

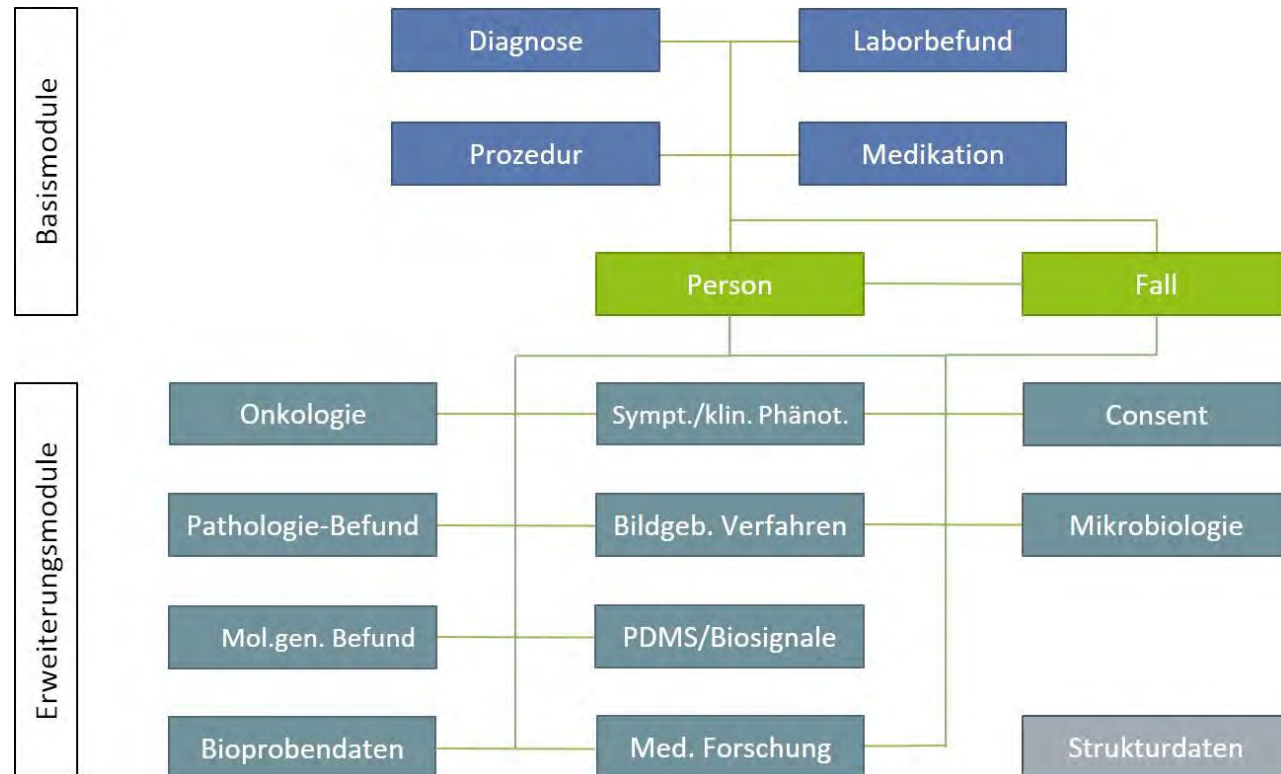
# Das Kerndatensatz Modul *Biobank* - *Bioprobendaten* der Medizininformatik Initiative

**Noemi Deppenwiese**

Datenintegrationszentrum, Universitätsklinikum Erlangen

## Hintergrund: Der Kerndatensatz der MI-I

- ▶ Besteht aus Basis- und Erweiterungsmodulen
- ▶ Module können sich untereinander referenzieren
- ▶ Technische Umsetzung in HL7® FHIR®
- ▶ Veröffentlichung eines FHIR Implementation Guides (IG) pro Modul

