

Koordination: Dr. Ulrike Träger

Mitwirkende:

Dr. Ulrike Träger, DKFZ; Dr. Nina Gasparoni, Universität des Saarlandes;
Dr. Nicole Schatlowski, Universität Tübingen; Dr. Jan Eufinger, DKFZ und das GHGA-Team

Redaktionelle Leitung:

Prof. Dr. Jörn Walter, Universität des Saarlandes; Prof. Dr. Dr. Eva Winkler, Nationales Centrum für Tumorerkrankungen (NCT); Prof. Dr. Juliane Winkelmann, Helmholtz Munich; Prof. Dr. Jan Korbel, Europäisches Laboratorium für Molekularbiologie (EMBL); Prof. Dr. Oliver Kohlbacher, Universität Tübingen

Kontakt:

✉ contact@ghga.de

🌐 www.ghga.de

🌐 [linkedin.com/company/the-german-human-genome-phenome-archive](https://www.linkedin.com/company/the-german-human-genome-phenome-archive)

Datum: Januar 2024

Bildnachweise:

DIE KAVALLERIE, U.Träger/DKFZ, M. Stark/DKFZ, J. Jäger/Universität Tübingen,
A. Eckert/TUM, S. Ingham/EMBL, Charité

Gestaltung und Layout:

DIE KAVALLERIE

Diese Broschüre ist lizenziert unter CC BY-NC-ND 4.0: der Creative Commons
Namensnennung-Nicht kommerziell-Keine Bearbeitungen 4.0 International Lizenz.

Eine Kopie dieser Lizenz finden Sie unter:

<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/deed.de>

Förderung:

Das GHGA-Konsortium ist ein rechtlich nicht selbstständiger Zusammenschluss von Forschungsinstitutionen aus ganz Deutschland. Es wird von der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) im Rahmen der Nationalen Forschungsdateninfrastruktur (NFDI, Förderkennzeichen 441914366 (NFI 1/1)) gefördert.

In Zusammenarbeit mit



Deutsche
Forschungsgemeinschaft

GHGA

