

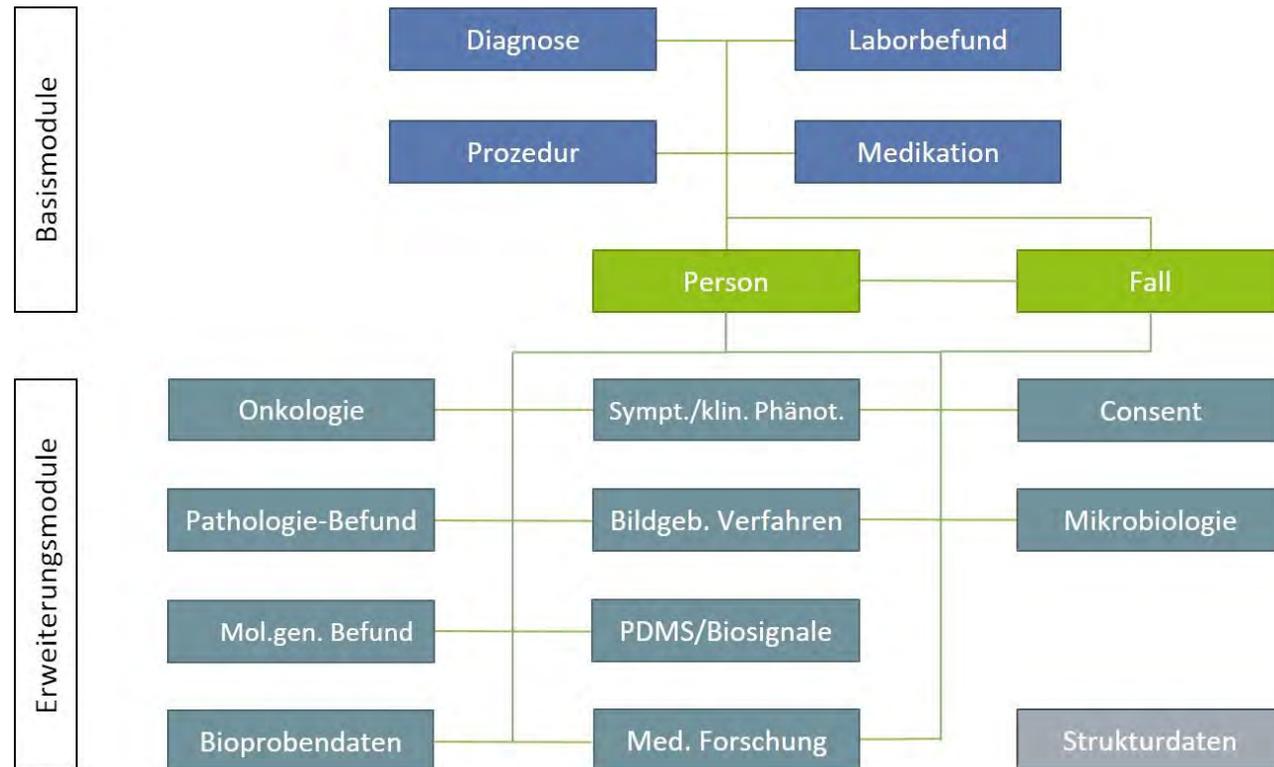
Das Kerndatensatz Modul *Biobank* - *Bioprobendaten* der Medizininformatik Initiative