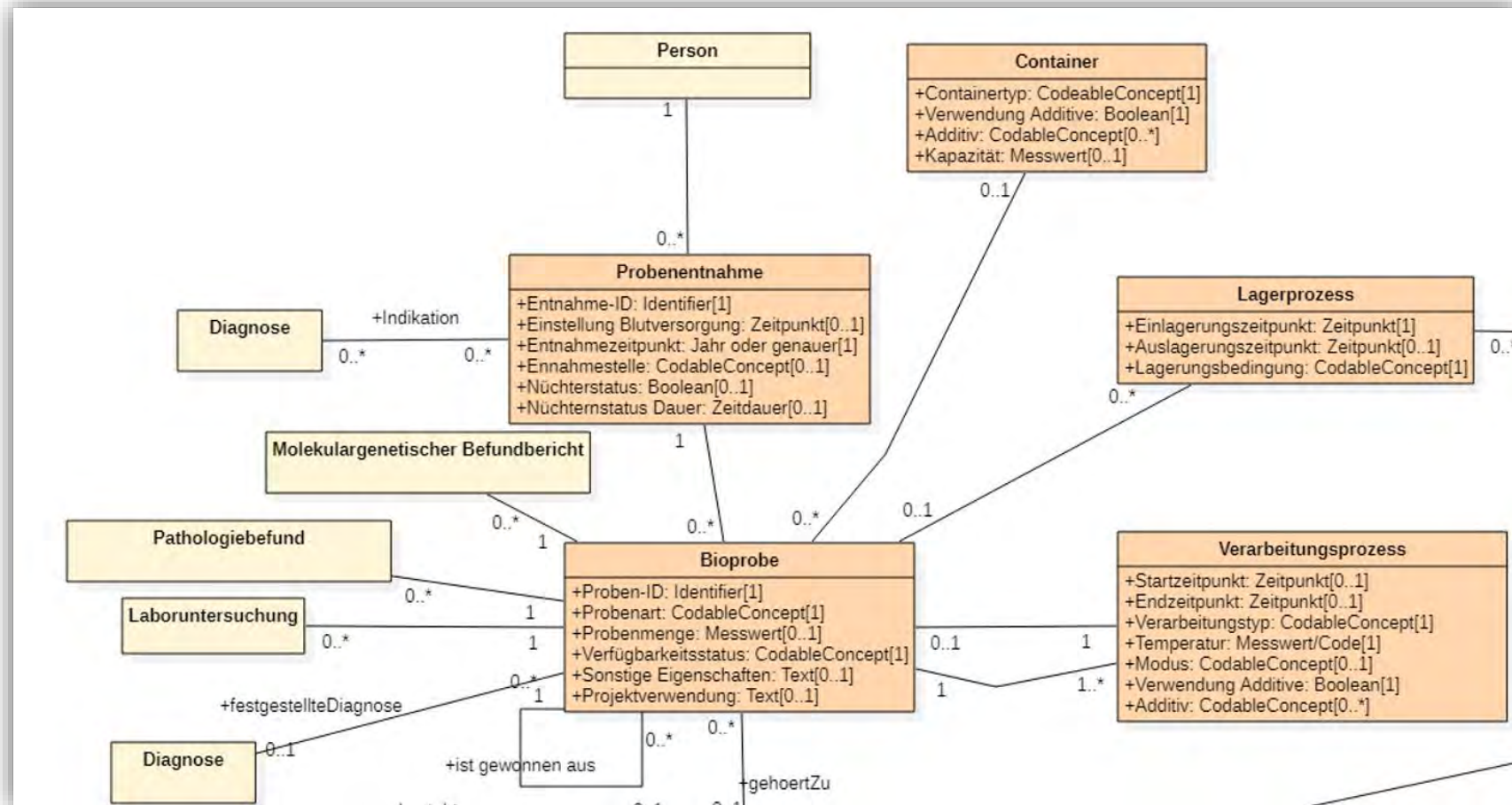


<https://www.medizininformatik-initiative.de/de/der-kerndatensatz-der-medizininformatik-initiative>

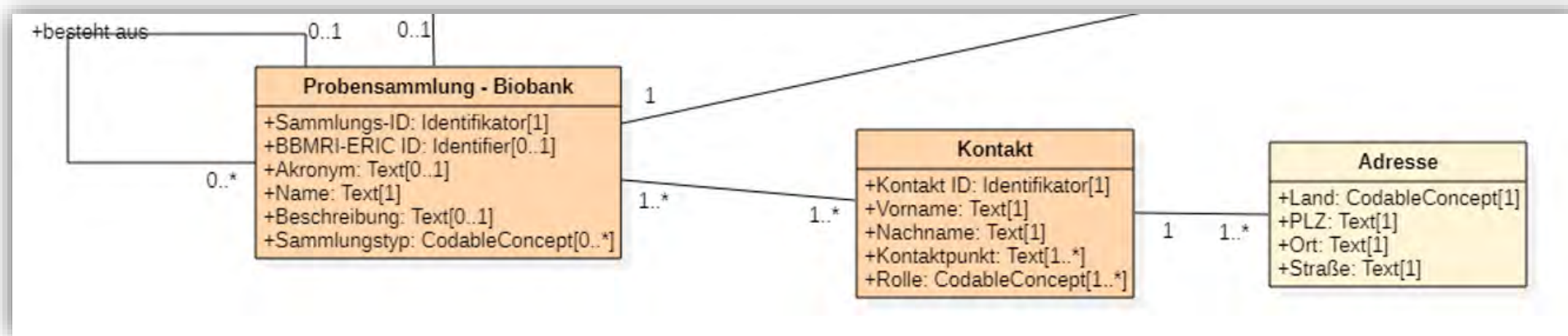
## Das Erweiterungsmodul *Biobank - Bioprobendaten*

