

Siri – jeg har det ikke så godt. Kan du hjælpe mig?

Eller det kunne være den anden vej rundt: »Hej, det er Alexa, jeg kan se, at der er noget galt, må jeg hjælpe dig?«. Indsamling af personlige og genomiske data vil måske gøre det muligt at få sundhedsråd fra virtuelle assistenter som Amazons Alexa eller Apples Siri, der vil kunne foreslå, hvad vi skal gøre, hvilke produkter vi skal vælge, og hvornår vi bør gå til lægen. Udviklingen vil forandre medicinalindustriens produktsortiment i retning mod behandling af tidlige sygdomstegn – og det vil ændre den kliniske praksis. Behandling baseres på målinger, som opfanger de mindste ændringer i patientens tilstand, og målet med behandlingen vil være at om dirigere patientens forløb og styre patienten tilbage til et sundere område, mens uønskede bivirkninger begrænses til et minimum. For at realisere denne vision kommer vi til at skabe og navigere i database-rede kort over sundhed og sygdom.

Verden over har man iværksat projekter i denne retning. Pasteurinstituttets Milieu Intérieur-projekt [1], hvor man stiler mod at beskrive grænserne for et sundt immunsystem, eller Persimuneprojektet [2] på Rigshospitalet i København, hvor man indsamler data fra patienter med nedsat immunforsvar, er blot to eksempler. De befolkningsbaserede programmer suppleres af initiativer, hvor man fokuserer på cellulære komponenter og genomdata. F.eks. Human Cell Atlas [3], som har til formål at beskrive og forstå alle humane cellers funktioner, eller Human Protein Atlas [4], hvor man stiler mod at kortlægge alle humane proteiner, ligesom man i mange lande har iværksat nationale DNA-sekventeringsprogrammer. Det er en kæmpeopgave at kortlægge sundhed og sygdom holistisk og detaljeret, og fællesprojekter, der skaber og analyserer, p.t. *exabyte data: omics data, real world data og imaging data* fra store og forskelligartede befolkningsgrupper, har stor betydning.

Personlig medicin og datavidenskab er forbundne og omtales ofte sammen. Men medicin har altid være personlig, i og med at lægen tilser en patient og vurderer personen som et unikt tilfælde i sin helt egen livsomstændighed. Det nye består i, at vi er i stand til at karakterisere patientens tilstand med meget stor præcision og mange detaljer, hvilket gør det muligt at træffe individualiserede valg af »hyldevare«-medicin og kombinationer af samme, eller endda at fremstille personlig

medicin *on demand* – skræddersyet til det enkelte individ og dennes tilstand. Selvfølgelig er der mange udfordringer og potentielle risici forbundet med den personlige medicins fagre nye verden. Hvordan kan vi på forhånd sige noget om, hvor godt en behandling virker? Ligesom sikkerheden i et personligt miljø er en udfordring.

Kan vi forudsige effektiviteten af og bivirkningsmønstret ved medicin, som kun er fremstillet én gang i et unikt design til et enkelt menneske? Jo mere unik og personlig behandlingen bliver, jo mere bør den baseres på stoffer, som den enkelte patient med stor sandsynlighed kan tåle. Ud over det kommer vi til at overvåge behandlingen med dybtgående biomarkøranalyser og matematiske modeller, som giver os mulighed for at forudsige den biologiske dynamik. Simuleringer kan give ny biomedicinsk indsigt og bidrage til at forbedre de matematiske modeller. Vi ved, at der skjult i det stadig voksende dataunivers potentielt findes livreddende biomedicinske opdagelser. Opdagelser, som vil være gavnlige for patienterne og måske i sidste ende vil nå dem via deres virtuelle personlige assistent: »Jeg er ked af at høre, at du ikke har det godt, men jeg kan hjælpe dig«.

I temanummeret fokuseres der på både tekniske, kliniske og etiske aspekter af genomisk medicin. Håbet er, at læseren føler sig opdateret på et nyt område og dermed rustet til at modtage både patienter og kolleger.

LITTERATUR

1. Institut Pasteur (Milieu Intérieur). <http://www.milieuinterieur.fr/en> (12. mar 2019).
2. Persimune Centeret. www.persimune.dk/ (12. mar 2019).
3. Human Cell Atlas. <https://www.humancellatlas.org/> (12. mar 2019).
4. The Human Protein Atlas. <https://www.proteinatlas.org/> (12. mar 2019).

LEDER

Magnus Fontes

Ugeskr Læger
2019;181:V70142

KORRESPONDANCE:
Magnus Fontes, Genomisk Medicin, Rigshospitalet.
E-mail: pær.magnus.fontes@regionh.dk

INTERESSEKONFLIKTER:
Forfatterens ICMJE-formular er tilgængelig sammen med artiklen på Ugeskriftet.dk