



miracum

Medical Informatics in Research and Care in University Medicine

KDS Deep Dive Teil 1: Hintergrund

Noemi Deppenwiese

7.11.2022

MIRACUM Hospitation



Universitätsklinikum
Erlangen





Grundsätzliches zu FHIR

- Internationaler Standard von HL7
- Entstehung nach Pareto-Prinzip
- Mechanismus zur Anpassung Teil des Standards
- Basis-FHIR sehr flexibel, darum weitere Einschränkungen zur sinnvollen Nutzung nötig

Basis-FHIR



MII-Profil





Grundsätzliches zu FHIR

- Internationaler Standard von HL7
- Entstehung nach Pareto-Prinzip
- Mechanismus zur Anpassung Teil des Standards
- Basis-FHIR sehr flexibel, darum weitere Einschränkungen zur sinnvollen Nutzung nötig
- Profile definieren Mindestanforderungen an Ressourcen für UseCase
- (Profile können i.d.R. weitere Informationen enthalten)
- Fehlende Felder können durch Extensions ergänzt werden
- Profil-Vererbung für weitere Anpassung



Weitere IGs in Deutschland

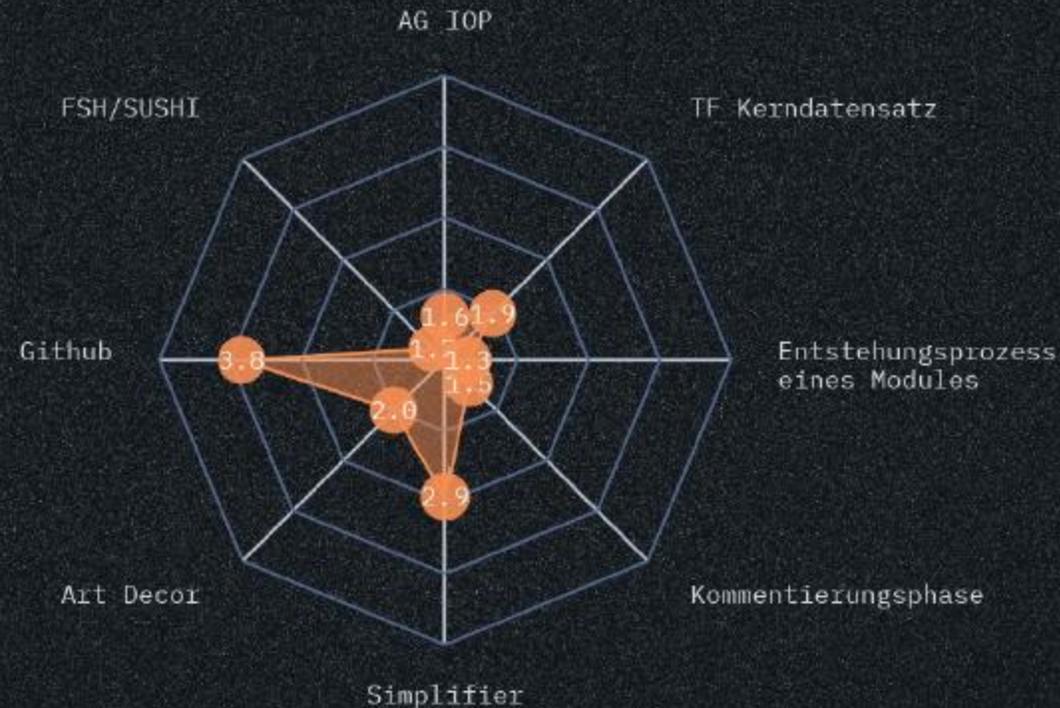
- Die KDS Module decken wichtige Themenbereiche für die Forschung ab
- UseCases brauchen oft genauere Daten: eigene Module (die uU auch auf KDS Profilen basieren)
- Versorgung -> IsIK, KBV/MIOs
- Die deutschen Basisprofile treffen grundsätzliche Festlegungen (z.B. ICD-10-GM Modellierung) an die sich auch die MII-Profile halten

Der Weg eines KDS Modules

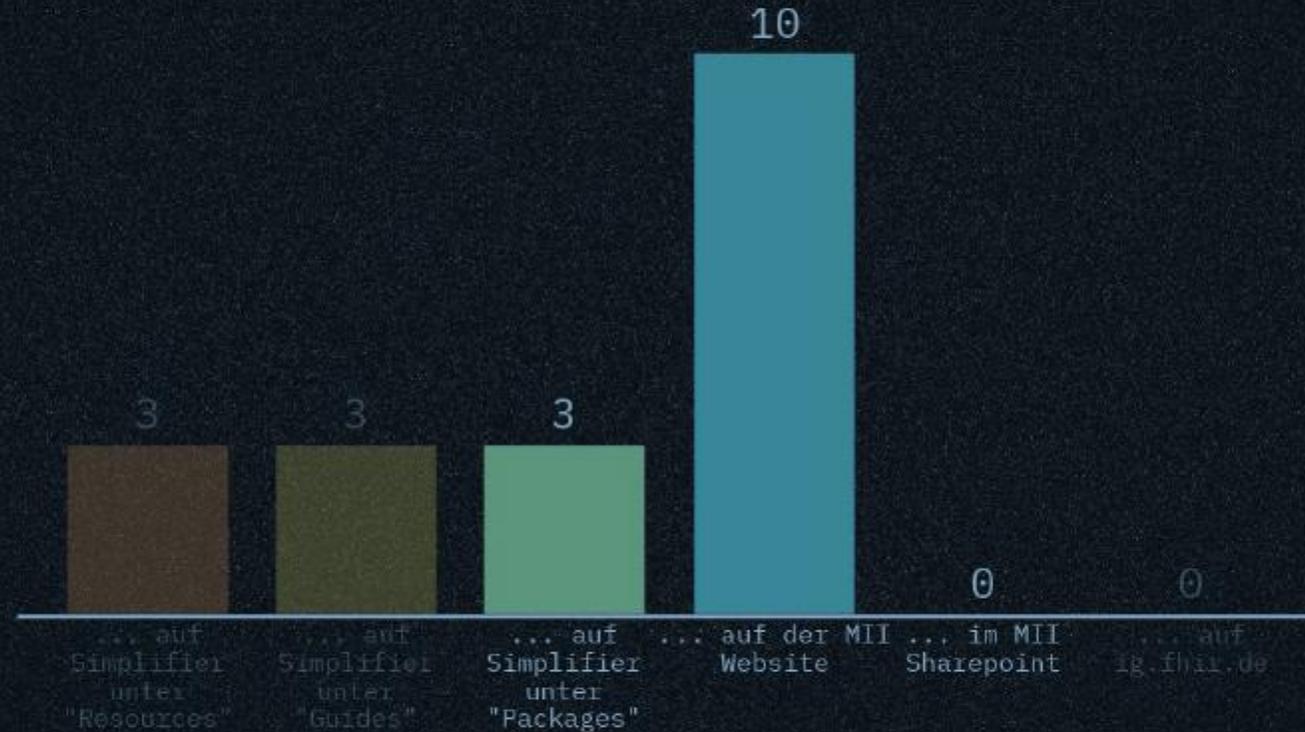


miracum

Welche Tools / Prozesse / MII Gremien kennt ihr?