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

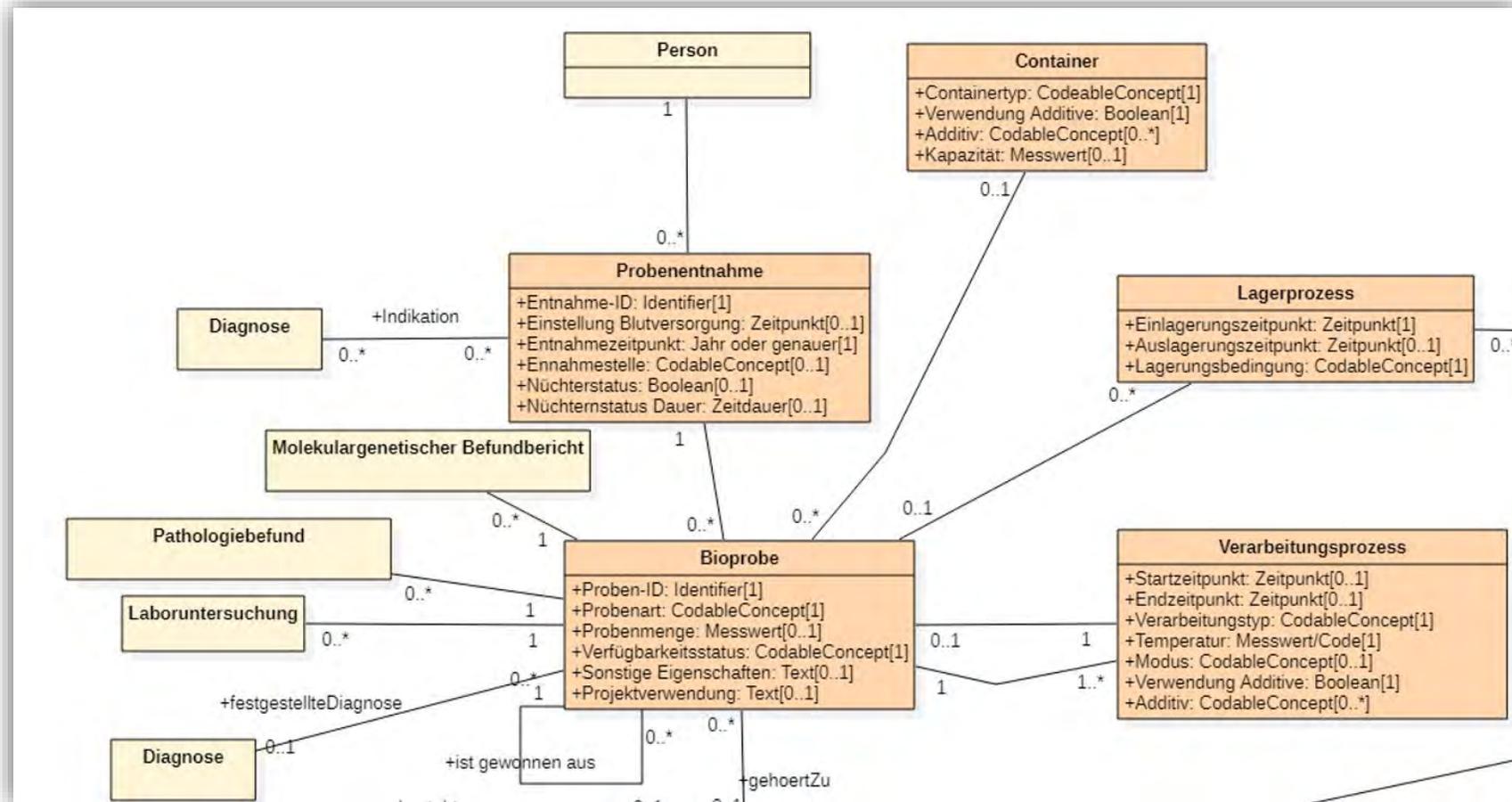


<https://www.medizininformatik-initiative.de/de/der-kerndatensatz-der-medizininformatik-initiative>

