



Secretaría General Técnica
CONSEJERÍA DE SANIDAD



FONDO EUROPEO DE DESARROLLO REGIONAL
"Una manera de hacer Europa"

PREGUNTAS Y RESPUESTAS

Preguntas formuladas durante el taller del proyecto Medigenomics dentro de la CONSULTA PRELIMINAR AL MERCADO EN EL MARCO DE LOS PROYECTOS DE COMPRA PÚBLICA DE INNOVACIÓN CORRESPONDIENTES A LA 3ª CONVOCATORIA DEL PROGRAMA FID SALUD: MEDIGENOMICS, INTEGRA-CAM E INFOBANCO y preguntas realizadas a través del correo electrónico: cpi.sanidad@salud.madrid.org.

PREGUNTA:

¿Qué funcionalidad se espera del sistema experto? ¿Qué tipos de análisis se quieren realizar sobre los datos?

RESPUESTA:

La funcionalidad del sistema experto reto 1 será la información integrada en un archivo proveniente de voz o texto sea automáticamente estandarizada según nomenclatura estandarizada. Por ejemplo, para nombres de enfermedades utilizar nomenclatura en ICD9, ICD10 o ICD11. (Preferiblemente las 2 últimas). Diagnóstico de enfermedad con nomenclatura en SNOMED o UMLS. Con respecto a los síntomas se espera que la extracción automatizada y estandarizada sea en formato HPO. Con respecto a medicaciones con ID del nombre genérico de la medicación y genes con nomenclatura del ID del gen.

Los datos de entrada y salida del reto 2, los archivos que serán de utilización serán: FASTQ, BAM y VCF. Deberán ser custodiados en el sistema sanitario regional y con la posibilidad de ser introducidos en una herramienta de análisis terciaria.

El acceso a la información del resto 4 (reto de la información científica) aplica lo mismo que al reto 1.

Por último, para el reto 5 (la comunicación con los pacientes y los médicos) se espera a través de los canales habituales: SMS, correo electrónico o lo que el paciente decida.

PREGUNTA:

En el reto 2 se comenta el solape con las otras dos iniciativas. ¿Podrían concretar como se realizaría con Integra-Cam?

RESPUESTA:

Se analizará la respuesta del mercado en este sentido. Se tendrá en cuenta la información enviada de los tres proyectos con el objetivo de lograr la estandarización de la nomenclatura, los lenguajes informáticos, etc. Lo que une a los 3 proyectos será el repositorio centralizado que forma parte de Infobanco a través del lago de datos normalizado y la integración con distintas fuentes. Medigenomics en concreto aportará casos de uso y algunos de dichos casos de uso estarán relacionados con Integra-Cam. Por tanto, es a través de esos casos de uso que se pretende trabajar en la integración e interoperabilidad de los 3 proyectos.



Secretaría General Técnica
CONSEJERÍA DE SANIDAD



FONDO EUROPEO DE DESARROLLO REGIONAL
"Una manera de hacer Europa"

PREGUNTA:

¿Se podrá proponer una solución para solo uno de los retos?

RESPUESTA:

Sí. Se puede aportar una propuesta de manera parcial o de manera integral.

PREGUNTA:

¿Esperáis sacar el pliego con lotes o lote único?

RESPUESTA:

Una vez revisadas y analizadas las propuestas por medio del proceso de consulta preliminar de mercado y tras la publicación del informe de conclusiones se abarcarán estas y otras cuestiones relativas a la licitación.

PREGUNTA:

¿El dispositivo físico / analizador que analiza la muestra y genera el informe, estaría incluido en el alcance del proyecto, debe ser adquirido como parte del proyecto?

RESPUESTA:

Si se refiere al secuenciador no está incluido en el alcance de este proyecto. El alcance del proyecto comienza a partir de los archivos que generan los secuenciadores.

PREGUNTA:

¿La secuenciación genómica, para que tipo de pacientes son? ¿Geriátricos, enfermedades raras, oncológicos?

RESPUESTA:

Sí. Es para cualquier paciente de cualquier patología de cualquier edad y desde cualquier eventual técnico.

PREGUNTA:

¿PubMed es sólo un ejemplo? ¿se puede incluir alguna otra base de datos de conocimiento? ¿O esperáis que el licenciamiento de esta posible Base de Datos esté incluido en el proyecto?