Die aktuell gültigen KDS Spezifikationen finde ich...



Schritt 1: Textuelle Beschreibung



miracum

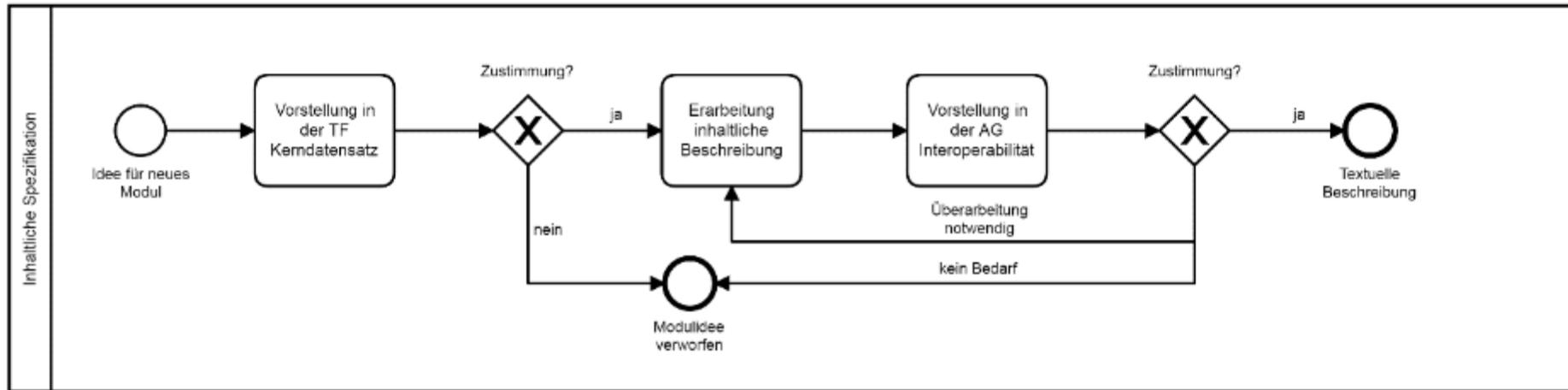


Abbildung 3: Ablauf der inhaltlichen Spezifikation eines neuen Kerndatensatzmoduls



TF Kerndatensatz

- Trifft sich ca. alle vier Wochen
- Teilnehmende aus allen Konsortien
- z.B. Sprecher der Modulteams
- Eher Arbeitsebene
- Themen z.B. Github-Strukturierung, Naming Conventions
- Erstellt Beschlussvorlagen für AG IOP



AG Interoperabilität

- Tagt ca. alle 8 Wochen
- Teilnehmende aus allen Konsortien
- Eher Entscheidungsebene (jedes Konsortium hat eine Stimme)
- Fristen für Beschlussvorlagen (i.d.R. zwei Wochen)
- Beschlüsse auch im Umlaufverfahren möglich
- Eigene Beschlüsse und Beschlussvorlagen für das Nationale Steuerungsgremium (NSG)



Inhaltliche Beschreibung

- Erstellung durch das KDS Team
- Konkretisierung des Inhalts
- Begründung der Zuordnung im Kerndatensatz
- Vorschläge für die Strukturierung und Codierung
- Zeitplan mit Deliverables

Medizininformatik-Initiative

Beleitstruktur – Koordinationsstelle des Nationalen Steuerungsgremiums



Erweiterungsmodul: Bioprobendaten

Modul	Datenart
Erweiterungsmodul Biobank	Bioprobendaten

Konkretisierung des Inhalts

Bioproben werden sowohl in klinischen als auch in populationsbezogenen Biobanken gesammelt, aufbereitet und gelagert, um hochwertige Proben für wissenschaftliche Projekte zur Verfügung stellen zu können. Sowohl die unterschiedlichen Sammlungen in einer Biobank als auch die individuellen Proben müssen für das bessere Auffinden von Proben und deren sinnvoller Verwendung strukturiert beschrieben werden. Relevante Merkmale zu einer Probensammlung umfassen unter anderem die abgedeckten Krankheitsbilder, Probenotypen und Zugangswege zu den Proben und zugehörigen Daten. Probenspezifische Daten sollten Angaben zu Probenotyp, Probenmaterial, Menge, Gewinnung, präanalytischer Verarbeitung und Lagerung enthalten. Klinische Daten zur Probe werden ausdrücklich nicht von diesem Modul abgedeckt, sondern sollen über die für die jeweilige Datenart vorgesehenen Module bereitgestellt werden.

Begründung der Zuordnung im Kerndatensatz

Hochwertige Bioproben-Sammlungen sind eine wesentliche Ressource für die biomedizinische Forschung. Die standardisierte Charakterisierung der Sammlungen, der Proben sowie ihre Gewinnung und Verarbeitung stellt hierbei eine wesentliche Voraussetzung für die erfolgreiche Verwendung dar. Sowohl in nationalen (z.B. German Biobank Node / German Biobank Alliance) als auch internationalen Organisationen (z.B. BBMRI-ERIC) werden entsprechende Standards und Infrastrukturen weiterentwickelt und disseminiert. Das Erweiterungsmodul Biobank integriert vorhandene Arbeitsstände in geeigneter Weise in den MII-Kerndatensatz.