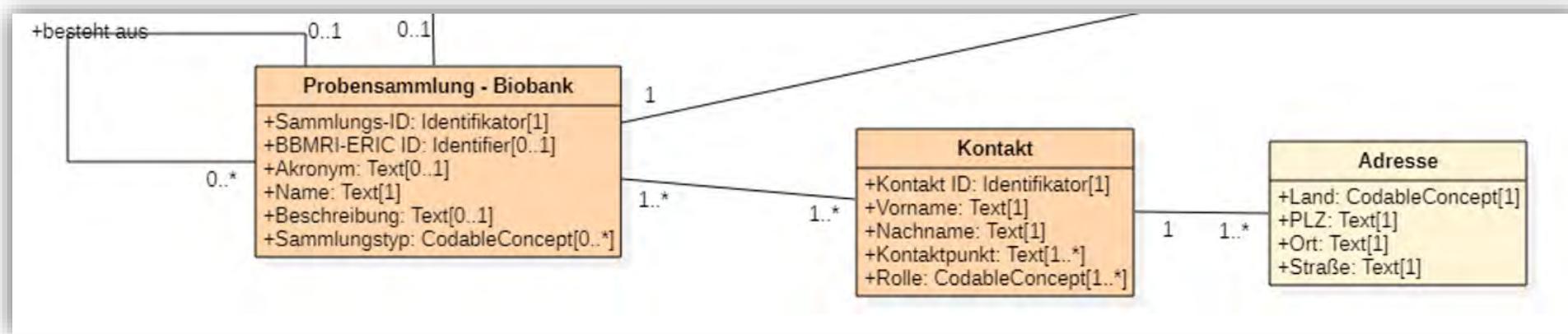
Das Erweiterungsmodul *Biobank - Bioprobendaten*

- ▶ ... 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'

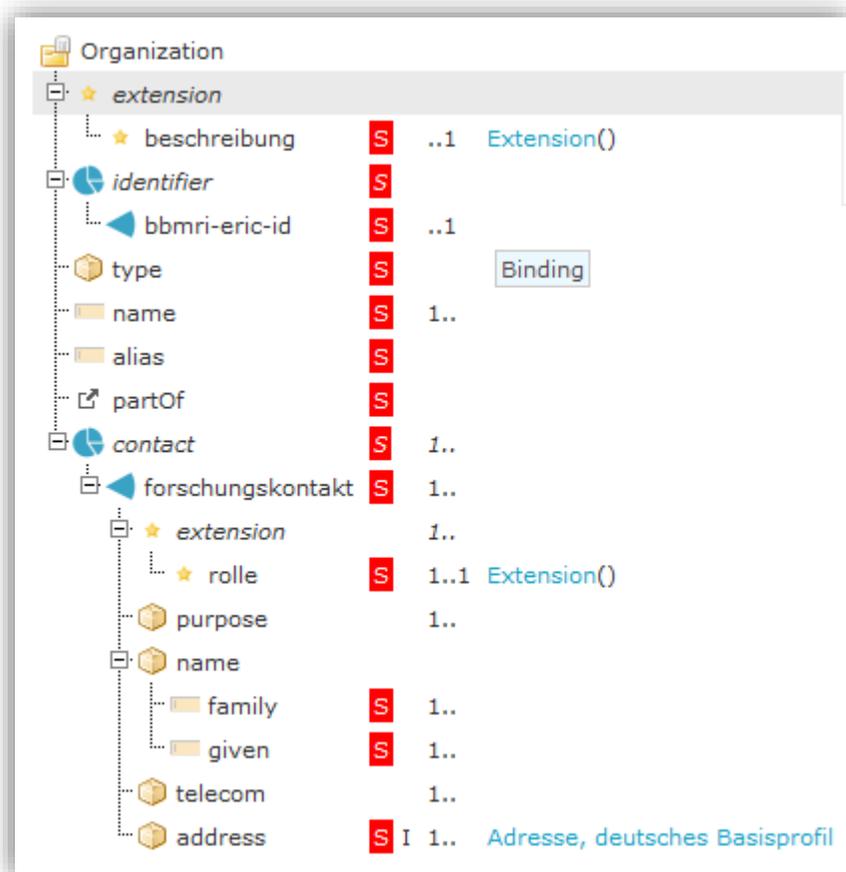
https://www.medizininformatik-initiative.de/Kerndatensatz/Modul_Biobank/IGMIKDSModulBiobank.html

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	Equivalence	Destination
ASC (Ascites fluid)	equivalent	309201001 (Ascitic fluid sample (specimen))
AMN (Amniotic fluid)	equivalent	119373006 (Amniotic fluid specimen (specimen))
BAL (Bronchoalveolar lavage)	equivalent	258607008 (Bronchoalveolar lavage fluid sample (specimen))
BLD (Blood (whole))	equivalent	420135007 (Whole blood (substance))
BMA (Bone marrow aspirate)	equivalent	396997002 (Specimen from bone marrow obtained by aspiration (specimen))
BMK (Breast milk)	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, 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