MII Erweiterungsmodul Mikrobiologie

Informationsmodell

Eugenia Rinaldi
Core Unit digital Medicine and Interoperability Berlin Institute of Health
5 Dezember 2023

Berlin Institute of Health @Charité

Autoren

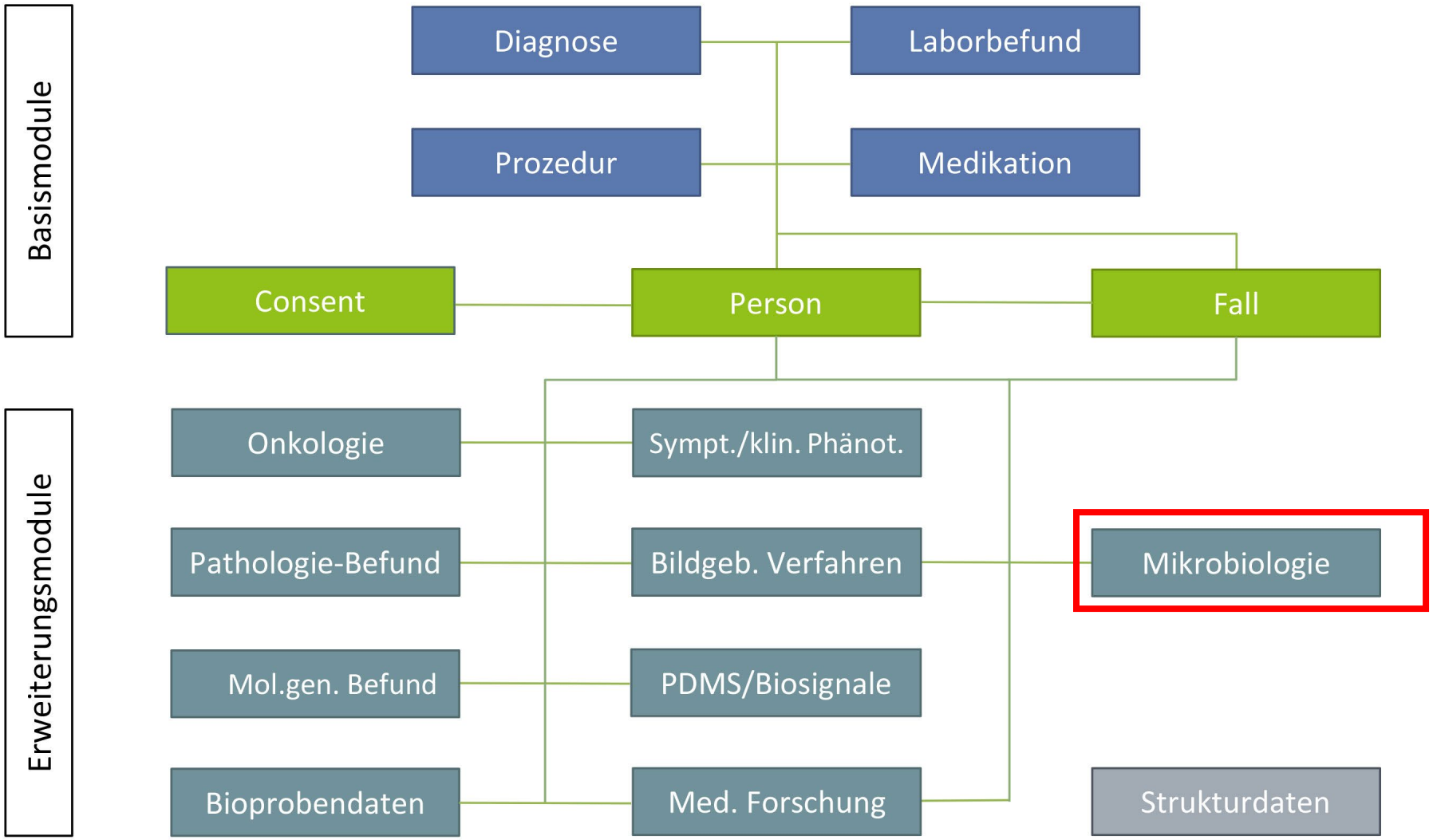
Baier, Claas
Boeker, Martin
Buckow, Karoline
Drenkhahn, Cora
Gebel, Benjamin
Hinske, Ludwig Christian
Klepka, Franziska
Rinaldi, Eugenia
Saleh, Kutaiba
Tönnies, Hauke
Von Loewenich, Frederike
Zautke, Alexander

Anspechpartnerin für MII Modul Mikrobiologie

Berlin Institute of Health @Charité
Core Unit Digital Medicine and Interoperability