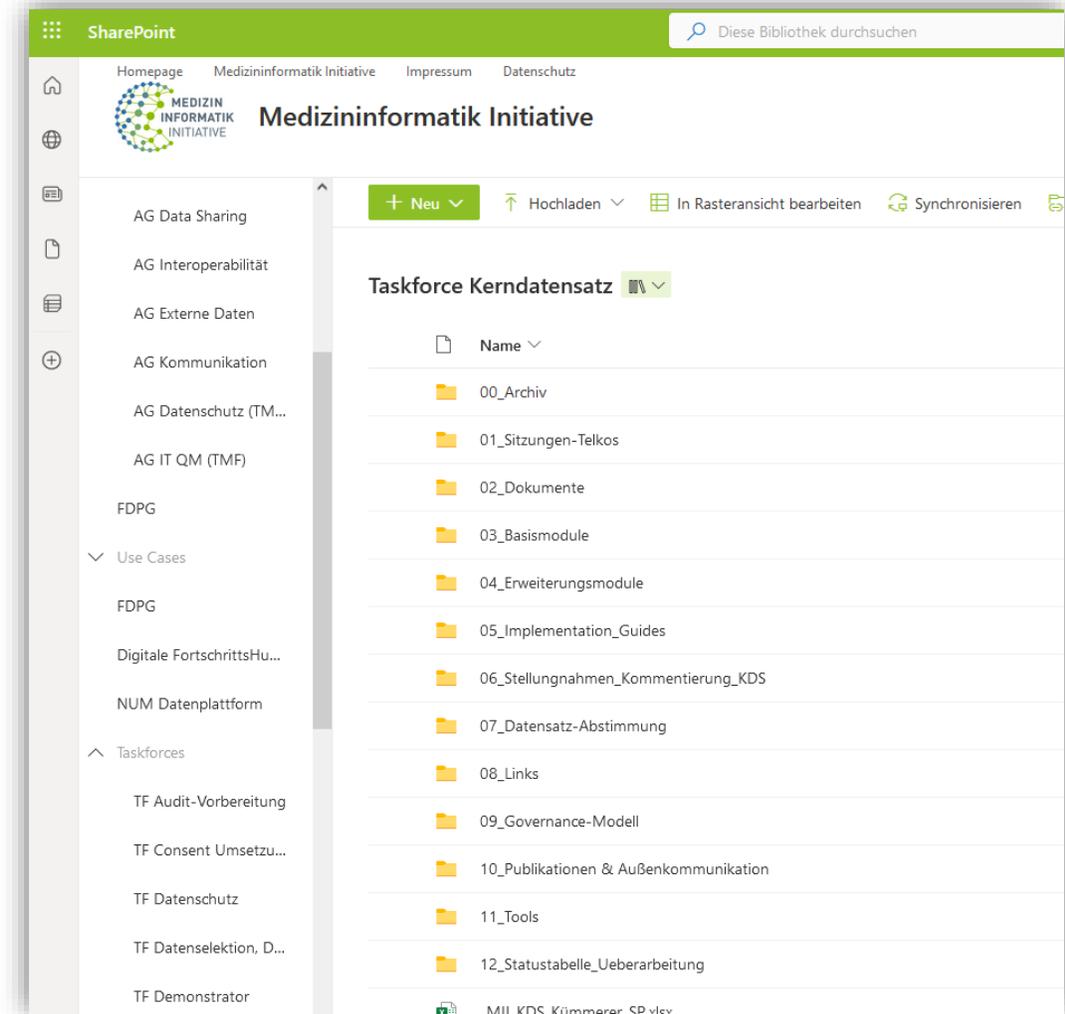
Vorschläge für die Strukturierung und Codierung

Das Erweiterungsmodul Biobanken orientiert sich an den Vorarbeiten des German Biobank Node (GBN), abgestimmt mit der German Biobank Alliance (GBA). Dort wurde ein einheitliches Datenmodell auf Basis von FHIR-Profilen erstellt und ist öffentlich abrufbar¹. Dieses Modell umfasst Strukturen, mit denen sowohl Daten zur den in einer Biobank vorhandenen Sammlungen als auch zu den einzelnen Proben beschrieben



Tool: Sharepoint

- Account über die TMF
- Geordnet nach TFs und AGs
- Protokolle, Beschlussvorlagen ...
- Dokumente
- „Knowledge Base“



Schritt 2: Technische Spezifikation

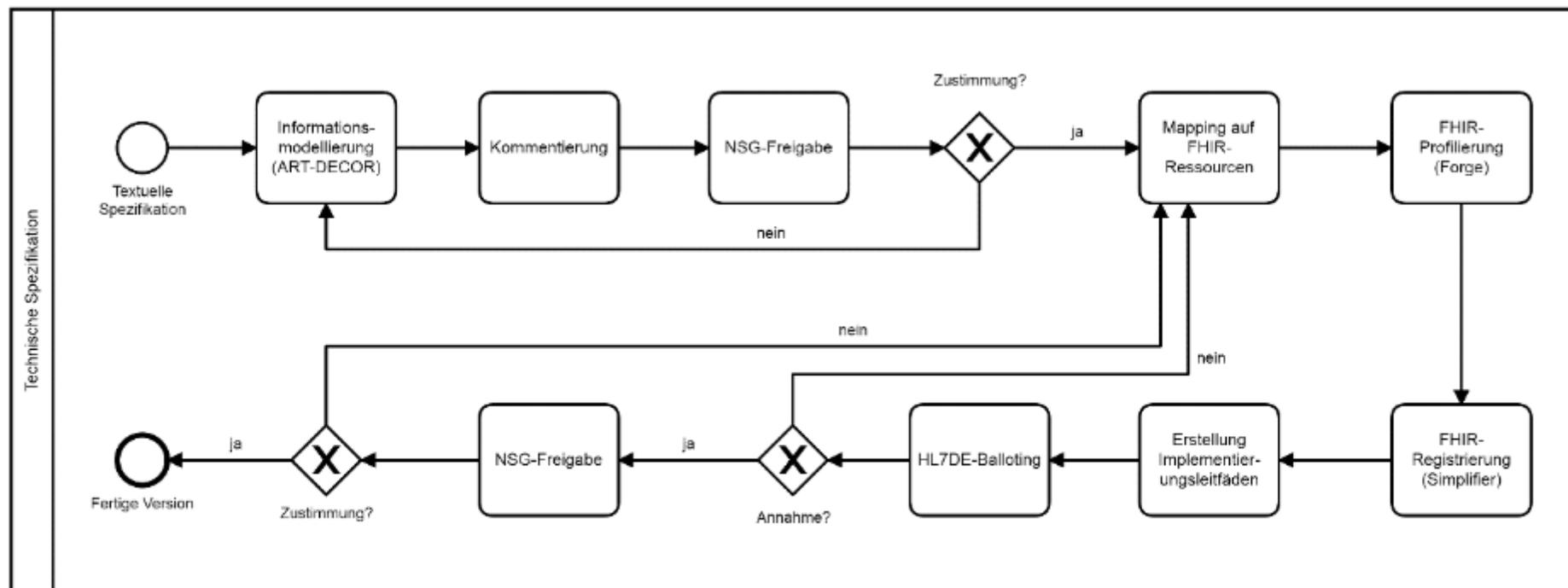


Abbildung 4: Ablauf der technischen Spezifikation eines neuen Kerndatensatzmoduls