- ▶ ... ist ein *Erweiterungsmodul* des Kerndatensatzes
- ▶ ... umfasst Informationen zu *Bioprobe*n
- ▶ ... umfasst Informationen zu *Probensammlungen* und *Biobanken*
- ▶ ... wurde von einem konsortienübergreifenden Team der MI-I entwickelt
- ▶ ... wurde mit Biobank-Expert:innen der Konsortien entwickelt
- ▶ ... wurde in Absprache mit der *German Biobank Alliance* und der TMF AG Biobanken entwickelt
- ▶ ... wurde unter Einbeziehung internationaler Standards entwickelt
- ▶ ... liegt in der verabschiedeten Version 1.0 vor

# Modulumfang I



## Modulumfang II



# FHIR Repräsentation

## Medizininformatik Initiative - Modul Biobank - ImplementationGuide

- IG MII KDS Modul Biobank
  - Beschreibung Modul 'Biobank'
  - Kontext im Gesamtprojekt / Bezüge zu an...
  - Referenzen
  - Anwendungsfälle / Informationsmodell
    - Beschreibung von Szenarien für die An...
    - Datensätze inkl. Beschreibungen
    - UML
  - Technische Implementierung
    - FHIR Profile
      - Organization (Sammlung/Biobank)
        - Extensions
      - Specimen (Bioprobe)
        - Extensions
        - Suchparameter
        - Substance (Additiv)
    - Terminologien

### Kerndatensatz Modul 'Biobank'

Die vorliegende Spezifikation beschreibt die FHIR Repräsentation des Kerndatensatz Moduls 'Biobank' der Medizininformatik Initiative. Im Folgenden werden die Use Case des Moduls, sowie die dazugehörigen FHIR Profile und Terminologie Ressourcen in ihrer verbindlichen Form beschrieben.

Veröffentlichung	
Datum	11.03.2022
Version	1.0
Status	Active
Realm	DE

→ Probensammlung/Biobank

Inhaltsverzeichnis → Bioprobe

- IG MII KDS Modul Biobank
- Beschreibung Modul 'Biobank'

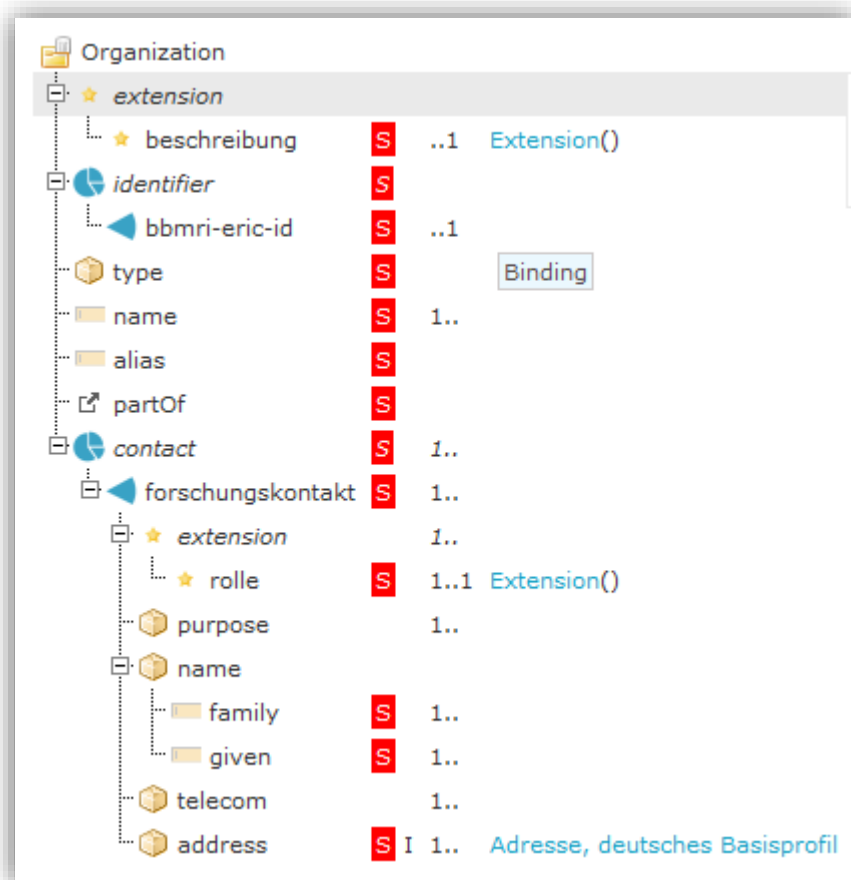
[https://www.medizininformatik-initiative.de/Kerndatensatz/Modul\\_Biobank/IGMIKDSModulBiobank.html](https://www.medizininformatik-initiative.de/Kerndatensatz/Modul_Biobank/IGMIKDSModulBiobank.html)