Leitung: Prof. Sylvia Thun

Modul Mikrobiologie und Kerndatensatz

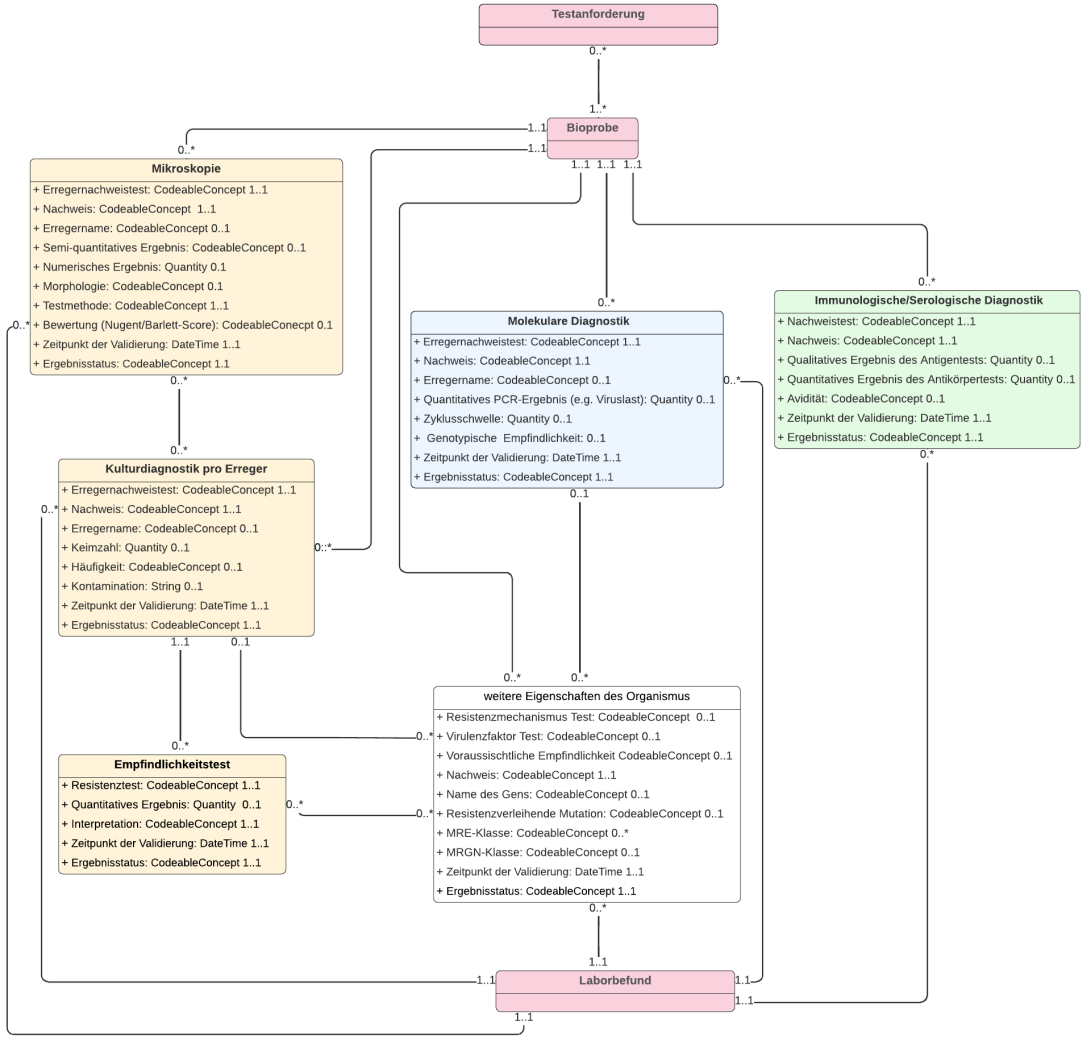


Beschreibung des Moduls

Eigenschaften des Mikroorgansimus

UML

- Kultur und Mikroskopie
- Molekulare Diagnostik
- Immunologie/Serologie
- Weitere Eigenschaften



FHIR und Terminologien

Nach den Empfehlungen des MII-Steuerungskomitees wurden die Informationen mit dem FHIR-Standard unter Verwendung internationaler Terminologien wie SNOMED CT und LOINC strukturiert.

In deutschen Laboratorien werden häufig standortspezifische ValueSets. Dieses Modell zielt darauf ab, die Kodierungen mit internationalen Systemen wie zu vereinheitlichen.

LOINC wurde hauptsächlich zur Beschreibung der Tests verwendet
SNOMED liefert Codes zur Beschreibung von nominalen und ordinalen Ergebnissen

Die numerischen Ergebnisse müssen in UCUM-Einheiten angegeben werden

Werkzeuge

- **ART DECOR-** Data model
- **FHIR Resources-** Information elements
- **SearchLOINC-**Terminologie
- **SNOMED CT Browser-** Terminologie
- **CSIRO Snapper –** Value Sets
- **FORGE und SIMPLIFIER -**Profilen und Implementation Guide

FHIR Logical Model

Relevante FHIR-Observationselemente für den Nachweis des Organismus

Observation.code - Organismus Nachweis Test (LOINC wenn möglich)

Observation.value – detected/not detected /inconclusive oder positive/weakly positiv/neegative/inconclusive (SNOMED)

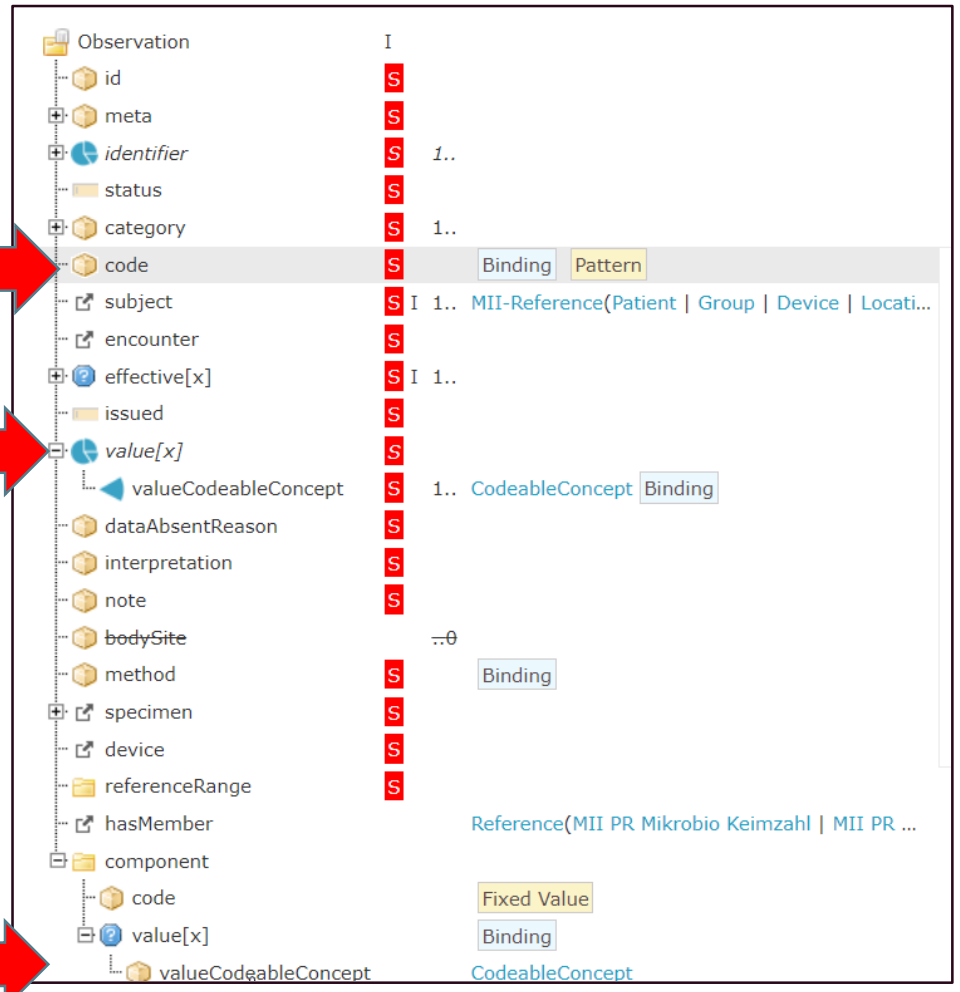
Observation.method- Weitere Angabe zu Methode (SNOMED)

Observation.component –Name des Mikroorganismus (SNOMED)

Observation.component – Numerische Ergebnisse (e.g. Cycle Threshold, Viruslast)

Observation.component- Scores (e.g. Nugent, Barlett)