Schritt 2a: Informationsmodell



miracum

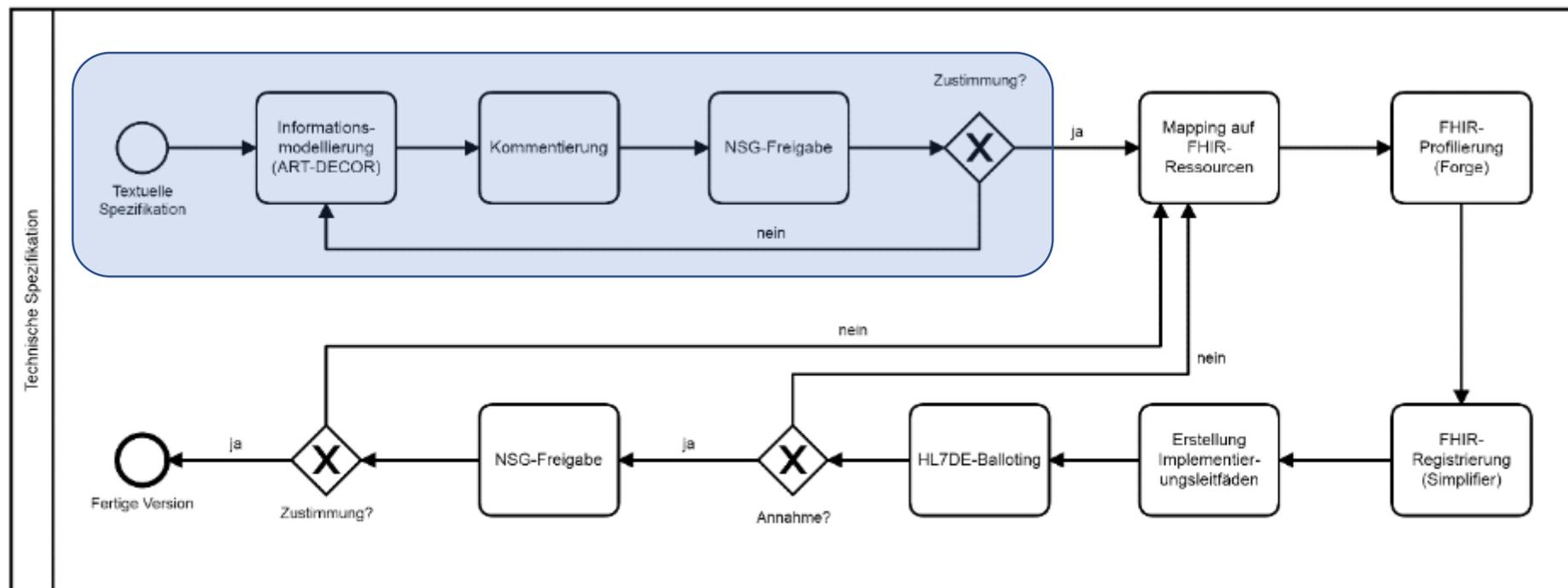
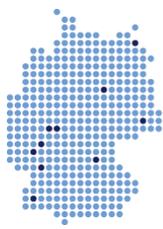


Abbildung 4: Ablauf der technischen Spezifikation eines neuen Kerndatensatzmoduls



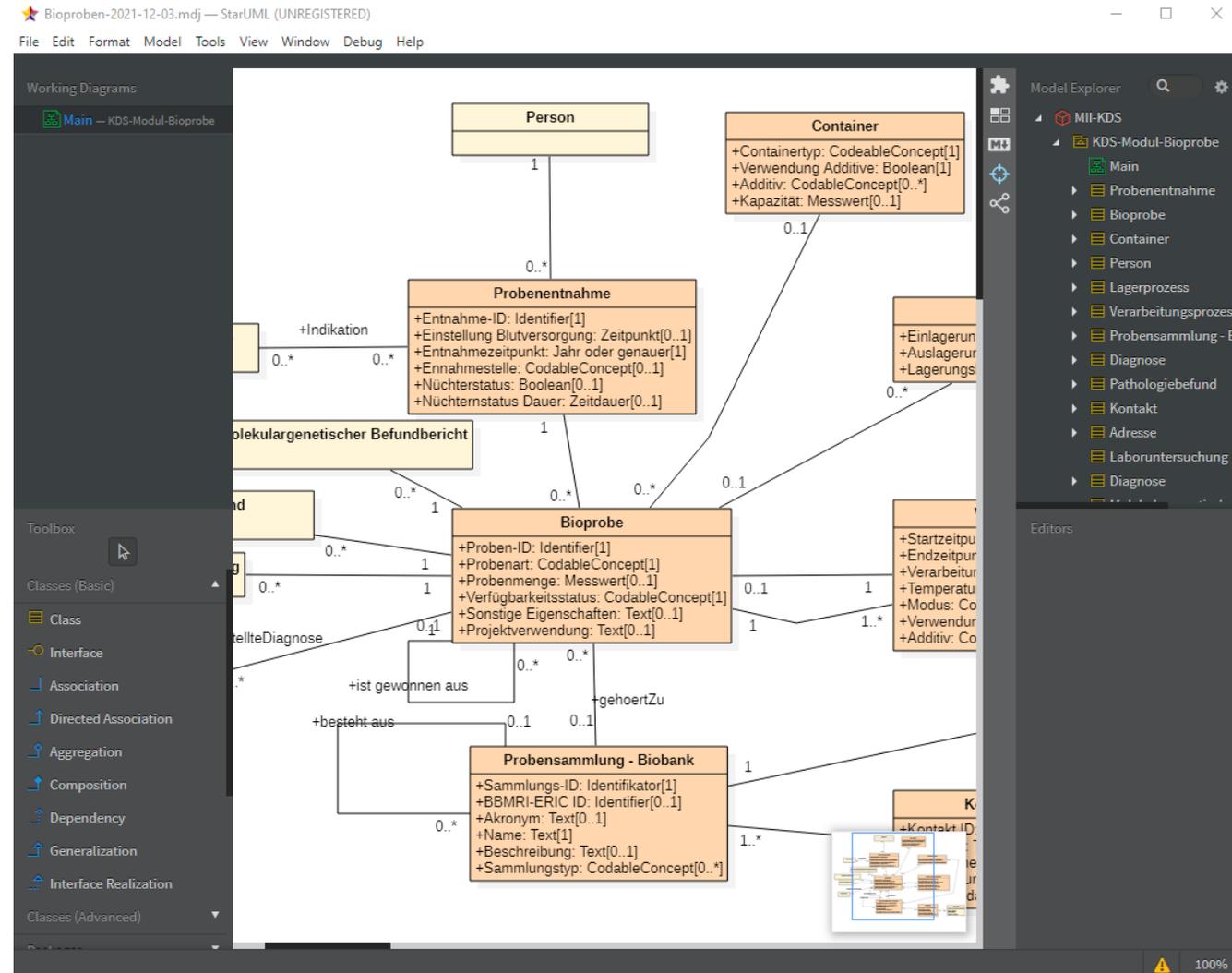
Schritt 2a: Informationsmodell

- Erfolgt durch das KDS-Team
- Basiert auf der textuellen Beschreibung
- Einbeziehung von Fachgesellschaften
- Berücksichtigung existierender Standards
- Subjektiv der Schritt mit den meisten Diskussionen
- Festlegung von Entitäten, Beziehungen und Datenelementen
- Nicht (unbedingt) an FHIR orientiert!