RESPUESTA:

PubMed no es la única ni excluyente. La idea es que el 95 % de la información provenga de PubMed y el 5% restante de otras fuentes de datos. A priori, la compra de la base de datos está incluido en el proyecto. No obstante, se confirmará más adelante los detalles específicos de estas licencias.



Secretaría General Técnica
CONSEJERÍA DE SANIDAD



FONDO EUROPEO DE DESARROLLO REGIONAL
"Una manera de hacer Europa"

PREGUNTA:

¿Cuándo tiene que estar el proyecto finalizado y facturado?

RESPUESTA:

El proyecto tiene que estar finalizado y facturado el 30 de junio del 2023.

PREGUNTA:

¿Se ha previsto incorporar datos de neonatos al proyecto? ¿Hay previsiones de integrar muestras procedentes de cribado neonatal?

RESPUESTA:

En este momento no hay previsto hacer estudios con neonatos. No obstante, sí hay genomas propuestos de niños con enfermedades concretas y se harán estudios a este respecto.

PREGUNTA:

¿Cómo se va a abordar la gobernanza del dato para contactar con aquel paciente que en un principio tras el estudio genético no se le encontró ninguna mutación relevante, pero más adelante, gracias a la nueva evidencia clínica, resulta conveniente retomar el caso? En este sentido, ¿Se va a necesitar aportar ideas o soluciones o herramientas de pseudoanonimización?

RESPUESTA:

La recitación de pacientes ante nuevas evidencias es un tema de la medicina general. Actualmente lo que se hace es consultar la base de datos con el objetivo de recitar a los pacientes y así poder compartir y transmitir la información. En el proyecto Medigenomics se pretende hacer esto de forma semi automatizada. La gobernanza y custodia será la que habitualmente tienen los centros sanitarios y la Comunidad de Madrid. Se va a manejar con la misma rigurosidad y mismos criterios de legalidad y eticidad que tienen el acceso a los datos. Se pretende que los datos crudos sean accesibles para poder hacer las interrogaciones pertinentes siempre y cuando el paciente haya dado su consentimiento.

PREGUNTA:

¿El hardware necesario deberá ser provisto por el adjudicatario o forma parte de la infraestructura propia de la Consejería de Sanidad?

RESPUESTA:

Se analizará la respuesta del mercado en este sentido. Actualmente toda la información referente a pacientes está custodiada y almacenada por servidores de la Comunidad de Madrid. No obstante, se cree que la tendencia es no tener dichos datos en local sino en la nube.

PREGUNTA:

¿Están contemplando cargar en el sistema a desarrollar los resultados de algún workflow obtenido por otro tipo de plataformas proveedoras de análisis genéticos?



Secretaría General Técnica
CONSEJERÍA DE SANIDAD



FONDO EUROPEO DE DESARROLLO REGIONAL
"Una manera de hacer Europa"

RESPUESTA:

Si se refiere a análisis terciarios o a información proveniente de análisis posteriores a la obtención de los datos genéticos de bases de datos la respuesta es sí y no.

Lo que se espera es que la herramienta de análisis terciarios de datos genómicos, es decir el análisis que surja después de la obtención de los archivos informáticos, sea lo suficientemente dúctil para que tenga la cualidad de poder integrar información de otras bases de datos. Ya existen herramientas que se pueden usar para este objetivo y se sugiere la posibilidad de estudiar la opción de hacer acuerdos para integrarla y así no desarrollarla.

PREGUNTA:

Referente a la "genomización" de la medicina, mencionabais que queríais integrar datos genotípicos y datos de salud (fenotípicos, ambientales, ...) ¿podríais desarrollar un poco más el detalle de estos datos de salud y cómo querríais integrarlos en el proceso?

RESPUESTA:

Se pretende la integración de todos los datos clínicos que deberán estar estandarizados, por ejemplo, en formato de texto libre, y además estarán también estandarizados en la nomenclatura mencionada.

PREGUNTA:

en cuanto a esa evidencia clínica que hiciera que esa mutación pasara a ser accionable - mencionáis PubMed como principal fuente, pero pretendéis también que se active cuando p.ej. haya novedades terapéuticas en estadios más tempranos como ensayos clínicos?

RESPUESTA:

En general, PubMed será la base de datos a utilizar, aunque existen múltiples fuentes de información adicional. No obstante, solo se integrará a la historia clínica del paciente los datos del comité de experto científicamente probados y medicamento accionables.