Kultur Nachweis



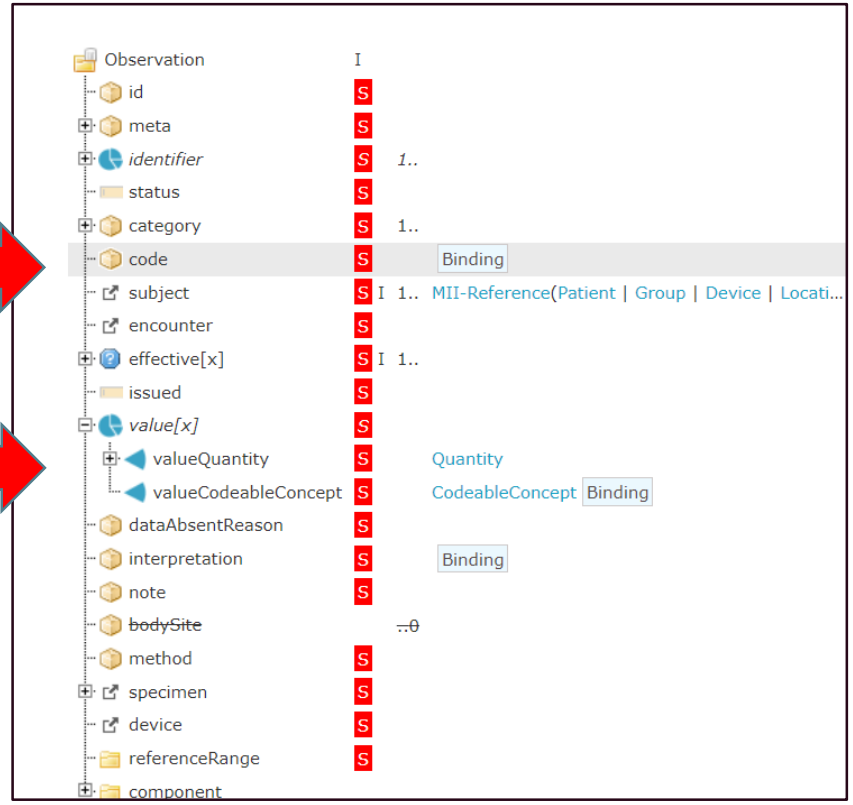
Observation.code: (LOINC)
11475-1 Microorganism identified in Specimen by Culture

Observation.value: (SNOMED)

260373001	Detected (qualifier value)
260415000	Not detected (qualifier value)
419984006	Inconclusive (qualifier value)

Observation.component.value: (SNOMED)
409822003 |Domain Bacteria (organism)|
414561005 |Kingdom Fungi (organism)|
417396000 |Kingdom Protozoa (organism)|
243565002 |Slime mold (organism)|
84676004 |Prion (organism)|
49872002 |Virus (organism)|

Keimzahl



Observation.code: (LOINC)

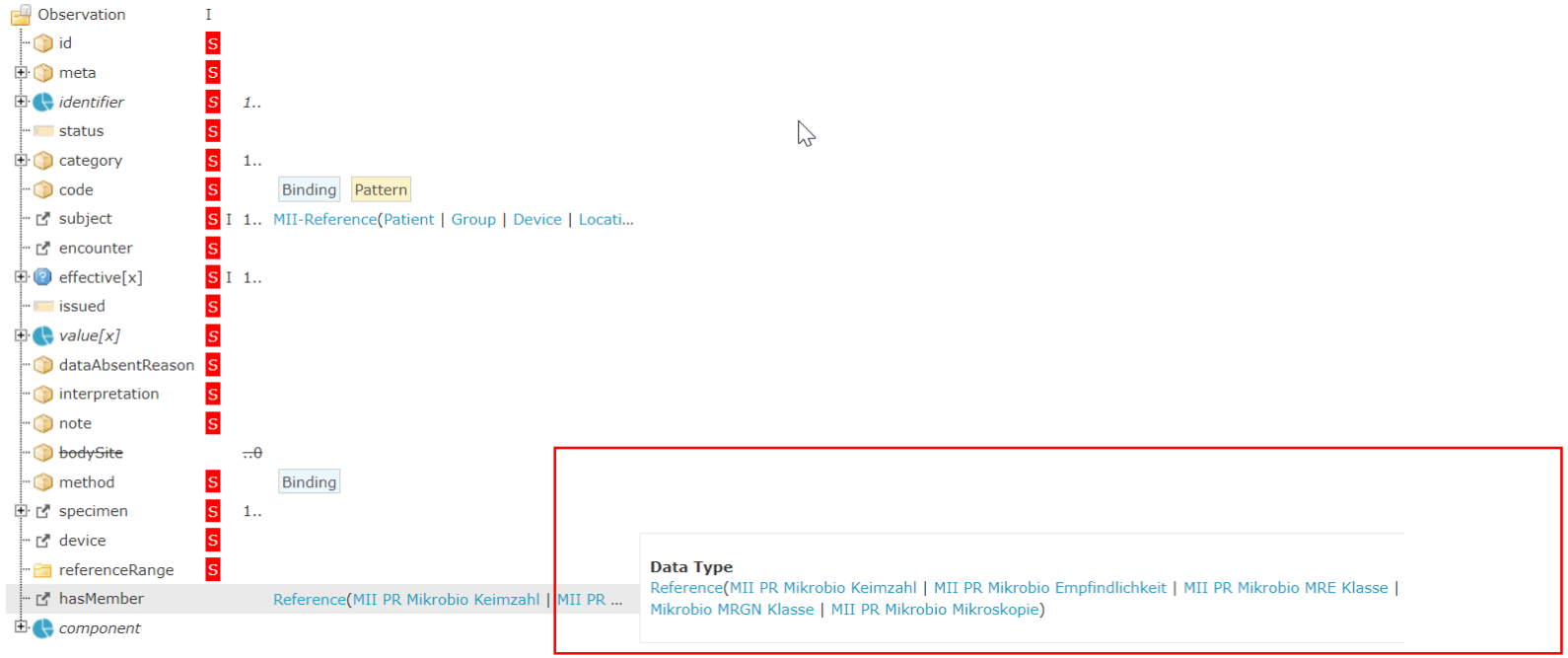
49223-1	Colony count [#/volume] in Unspecified specimen by Visual count
564-5	Colony count [#] in Unspecified specimen by Visual count
38436-2	Colony count [#/mass] in Unspecified specimen by Visual count
20774-6	Colony count [Units/volume] in Unspecified specimen by Visual count

Observation.valueCodeableConcept: (SNOMED)