Tool: StarUML

- Wurde für bisherige Modulspezifikationen verwendet
- Speicherformat .mdj Datei

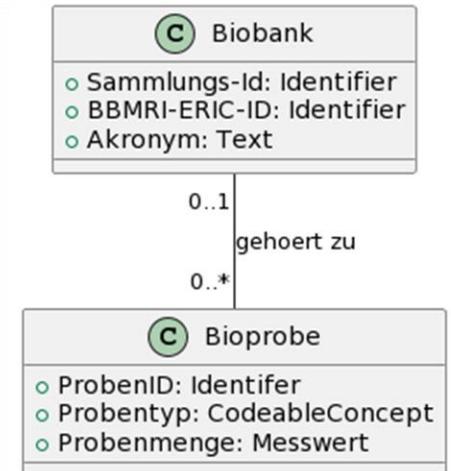


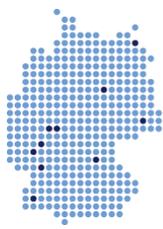


Tool: PlantUML

- Als Alternative in der TF diskutiert
- Dateien über Github versionierbar
- Keine Lizenz nötig

```
@startuml
class Biobank {
+ Sammlungs-Id: Identifier
+ BBMRI-ERIC-ID: Identifier
+ Akronym: Text
}
class Bioprobe {
+ ProbenID: Identifier
+ ProbenTyp: CodeableConcept
+ Probenmenge: Messwert
}
Biobank "0..1" -- "0..*" Bioprobe: gehoert zu
@enduml
```





Tool: Art-Decor

<https://art-decor.org/art-decor/decor-datasets--mide->

- Tool zur Informationsmodellierung
 - Wird z.B. auch von HL7 und IHE genutzt
 - Integration vieler Terminologien
 - Nachteil: Aktuell lange Latenzzeiten
-
- Aufgabe: Welche Codes sollen zur Codierung der Probenart einer Bioprobe verwendet werden?

Aufgabe: Art-Decor



miracum

MII Core Data Set - Datasets



Concepts MI Datensatz | Datasets

Probenart

Id	mid-dataelement-1851	Version
Status	Draft	Version Label
Description	Art der Probe, SCT vepflichtend, Beschraenkung auf Specimen ValueSet erwuenscht.	
Comment	FHIR-Mapping: Specimen.type	
Value		
Type	Code	
Value Set Association	extensible SNOMED CT Specimens (Dynamic)	
Concepts		
Code	Display Name	Codesystem
< 123038009	Specimen	SNOMED Clinical Terms
Usage (2)		



Freigabe des Informationsmodells

- Dokument zum Informationsmodell enthält kurzen Text, UML und Art-Decor Export in tabellarischer Form
- Zusätzliches Dokument für Beschlussvorlage

Beschlussvorlagen für die Sitzung der AG IOP am 19.5.2021

Abstimmung über das Informationsmodell für das Erweiterungsmodul Biobank – Bioprobendaten

Entscheidungsbedarf

Beschluss zur Übergabe des Informationsmodells für das Erweiterungsmodul *Biobank - Bioprobendaten* für die Freigabe zur technischen Umsetzung an das NSG.

Sachverhalt

Das KDS-Team hat die Datensatzmodellierung in ART-DECOR abgeschlossen und in einem UML-Klassendiagramm das Informationsmodell für das Erweiterungsmodul abgebildet. Es baut auf den Erfahrungen von BBMRI.de und nutzt internationale Standards wie SPREC 2.0. Dabei wurden auch Anforderungen von ABIDE-MI berücksichtigt. Das Informationsmodell wurde mit den von den Konsortien bestimmten Biobank-Expertinnen, Vertretern der TMF-AG Biobank und Vertretern der KDS-Module Person, Diagnose, Pathologiebefund und Molekulargenetischer Befundbericht abgestimmt.

Die logisch-inhaltliche Spezifikation in ART-DECOR dient nach Freigabe durch die AG Interoperabilität und das NSG als Grundlage für die Entwicklung der FHIR-Profilen und der Implementierungsleitfäden. Sie unterliegen bis zur später folgenden HL7-Ballotierung einem inkrementellen Verfeinerungsprozess.

Beschlussvorlage

Die Arbeitsgruppe Interoperabilität empfiehlt dem NSG, der in der Anlage beschriebenen Spezifikation für das Erweiterungsmodul *Biobank - Bioprobendaten* zuzustimmen. Diese wird entsprechend des Governance-Prozesses durch das KDS-Team technisch umgesetzt.