PREGUNTA:

¿Podríais desarrollar un poco más por favor cómo pretendéis que sea ese acceso a la información genética por capas?

RESPUESTA:

En un estudio del genoma completo se encuentra toda la información genómica del paciente está disponible. Pero de toda esta información el paciente solo puede estar interesado en una parte. Por ejemplo, el ciudadano puede autorizar que ante nuevos medicamentos se pueda conocer si existe o no toxicidad de ese medicamento en función de la información genómica. Esta es la capa de la farmacogenética. Otro ejemplo: personas que podrán decidir si son portadores sanos de enfermedades recesivas. Otras podrán elegir saber si existe susceptibilidad para enfermedades de riesgo tumoral. Eso sería el análisis por capas y cada persona tendrá la



Secretaría General Técnica
CONSEJERÍA DE SANIDAD



FONDO EUROPEO DE DESARROLLO REGIONAL
"Una manera de hacer Europa"

potestad de poder decidir qué cosas quiere saber y cuales no de la totalidad de su información genómica.

PREGUNTA:

Para poder hacer el entrenamiento también de los algoritmos del reto 1 ¿se facilitarán también informes "tipo", aunque dispares, de esos 500 genomas?

RESPUESTA:

Sí, se facilitarán los informes tipo sobre los 500 genomas. Además, se contará con la información de los análisis clínicos e información de genomas existentes en el proyecto de Integra-Cam para realizar dicho entrenamiento.

PREGUNTA:

¿La herramienta de análisis terciario que comentáis hay que proponerla en la consulta?

RESPUESTA:

Sí hay que proponerla. Se presupone incluida en el reto 2 que empieza en los archivos que salen de cualquier secuenciador y acaba con el análisis primario, la calidad el análisis secundario, el call de las variantes, el análisis terciario que es el que sugiere cuales son las variantes y las clasifica y su integración en la HCE. Todo el proceso debe estar resuelto. Se pretende integrar soluciones ya existentes.

PREGUNTA:

¿Se pueden presentar a la consulta varias empresas conjuntamente?

RESPUESTA:

Sí, las empresas pueden presentarse a la consulta de manera colaborativa o en alianza si lo prefieren.

PREGUNTA:

¿A qué se refieren con el acceso a la información de forma gradual/mediante capas por parte del paciente? ¿Cuáles serían las distintas capas?

RESPUESTA:

Las distintas capas son las que los pacientes o individuos permitan que se analicen en sus estudios genómicos. Algunos pacientes permitirán un análisis global total de toda su información genómica y otros sólo la parte farmacogenética, o de riesgo tumoral, pero no querrán saber si son portadores de enfermedades recesivas, por ejemplo.

PREGUNTA:

¿Se esperan nuevos desarrollos ad hoc, soluciones comerciales innovadoras ya existentes y/o una combinación de ambos? ¿en qué porcentajes?

RESPUESTA:



Secretaría General Técnica
CONSEJERÍA DE SANIDAD



FONDO EUROPEO DE DESARROLLO REGIONAL
"Una manera de hacer Europa"

Al ser este un proceso de compra pública de innovación, no se espera que las entidades propongan ya una solución de mercado. Sí se pretende que se haga un ejercicio de qué cosas innovadoras se pueden proporcionar en el marco de los proyectos de la Consejería de Sanidad.

PREGUNTA:

¿Cómo se gestionará la propiedad intelectual de la solución?

RESPUESTA:

Actualmente no podemos facilitar información sobre la gestión de derechos de propiedad intelectual. Se analizará la respuesta del mercado en este sentido.

PREGUNTA:

En la presentación anterior había toda una parte de gestión de extracción y preparación de librerías. ¿Eso ha desaparecido del CPM?

RESPUESTA:

La gestión y preparación de librerías tiene que estar dentro del proceso del reto 2, como parte del proceso

PREGUNTA:

¿Cuál es la Web creada para consultar las Bases?

RESPUESTA:

La web es la siguiente: www.cpsanidadcm.org

PREGUNTA:

¿Estarán disponibles en la Web los webinars del día de hoy? ¿enviarán enlace para poder volver a visualizarlos con más calma?

RESPUESTA:

Sí. En la web de los proyectos se compartirá los videos de los talleres informativos para que puedan visualizarlos con detenimiento.