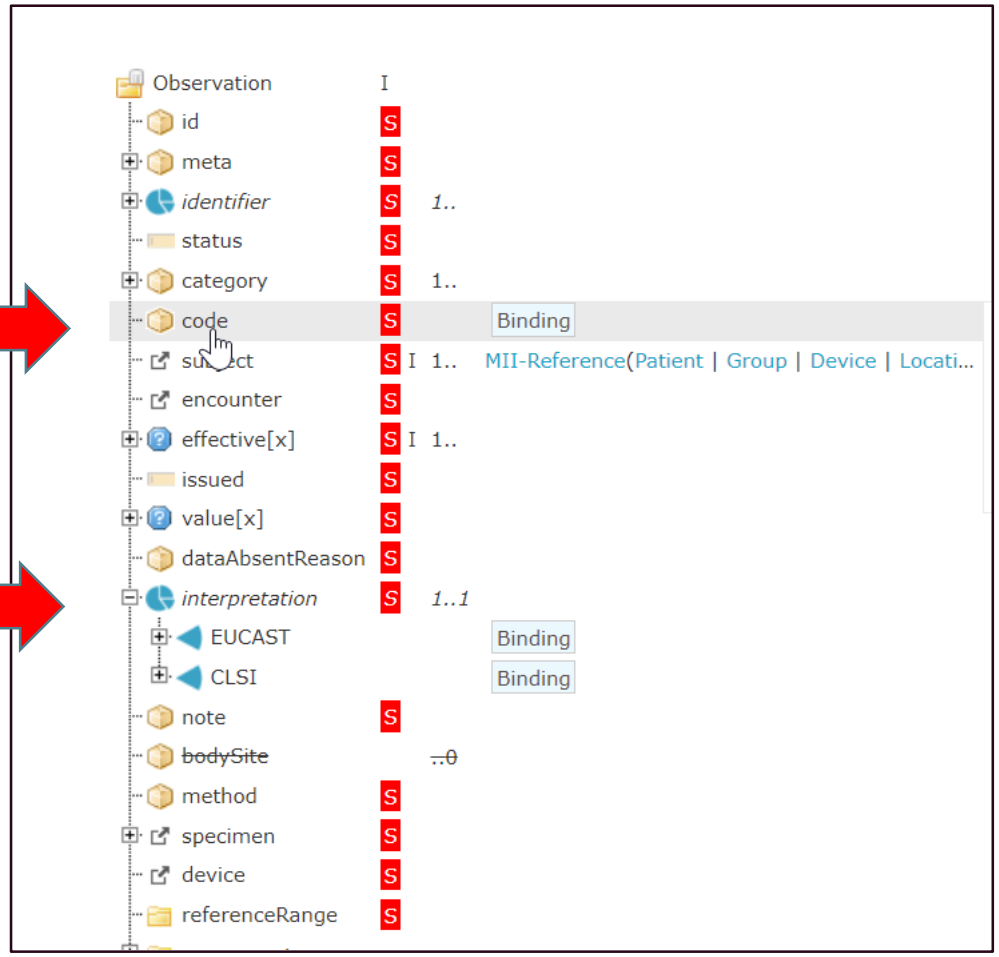
260347006	Present + out of ++++ (qualifier value)
260348001	Present ++ out of ++++ (qualifier value)
260349009	Present +++ out of ++++ (qualifier value)
260350009	Present ++++ out of ++++ (qualifier value)

Observation.hasMember

Das FHIR Element hasMember wurde verwendet, um die Verbindung zwischen der Erkennung und anderen verwandten Informationen aufrechtzuerhalten und Keimzahl, Empfindlichkeit Anfälligkeit, MRGN-Klassifizierung, MRE-Typ



Empfindlichkeit

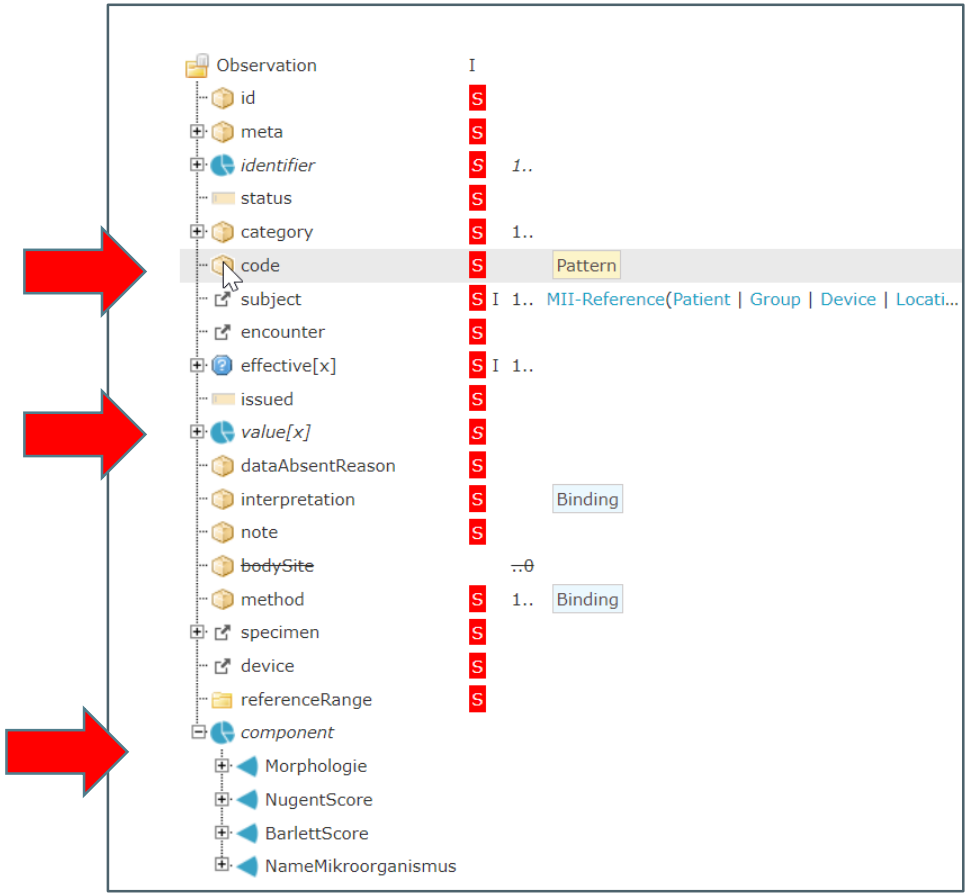


Observation.code: (LOINC)
ValueSet

Observation.interpretation: (EUCAST 2019)

S	Susceptible, standard dosing regimen
I	Susceptible, increased exposure
R	Resistant