Schritt 2b: FHIR



miracum

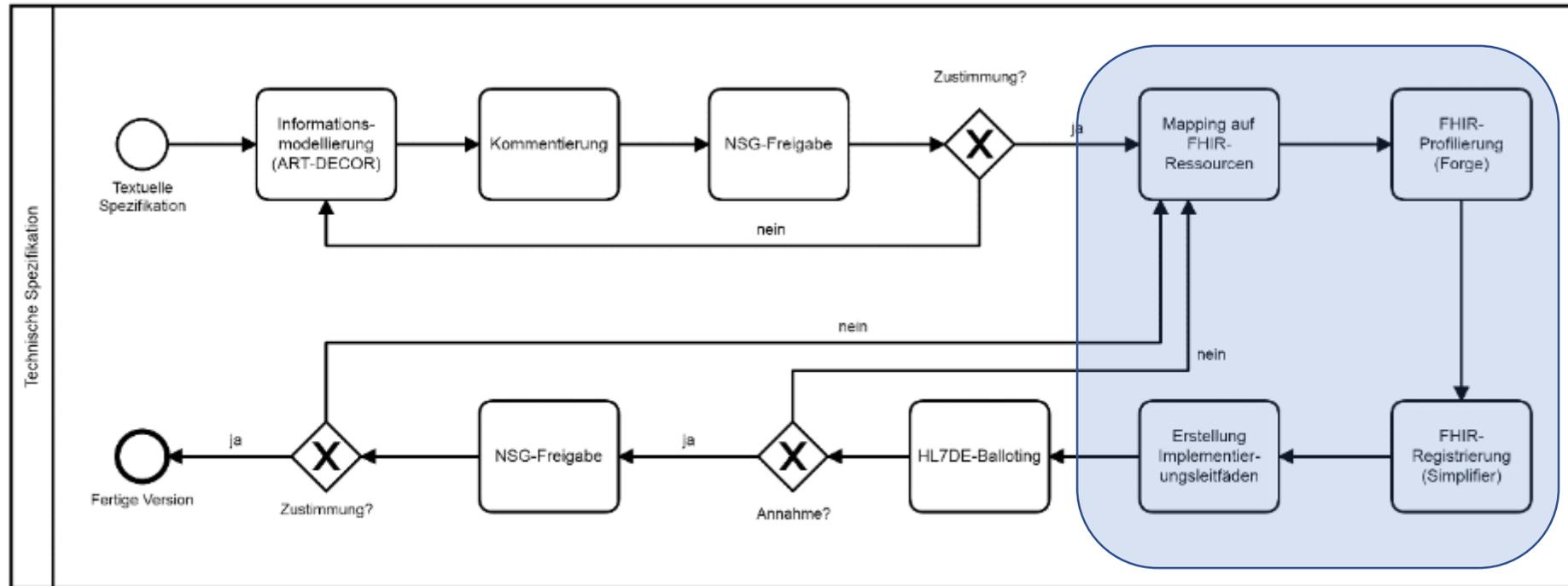
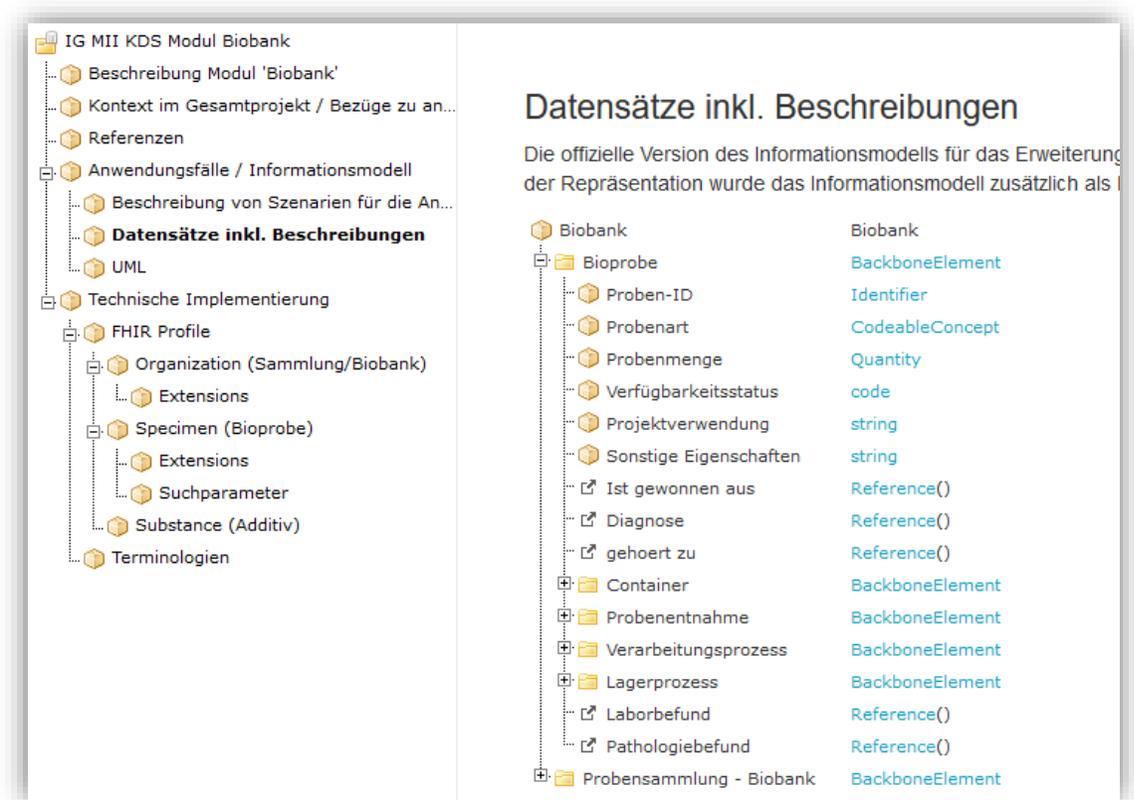


Abbildung 4: Ablauf der technischen Spezifikation eines neuen Kerndatensatzmoduls



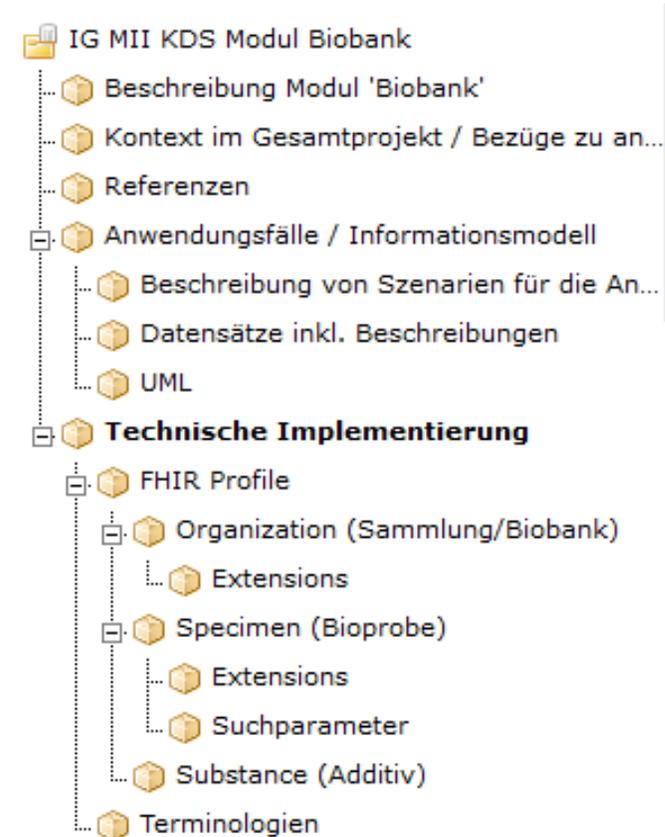
Informationsmodell in FHIR: LogicalModel

- „Durchschlag“ aus Art-Decor
- Aber als FHIR-Struktur
- Mit FHIR-Datentypen
- Kann mit FHIR Tools bearbeitet werden
- Kardinalitäten und Datentypen nicht verbindlich!