PREGUNTA:

¿Habrà algún tipo de integración a la hora de recogida de información, además de voz y texto, de imagen médica?

RESPUESTA:

En un principio no se contempla la integración de imagen médica.

PREGUNTA:

¿Por qué es importante el procesamiento de la voz?



Secretaría General Técnica
CONSEJERÍA DE SANIDAD



FONDO EUROPEO DE DESARROLLO REGIONAL
"Una manera de hacer Europa"

RESPUESTA:

la tendencia en el historial electrónico es que no hay interacción con los pacientes, por esto se produce una pérdida de humanización, es por tanto relevante grabar la consulta para que el medico explore al paciente y le permita interactuar detenidamente con él.

Desde que hay HCE la tendencia es que no hay apenas interacción con los clientes y se ha perdido una parte de humanización en este proceso de recogida de datos de forma electrónica. Por tanto, se quiere grabar la consulta para que el médico no tenga que hacer esa recopilación de datos y se mejore la interacción. La herramienta por tanto debe ser capaz de identificar las palabras claves que tienen que ver con las bases de datos relevantes. Por tanto, debe tener la capacidad para identificar y extraer esos datos e integrarlos

PREGUNTA:

¿Cuántas muestras se esperan secuenciar anualmente? Dado que los análisis y la integración de la información en pacientes con, por ejemplo, enfermedades raras y cáncer, puede ser muy distinto, entiendo que estas propuestas son generalistas, es decir información mínima común en primeras fases, y luego se buscarían soluciones más específicas en una segunda fase. ¿He entendido bien?

RESPUESTA:

Es una herramienta que pretende poner la estructura y el esqueleto para toda la Comunidad de Madrid, por tanto, no se puede calcular la cantidad de estudios que se incluirán a largo plazo. Lo que sí se puede confirmar es que el proyecto en el plazo de tiempo en el que se va a ejecutar va a utilizar 500 genomas.

RESPUESTA:

La secuenciación genómica estará dirigida a cualquier paciente de cualquier edad con cualquier patología y desde cualquier eventual técnico.

PREGUNTA:

¿El proyecto se orienta a una versión del genoma humano en concreto (hg19 vs hg38)?

RESPUESTA:

Se orienta a la última versión pero debe contemplar la posibilidad de liftovers con otras versiones del genoma.

PREGUNTA:

Las herramientas de análisis bioinformático (especialmente secundario y terciario) no son estándar y están en constante evolución. No sería procedente establecer como hito el reanálisis de los datos de secuenciación? Existe un gran margen de mejora en la identificación de hallazgos genéticos relevantes por la mejora en las herramientas de análisis. Quizás esto sea tenga un impacto tan grande como la reevaluación de los hallazgos en base a la nueva evidencia.



Secretaría General Técnica
CONSEJERÍA DE SANIDAD



FONDO EUROPEO DE DESARROLLO REGIONAL
"Una manera de hacer Europa"

RESPUESTA:

Si, esto está también dentro del scope del proyecto y debe ser propuesto también dentro del reto

PREGUNTA:

¿Cuándo se habla de 500 genomas, se trata de genomas completos?

RESPUESTA:

Sí, se tratan de 500 genomas completos. A través de una licitación ordinaria se obtendrán los 500 archivos informáticos de los 500 genomas que permitirán hacer de entrenamiento del proceso.

PREGUNTA:

¿Existe alguna visión sobre el volumen de paneles, exomas y genomas completos que se quieren manejar a tres años vista?

RESPUESTA:

No tiene una visión por ahora. No obstante, se declara que en el peor de los casos se necesitarían 6,7 genomas para todos los habitantes de Madrid.

PREGUNTA:

Los ficheros FASTQ, BAM y VCF, ¿tienen que estar almacenados en bases de datos residentes en el hospital o se plantean la posibilidad de almacenar esos ficheros en la nube?

RESPUESTA:

Actualmente no podemos facilitar información sobre si se podrán almacenar en la nube. Entendemos que como es información sensible probablemente necesitemos que estén alojados en servidores locales del SERMAS. No obstante, se analizará la respuesta del mercado en este sentido.

PREGUNTA:

¿Qué papel juega en este proyecto el CMAG (Centro Madrileño de Análisis Genómico)? ¿Se encargará del análisis secundario, por ejemplo?