Mikroskopie

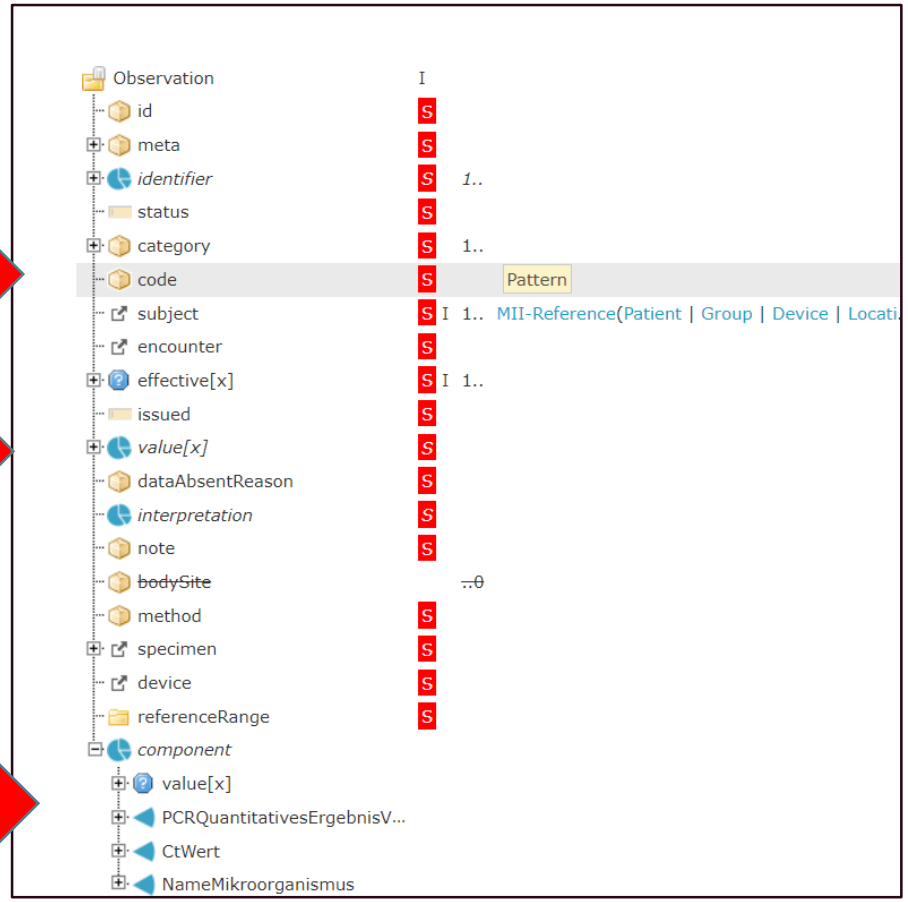


Observation.code: (SNOMED)
117259009 |Microscopy (procedure)|

Observation.value: (SNOMED)

260373001	Detected (qualifier value)
260415000	Not detected (qualifier value)
419984006	Inconclusive (qualifier value)

Molekular Diagnostik



Observation.code: (LOINC)

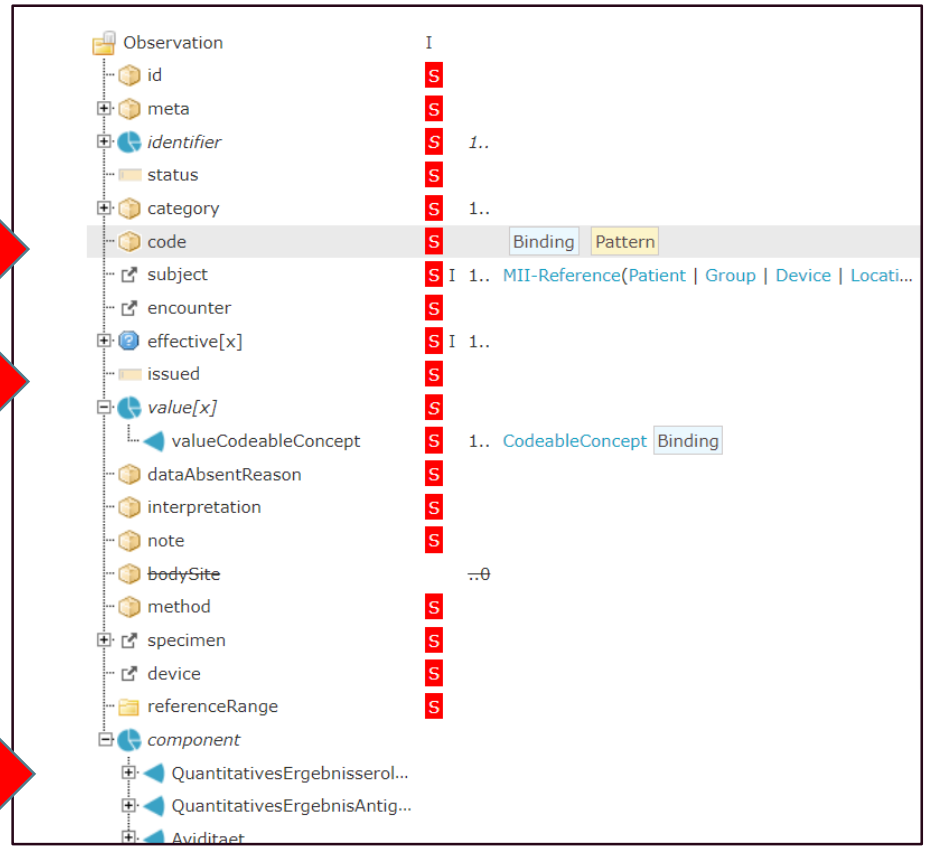
92253-4 Microorganism identified in Isolate or Specimen by Molecular genetics method

Observation.value: (SNOMED)

10828004	Positive
260408008	Weakly positive
260385009	Negative
419984006	Inconclusive

Observation.component. valueQuantity

Serologie-Immunologie



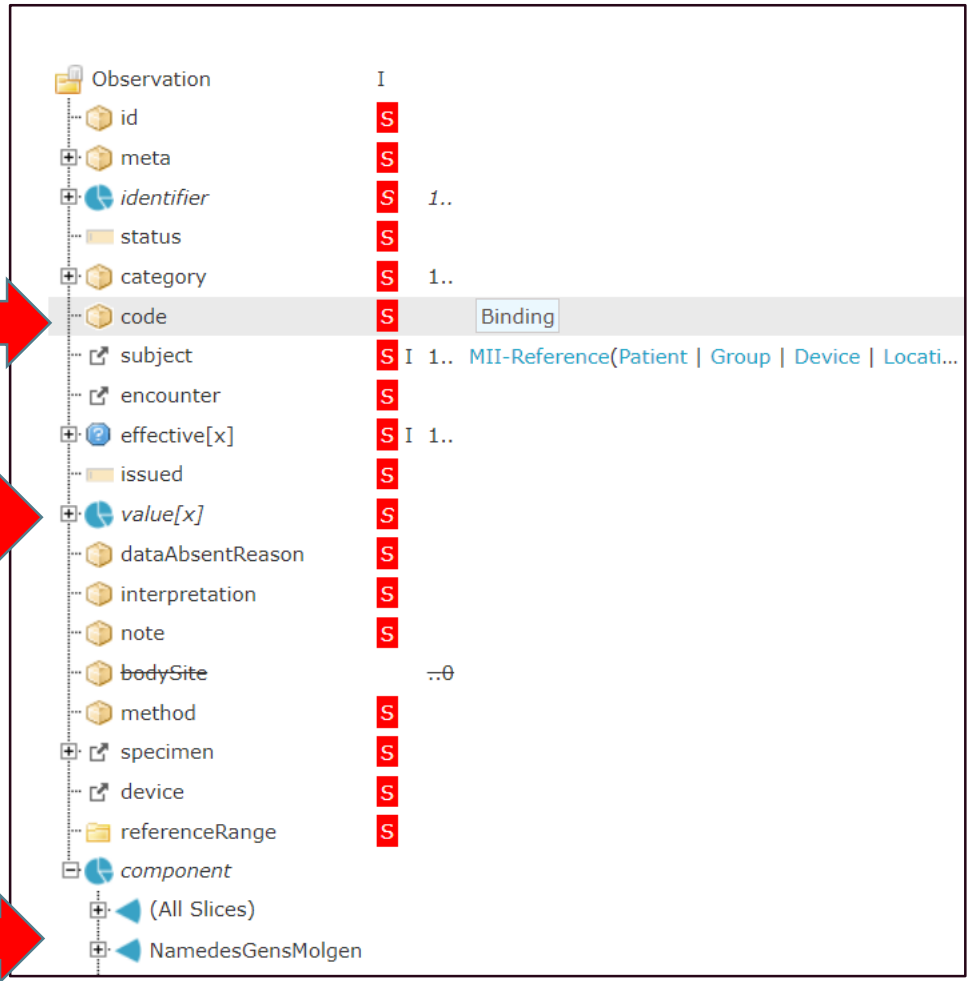
Observation.code: (SNOMED+LOINC VS)
252318005 |Immunology laboratory test (procedure)|