FHIR-Artefakte eines Modules

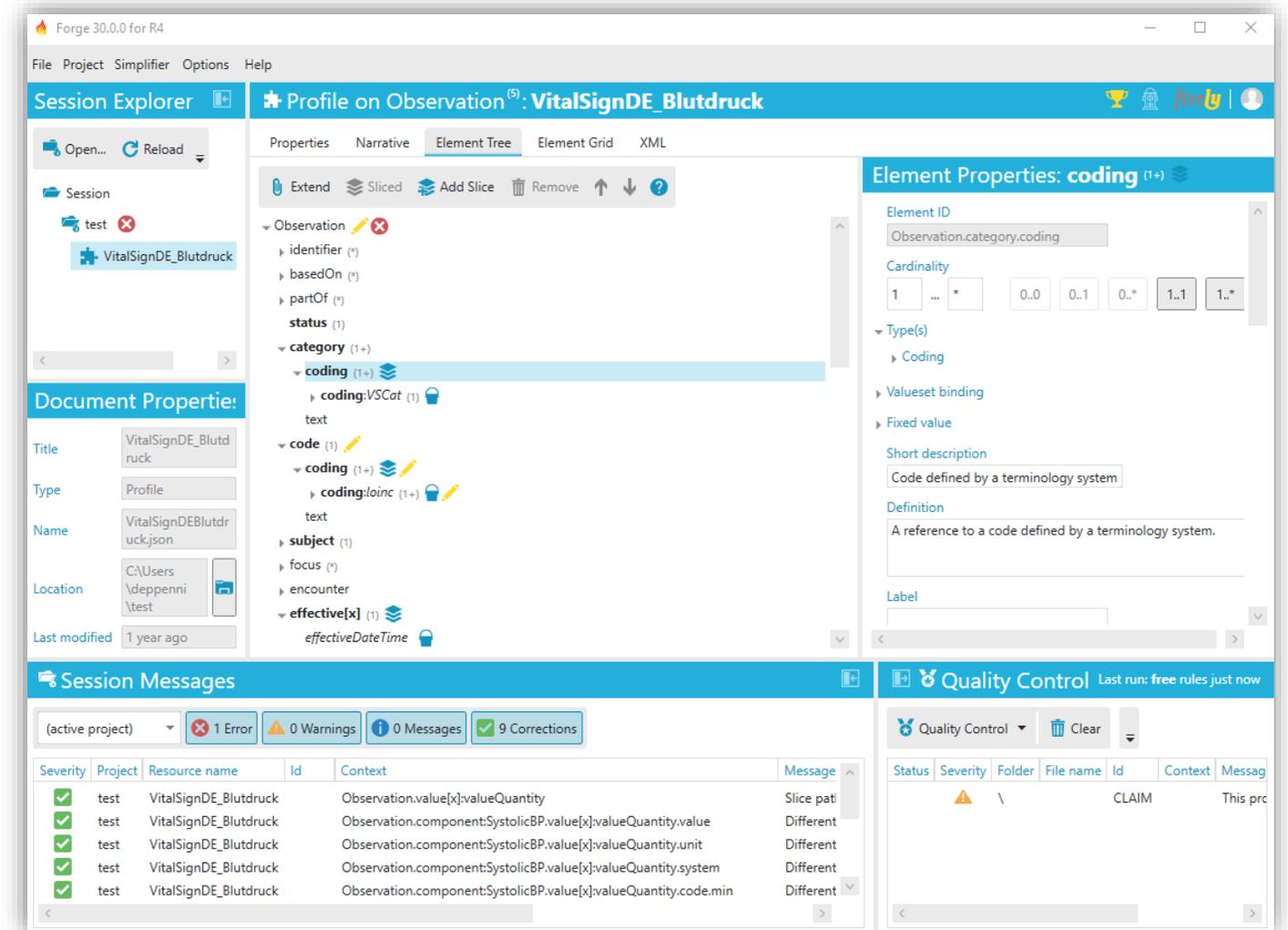
- Profile
 - Dazugehörige Extensions
 - Dazugehörige Suchparameter
 - Für alle neuen Module gilt:
 - Für alle MustSupport Felder muss ein Suchparameter vorhanden sein
 - CapabilityStatement
- Terminologien
 - Finden bzw. Erstellen von CodeSystemen
 - Erstellen von ValueSets
 - uU Erstellen von ConceptMaps

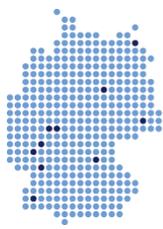




Tool: Forge

- Kommerzielles Tool von Firely
- Grafische Oberfläche
- Unterstützt:
 - Profile
 - Extensions
 - LogicalModels
 - SearchParameter
 - OperationDefinitions





Tool: FSH/SUSHI

- Fhir ShortHand (Definitionssprache)
 - HL7 Standard (<https://hl7.org/fhir/uv/shorthand/>)
 - Kann gut über Git verwaltet werden
 - „Syntactic Sugar“ für viele häufige FHIR-Artefakte
 - Grundlegende Unterstützung für alle Ressourcen
 - Einbindung in IGPublisher
- SUSHI Unshortens ShortHand Input (Übersetzer)
 - Apache 2.0 Lizenz
 - Node.js basiert
 - <https://fshschool.org/>
- + GoFSH (JSON -> FSH)





Praktische Übung: FSH/SUSHI

<https://fshschool.org/> -> Play with FSH

CodeSystem mit Codes & Beschreibungen für Wetterlagen:

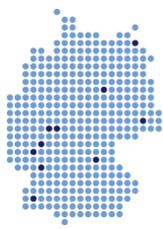
- Sonnig
 - Leicht bewölkt
 - Bewölkt
 - Regen
 - Schnee
 - Nebel
 - Sturm
- Domain: miracum-wetter.de
 - Tipp: **FSH Examples**