RESPUESTA:

Se pretende desarrollar una herramienta que pueda ser utilizada por cualquiera dentro del Sistema Sanitario de la Comunidad de Madrid

PREGUNTA:

Este proyecto va a suponer un importante consumo de almacenamiento ¿hay que proponer una solución de almacenamiento o se encarga la DGSIS?

RESPUESTA:



Secretaría General Técnica
CONSEJERÍA DE SANIDAD



FONDO EUROPEO DE DESARROLLO REGIONAL
"Una manera de hacer Europa"

Se esperará a conocer las propuestas ofrecidas por las empresas. Se espera que se ofrezca una solución en la nube, aunque luego será la Comunidad Madrid custodiará la que custodie la información en la misma dinámica que el resto de la HCE. No se pretende alterar el sistema ya establecido.

PREGUNTA:

¿Cuándo se habla de 500 genomas, se trata de genomas completos o exomas?

RESPUESTA:

Se refieren a genomas completos

PREGUNTA:

¿Existe alguna visión sobre el volumen de paneles, exomas y genomas completos que se quieren manejar a tres años vista?

RESPUESTA:

Se hará un proyecto piloto con 500 genomas que serán los que se utilizarán como prueba de concepto para el entrenamiento de todo el sistema

PREGUNTA:

¿El paciente o servicio social envía datos al profesional clínico? ¿De manera reactiva o proactiva?

RESPUESTA:

Todas las fuentes de información para poder obtener la información estandarizada serán utilizadas

PREGUNTA:

¿Habría problema en que se presente una empresa extranjera?

RESPUESTA:

No hay problema en que una empresa extranjera se presente en el proceso de consulta. Se puede presentar cualquier entidad, persona física o jurídica. En la licitación sí se deberá tener en cuenta que la empresa debe ser o pertenecer de algún país miembro de la Unión Europea.

PREGUNTA:

¿El reto 3 pretende utilizar un archivo/repositorio de datos ya existente, o se espera uno específico para este proyecto?

RESPUESTA:

El reto 3 es la custodia y almacenamiento y protección de los datos y la posibilidad del personal sanitario de acceder a ellos e interrogarlos.

PREGUNTA:



Secretaría General Técnica
CONSEJERÍA DE SANIDAD



FONDO EUROPEO DE DESARROLLO REGIONAL
"Una manera de hacer Europa"

El sistema de EHR varía según el hospital. ¿La idea sería desarrollar una solución en un hospital, y luego escalar a otros centros? ¿Cuál sería la ambición del proyecto en este sentido? Hay alguna conexión con otras iniciativas a nivel nacional, como el programa IMPaCT, ¿o la estrategia nacional de medicina personalizada?

RESPUESTA:

Las historias clínicas electrónicas de los hospitales tienen varios sistemas, pero están integrados en la aplicación que es común a toda la Comunidad de Madrid. El alcance inicial consiste en hacerla en los dos sistemas principales (Selene y de HP) e integrando primaria y utilizando hospitales como banco de pruebas.

Respecto a las conexiones, técnicamente no hay conexiones específicas y por tanto no hay solapamientos con el proyecto nacional de medicina de precisión.

PREGUNTA:

Para la parte de actualización de EHR según la evidencia científica recientemente publicada, ¿este será un proceso automático? ¿Habrá una revisión por parte de los genetistas antes de que esta info se vuelque a los sistemas de información?

RESPUESTA:

No será automática. Habrá una revisión por parte de unos expertos que decidirán qué información es validada para entrar en el proceso de interrogación y cual no. Se incluirá solo información validada científicamente y accionable.

PREGUNTA:

¿La información generada en este proyecto estaría integrada o podría ser explotada en la plataforma desarrollada por INFOBANCO?

RESPUESTA:

Los esfuerzos de integración y optimización van a ser máximos, por ello cuando finalice este proceso de consultas con las propuestas de las empresas, se buscará los objetivos de optimización en común para los 3 proyectos con el objetivo también de no duplicar esfuerzos y homogeneizar lenguajes tanto informáticos como médicos.

PREGUNTA:

Respecto a la integración y actualización con la HCE, ¿entiendo que la propia HCE pertenece a otro proyecto o ya existe y no está dentro del alcance de este proyecto, es correcto?

RESPUESTA:

Las HCE ya existen. Lo que se necesitarán son las herramientas de conexión y entendimiento entre los distintos sistemas para que la información se pueda integrar.