Observation.value: (SNOMED)

10828004	Positive
260408008	Weakly positive
260385009	Negative
419984006	Inconclusive

Observation.component. valueQuantity

Resistenzgene



Observation.code: (LOINC VS)
Value Set

Observation.value: (SNOMED)

260373001	Detected (qualifier value)
260415000	Not detected (qualifier value)
419984006	Inconclusive (qualifier value)

Observation.component:
https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pathogens/refgene/

FHIR und terminology Bindings

- **Fixed values**

einen bestimmten Code

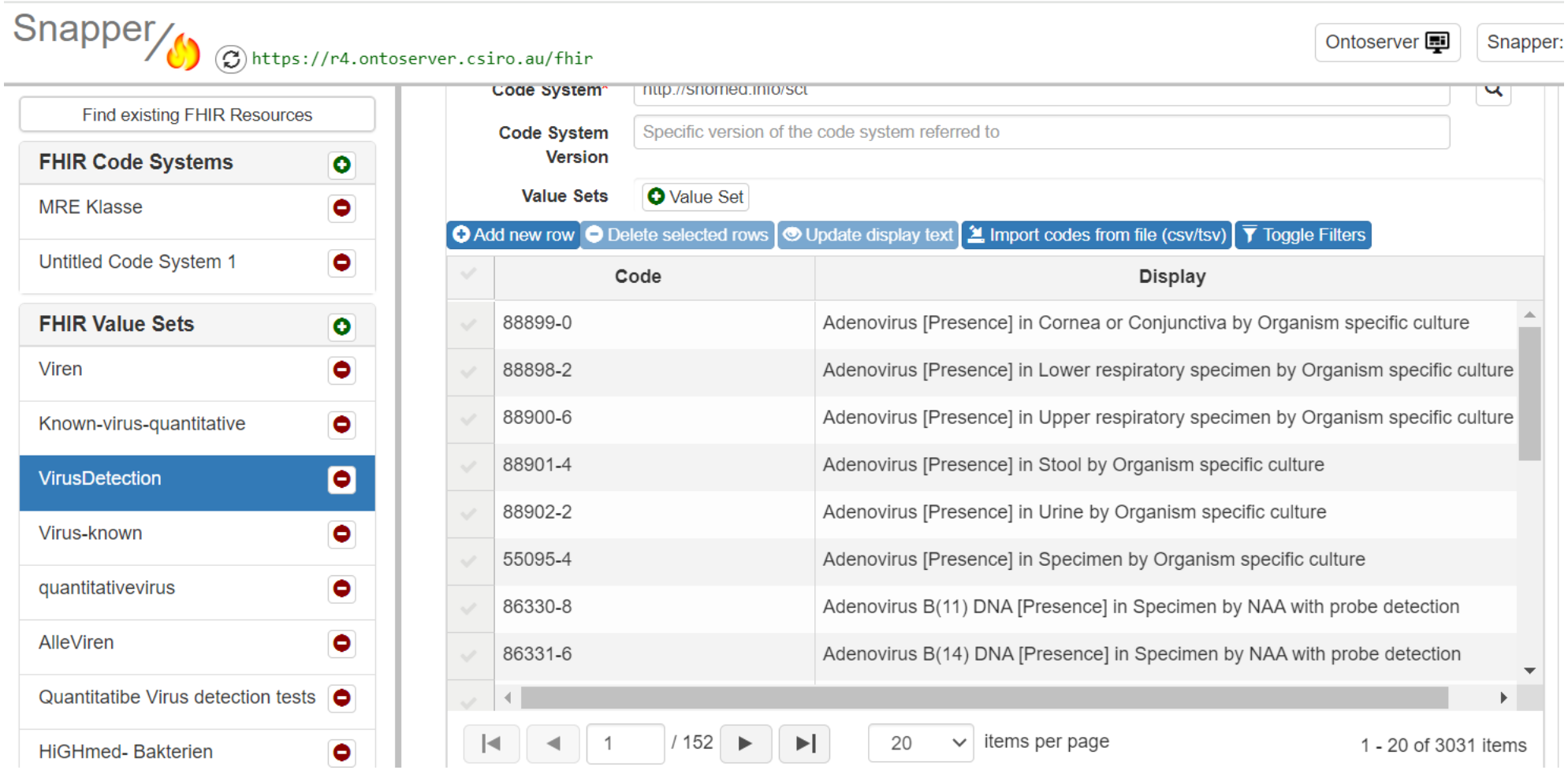
- **Intensional Value sets**

algorythmisch definiert

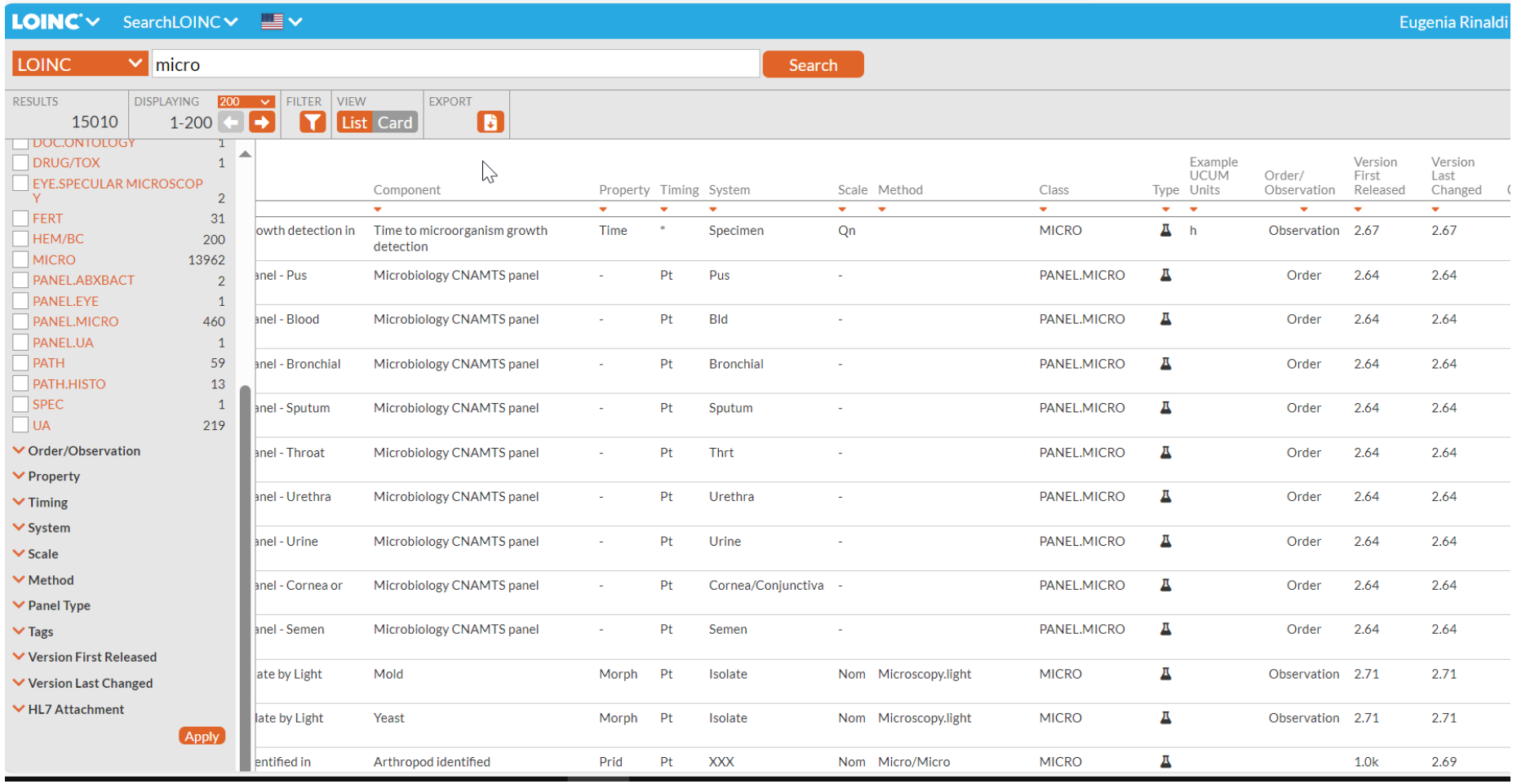
- **Extensional value sets**

explizite Liste von Codes

Value Sets in Snapper

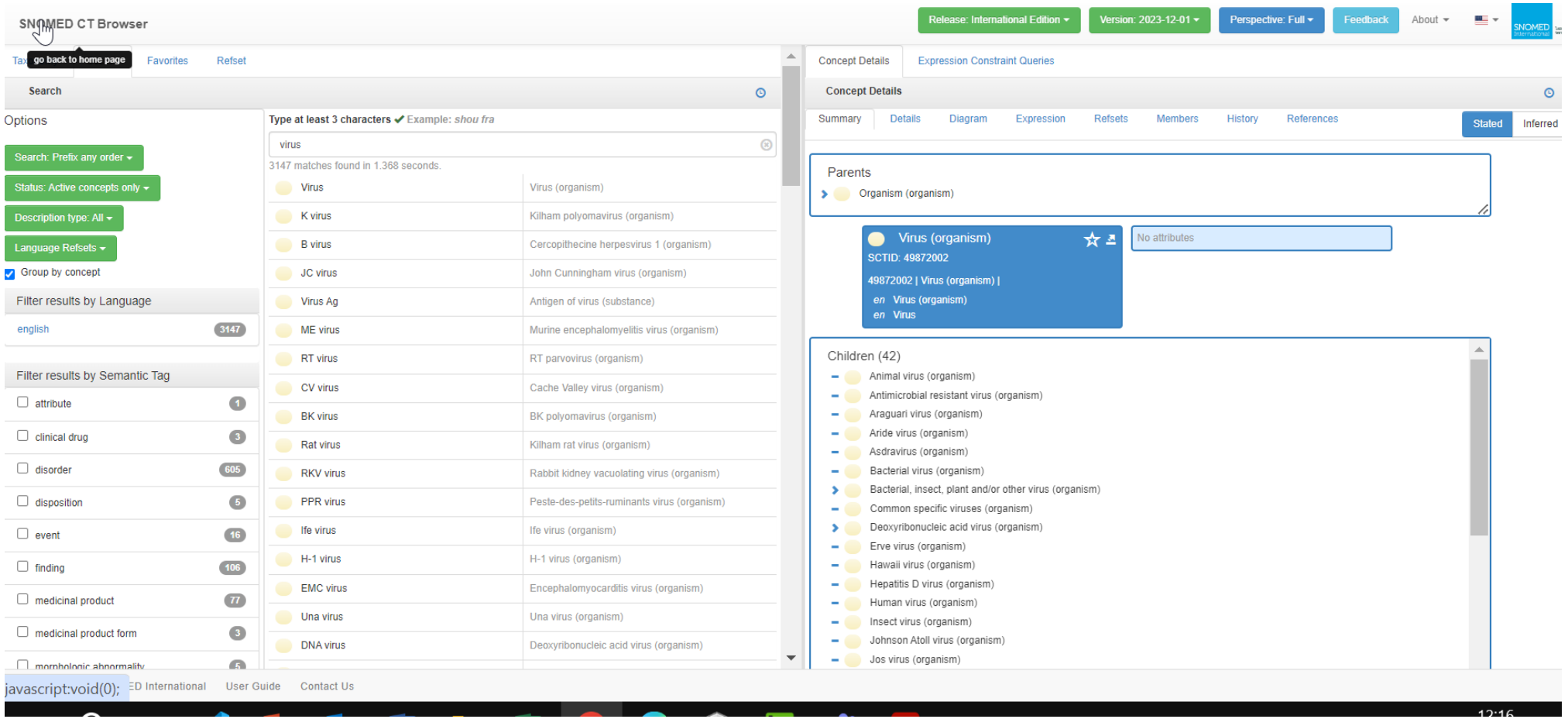


SearchLOINC



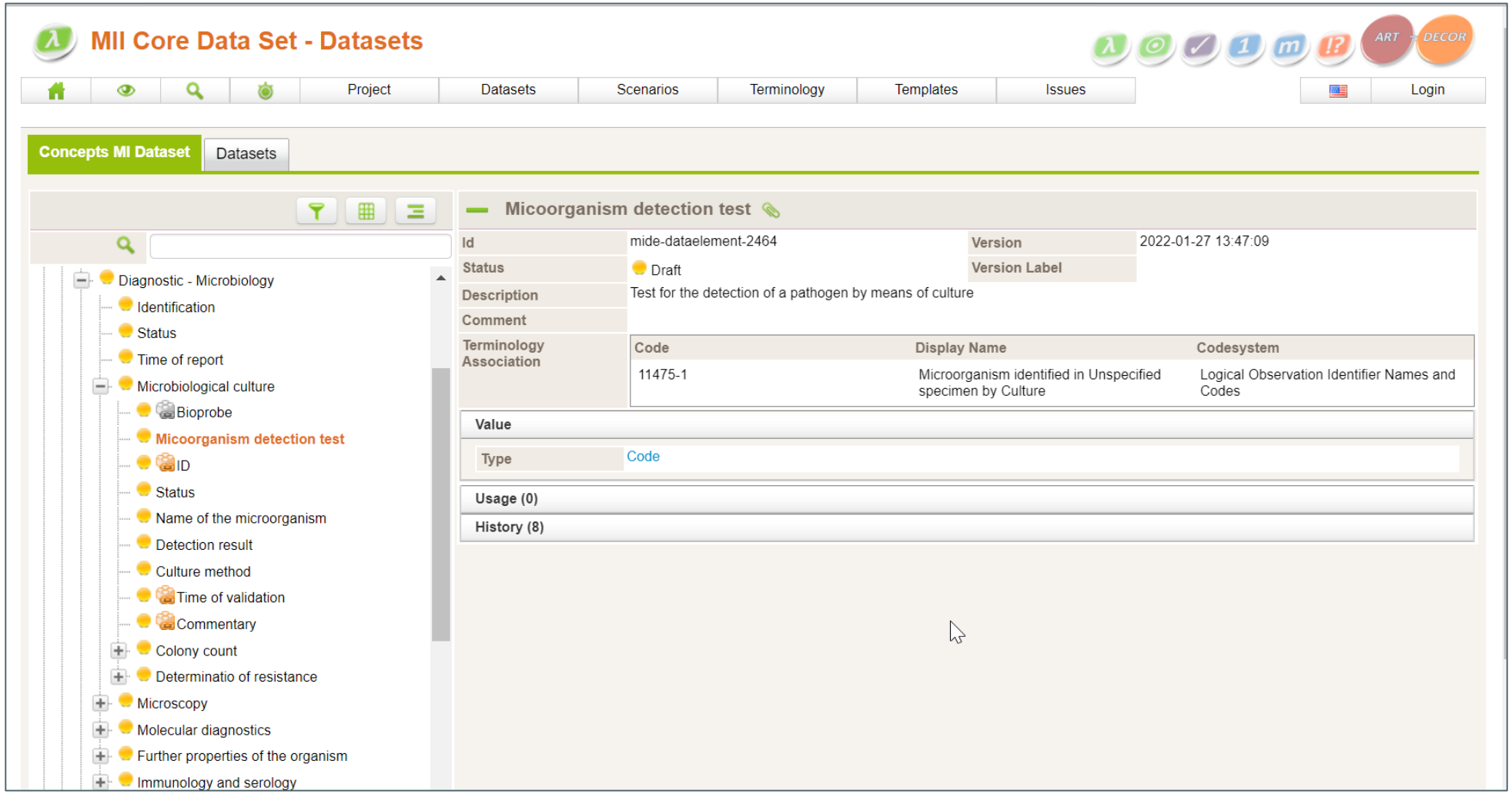
BIH Berlin Institute of Health @Charité

SNOMED Browser



BIH Berlin Institute of Health @Charité

Datenelemente in ART DECOR



SIMPLIFIER


Introduction
Resources
Guides
Team
Log
Dependencies
Packages
Resources
Profiles 13
ValueSets 25
CodeSystems 1
CapabilityStatements 1
LogicalModels 2
Texts 76
Images 19
Layouts 5
PackageManifests 1
Canonical claims