## FHIR – Profil: Specimen

Element	Profile	Cardinality	Type	Binding
Specimen	I		Specimen	
extension	I	0..*	Extension	
festgestellteDiagnose	S I	0..1	Extension(Reference(Condition))	
gehörtZu	S I	0..1	Extension(Reference(Profile - Organization - ...))	
identifier	S Σ	0..*	Identifier	
accessionIdentifier	Σ	0..1	Identifier	
status	S Σ ?!	1..1	code	Binding
type	S Σ	1..1	CodeableConcept	
subject	S Σ I	1..1	Reference(Patient)	
receivedTime	Σ	0..1	dateTime	
parent	S I	0..*	Reference(Specimen)	
request	S I	0..*	Reference(ServiceRequest)	
collection	S	1..1	BackboneElement	
processing	S	0..*	BackboneElement	
container	S	0..*	BackboneElement	
identifier	Σ	0..*	Identifier	
description		0..1	string	
type	S	1..1	CodeableConcept	Binding
capacity	S I	0..1	SimpleQuantity	
specimenQuantity	S I	0..1	SimpleQuantity	
additive[x]	S	0..1		
condition	Σ	0..*	CodeableConcept	Binding
note	S	0..*	Annotation	

- ▶ Relevante Felder sind mit **Must Support** markiert
- ▶ Datentypen aus dem FHIR-Standard
- ▶ Kardinalitäten und Datentypen sind verpflichtend
- ▶ „Offene“ Profilierung: Zusätzliche Daten dürfen vorhanden sein
- ▶ Maschinenlesbare Definition des Profils zur Validierung der lokal erstellten Ressourcen verfügbar

## FHIR – Profil: Organization



- ▶ Kann Sammlung oder Biobank darstellen
- ▶ Angabe des *type* nach Vorgaben von MIABIS
- ▶ Optionale Angabe einer BBMRI-ERIC Id
- ▶ Verschachtelung zur Darstellung komplexerer Organisationsstrukturen möglich



## Verwendung von SNOMED CT

- ▶ Semantische Codierungen idR mit SNOMED CT (SCT)
  - ▶ Probenotyp
  - ▶ Containertyp
  - ▶ Additive
  - ▶ Verarbeitungstyp
  - ▶ Entnahmestelle
- ▶ Zentrifugation: Verwendung spanischer SCT Codes (1:1 SPREC Werteliste)
- ▶ Mapping lokaler Codierungen nötig
- ▶ (kostenfreie) Lizenz zur Nutzung von SCT nötig (National Release Center)

## Das Modul *Biobanken* & SPREC 3.0

- ▶ In SPREC enthaltene Informationen auch im KDS Modul vorhanden
- ▶ Mapping von SPREC nach SCT unter Terminologien und maschinenlesbar als ConceptMap verfügbar

### Mappings

Die im Folgenden aufgeführten Mappings sind als ConceptsMaps maschinenlesbar als Teil des [zu diesem IG gehörenden Packages](#) verfügbar und können z.B. als Teil eines ETL-Prozesses oder mit einem Terminologieserver genutzt werden.

### Probenotypen

Die Codes werden typischerweise im Specimen.type verwendet werden.

#### Source

ASC (Ascites fluid)  
 AMN (Amniotic fluid)  
 BAL (Bronchoalveolar lavage)  
 BLD (Blood (whole))  
 BMA (Bone marrow aspirate)  
 BMK (Breast milk)

#### EquivalenceDestination

equivalent 309201001 (Ascitic fluid sample (specimen))  
 equivalent 119373006 (Amniotic fluid specimen (specimen))  
 equivalent 258607008 (Bronchoalveolar lavage fluid sample (specimen))  
 equivalent 420135007 (Whole blood (substance))  
 equivalent 396997002 (Specimen from bone marrow obtained by aspiration (specimen))  
 equivalent 446676001 (Expressed breast milk specimen (specimen))

- ▶ Achtung: Teilweise mehrdimensionale Mappings
  - ▶ z.B. Primärcontainer -> Container.type + Container.additive

## Ausblick

- ▶ Erste Nutzung des Modules im MI-I Use Case "Aligning Biobanking and DIC Efficiently" (ABIDE\_MI)
- ▶ Nach 1.0 ist vor 1.1 (oder 2.0) → Feature Requests willkommen
  - ▶ [chat.fhir.org](https://chat.fhir.org), Stream [german/mi-initiative](https://www.twitch.tv/german/mi-initiative)

**DANKE** an alle Mitwirkenden, insbesondere den Expert:innen der Konsortien, GBN und TMF AG Biobank Mitgliedern sowie allen, die sich an der Kommentierung des Modules beteiligt haben