PREGUNTA:



Secretaría General Técnica
CONSEJERÍA DE SANIDAD



FONDO EUROPEO DE DESARROLLO REGIONAL
"Una manera de hacer Europa"

¿Qué expectativas hay respecto a las "alertas" al dispositivo personal dentro del alcance de este proyecto? ¿Correspondería al proyecto de HCE y nos limitamos aquí a la integración de datos?

RESPUESTA:

La expectativa es máxima, es decir, se espera que se le pueda notificar al paciente todo lo que el paciente ha permitido que se le notifique: nueva información genética, nueva información o riesgos farmacogenéticos, etc.

PREGUNTA:

En el reto 2 ¿se incluye la generación y captación de datos estructurados desde el laboratorio en adición al informe del sistema de análisis terciario? En otras palabras ¿Los sistemas de gestión de laboratorio se incluyen en este reto? (proceso de validación del informe generado por la plataforma, fusión con otras fuentes de datos, etc.)

RESPUESTA:

Si, así es.

PREGUNTA:

¿Cuál es el plazo (día y hora) límite para el envío de dudas o consultas? ¿Cuál será la fecha límite para la respuesta por parte del organismo a las consultas de los participantes?

RESPUESTA:

La fecha límite de presentación de propuestas es el 28 de marzo, hora límite a las 23:59. No hay una fecha límite para dar respuesta fijado. Intentaremos abarcar todas las preguntas que nos enviéis. Os recomendamos que en caso de duda nos hagáis llegar vuestra preferencia ya que el objetivo del proceso de consulta es analizar la respuesta del mercado. Os recordamos que dicho proceso no es vinculante con las respuestas que enviéis en el proceso de licitación.

PREGUNTA:

En cuanto a la captura automática de información desde texto, ¿Pueden aportar más información sobre el origen y tipo de los datos, así como su destino y algún caso de uso como ejemplo? En cuanto a capturar información desde voz: ¿Se trata de transcribir información de voz a texto que el facultativo dicta a un micrófono durante o después de la consulta? ¿Se pretende capturar en tiempo real información relevante de una conversación médico-paciente?

RESPUESTA:

El origen de los textos puede ser múltiple, desde informes en fotocopias de informes antiguos a ficheros en Word o PDF. Debe darse una solución para la captación de todo tipo de texto. El destino es análisis de la información capturada y su codificación acorde a los estándares habituales médicos



Secretaría General Técnica
CONSEJERÍA DE SANIDAD



FONDO EUROPEO DE DESARROLLO REGIONAL
"Una manera de hacer Europa"

(HPO; SNOMED, CIE 10, etc.). En cuanto a la voz, es similar, primero el paso a texto y a continuación como lo explicado en el párrafo anterior

PREGUNTA:

Nos gustaría saber si el análisis secundario de los datos de secuenciación es un requerimiento. Es decir, ¿el análisis de los 500 genomas del proyecto comienza en datos crudos (BCL/FASTQ) o en VCF?

RESPUESTA:

No es requerimiento solucionar el análisis secundario. Comienza con los ficheros VCF o gVCF pero requiere de que los BCL, FASTQ y BAM estén disponibles.

PREGUNTA:

Nos gustaría saber qué tipo de variación genómica quiere incluirse en los informes clínicos. ¿SNVs, Indels (pequeños, medianos), CNVs, reordenamientos (aneuploidias), UDPs, etc.?

RESPUESTA:

Si, se requiere el análisis de todos los tipos de variantes.

PREGUNTA:

¿Qué tipo de información quiere extraerse de la literatura médica? Es decir, ¿relacionada con genes, proteínas, enfermedades, fenotipos, variantes genéticas concretas, etc.? Por otro lado, estaríamos interesados en conocer con qué periodicidad se quiere actualizar ese conocimiento o se requiere que se haga con cada revisión del caso e informe generado

RESPUESTA:

Exactamente, toda esa información y sobre todo la que esté ligada a genes y variantes accionables a nivel médico. La periodicidad será de aproximadamente una vez por mes.

PREGUNTA:

¿La APP que conecta al paciente con sus datos genómicos (punto 5) se integra con la aplicación de salud de la CAM o es independiente de esta?

RESPUESTA:

Debe ser una herramienta independiente de ésta pero que tenga la posibilidad de conectarse con ella, mediante aplicación o similar.