This project contains canonicals that conflict with another package or project.
https://www.medizininforma...
Claimed
Medizininformatik Initiative - Kerndatensatz - Modul Mikrobiologie
Übersicht
Das vorliegende Projekt beschreibt die FHIR-Spezifikation des Erweiterungsmoduls 'Mikrobiologie', welches einen Teil des Kerndatensatzes der Medizininformatik-Initiative darstellt. Die hier veröffentlichten FHIR-Profile und ImplemenationGuides dienen als zentrale und verbindliche Spezifikation für die syntaktische und semantische Kodierung der Modulinhalte.
Status
Alle veröffentlichten FHIR-Artefakte innerhalb des Projektes verfügen über einen Status, durch welchen der jeweilige Reifegard abgeleitet werden kann. Profile mit dem Status 'Draft' wurden noch nicht ballotiert und können noch diversen und substantiellen Änderungen unterliegen. Verpflichtende und ballotierte Ergebnisse sind unter dem Tab 'Packages' zu finden.
Medical Informatics Initiative - Core Data Set - Microbiology Module
This project describes the FHIR specification of the extension module 'Microbiology', which is part of the core data set of the Medical Informatics Initiative. The FHIR profiles and implementation guides published here

Herausvorderungen

- Sehr spezifisches und kompliziertes Fachgebiet
- Bedarf an Feedback von Fachleuten bei der Modellierung
- Unterschiedliche Verfahren in verschiedenen Labors
- ValueSets erstellen
- Fehlende Codes in Standardterminologien

Wo wir stehen

- Die FHIR-Profile zur Abbildung der Inhalte des Erweiterungsmoduls Diagnostik Mikrobiologie haben die HL7-Ballotierung durchlaufen.
- Alle Kommentare wurden überprüft und innerhalb das KDS-Team diskutiert.
- Fehler und Ungenauigkeiten wurden korrigiert
- Diskussion mit MII Modul Labor
- Diskussion mit RKI und MIO42

Perspektive

Die Zusammenarbeit auf europäischer Ebene fortzusetzen, um ein europäisches Datenmodell für die Mikrobiologie auf der Grundlage von MII Modul Mikrobiologie zu erstellen.

(z.B. X-eHealth, x-Share…)

weitere Informationen

Rinaldi, E., Drenkhahn, C., Gebel, B. *et al.* Towards interoperability in infection control: a standard data model for microbiology. *Sci Data* **10**, 654 (2023). https://doi.org/10.1038/s41597-023-02560-x

Eugenia Rinaldi
Core Unit Digital Medicine and Interoperability
Berlin Institute of Health (BIH) @ Charité

Anna-Louisa-Karsch-Str. 2
10178 Berlin
eugenia.rinaldi@bih-charite.de

www.bihealth.org

BIH Berlin Institute of Health @Charité