Praktische Übung: FSH/SUSHI



miracum

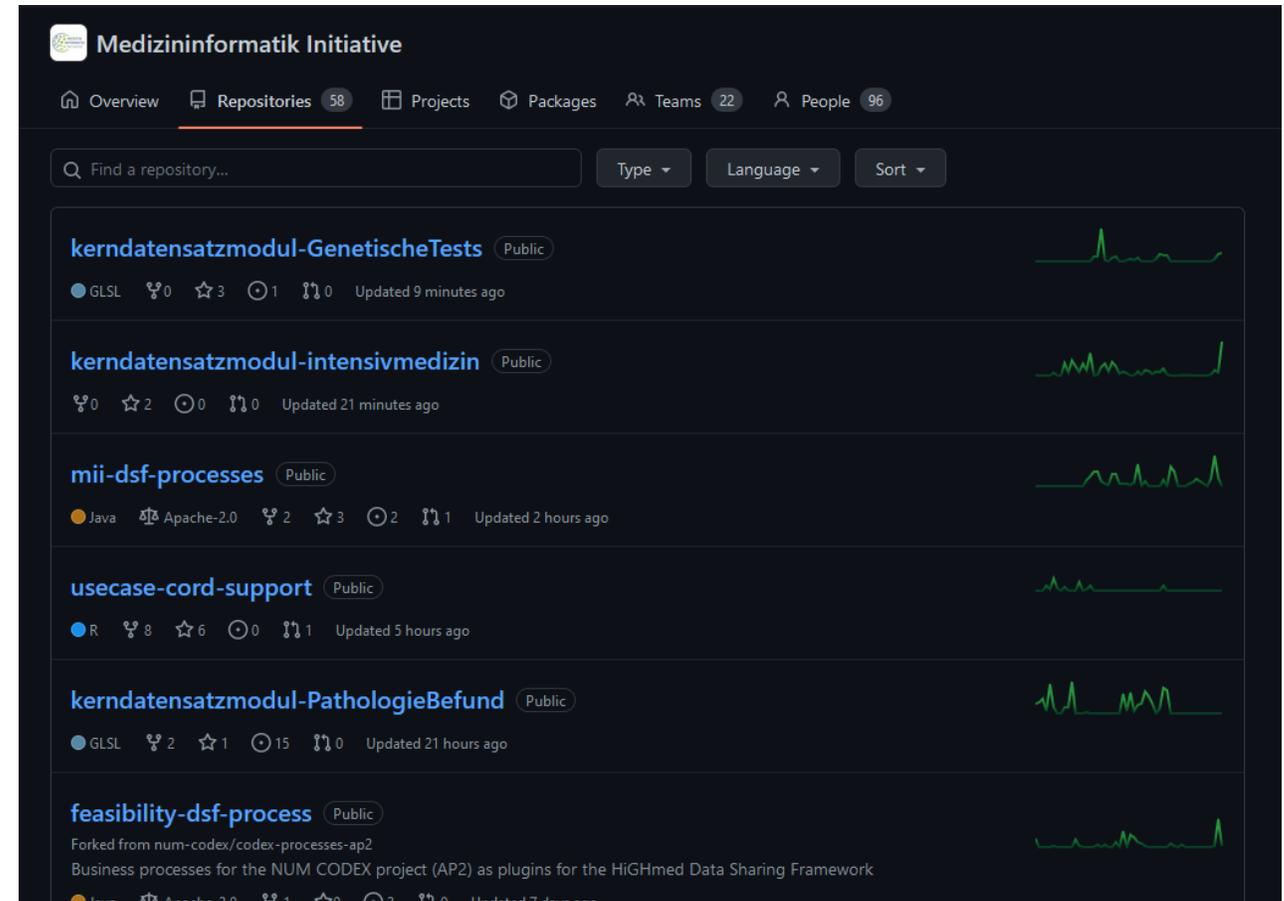
<https://fshschool.org/FSHOnline/#/share/3zLIPv5>



Tool: Github

<https://github.com/medizininformatik-initiative>

- Verwaltung der FHIR-Artefakte
- Ein Repo pro Modul
- Außerdem: Issue Tracking
- Umstieg von Simplifier Issues zu Github Issues im Gespräch





Tool: Simplifier

- Kommerzielles Tool von Firely
- Lizenzen werden über MII bereitgestellt
- Github-Sync
- ImplementationGuide Authoring
- Package-Verwaltung
- Stabile **Packages** sind hier zu finden
- Beginn i.d.R. mit Version 0.9 zur Kommentierung

The screenshot shows the SIMPLIFIER.NET website interface. At the top, there is a yellow header with the logo and navigation links for SNIPPETS, FEEDBACK, and a user profile. Below the header is a search bar and a row of utility icons: Query, Quality Control, Bake, Github, Subscribe, API, Files, Download, and Manage. The main content area features a breadcrumb trail: PROJECT OF Medizininformatik Initiative > **Medizininformatik Initiative - Modul Biobank** > Medizininformatik Initiative - Modul Biobank. A green notice box states: "Dies ist die Arbeitsversion des Moduls Biobank der Medizininformatik-Initiative. Die Ressourcen unterliegen laufenden Änderungen und sind nicht für die unmittelbare Implementierung geeignet. Stabile Versionen der Ressourcen werden als Packages publiziert. Stabile Versionen des Implementierungsleitfadens sind hier publiziert." Below this, there are tabs for PUBLIC PROJECT, FHIR, R4, Scope, National, DE, and Subscriptions (4). A navigation menu includes Introduction, Resources, Guides, Team, Log, Webhook, Issues (1), Dependencies, and Packages. The 'Resources' section lists various categories with counts: Profiles (4), ValueSets (6), CodeSystems (2), Extensions (6), SearchParameters (1), ConceptMaps (4), ImplementationGuides (1), LogicalModels (1), Texts (22), Images (10), Layouts (3), and PackageManifests (1). The main content area displays the title 'Medizininformatik-Initiative - Kerndatensatz - Modul Biobank' and an 'Übersicht' section. The overview text describes the project as an FHIR specification for the 'Biobank' extension module. A 'Status' section explains that artifacts have a status (Draft, Ballot, etc.) and that draft profiles are not yet balloted. A 'Kurzzusammenfassung' section notes that bioprobes are prospectively used in disease-specific and population-based biobanks.

Tool: MII-Website

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

- IGs können von Simplifier als HTML-Zip exportiert werden
- Veröffentlichung auf MII-Website erstmals zur Kommentierungsphase

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 Mod Initiative. Im Folgenden werden die Use Case des Moduls, sowie die dazugehörigen FHIR R ihrer verbindlichen Form beschrieben.

Veröffentlichung	
Datum	11.03.20...
Version	1.0
Status	Active
Realm	DE

Inhaltsverzeichnis

- IG MII KDS Modul Biobank
 - Beschreibung Modul 'Biobank'
 - Kontext im Gesamtprojekt / Bezüge zu anderen Modulen
 - Referenzen
 - Anwendungsfälle / Informationsmodell
 - Beschreibung von Szenarien für die Anwendung der Module
 - Datensätze inkl. Beschreibungen
 - UML
 - Technische Implementierung
 - FHIR Profile
 - Terminologien

Impressum

Dieser Leitfaden ist im Rahmen der Medizininformatik Initiative erstellt worden und unterlieg

Schritt 2c: Freigabeprozess

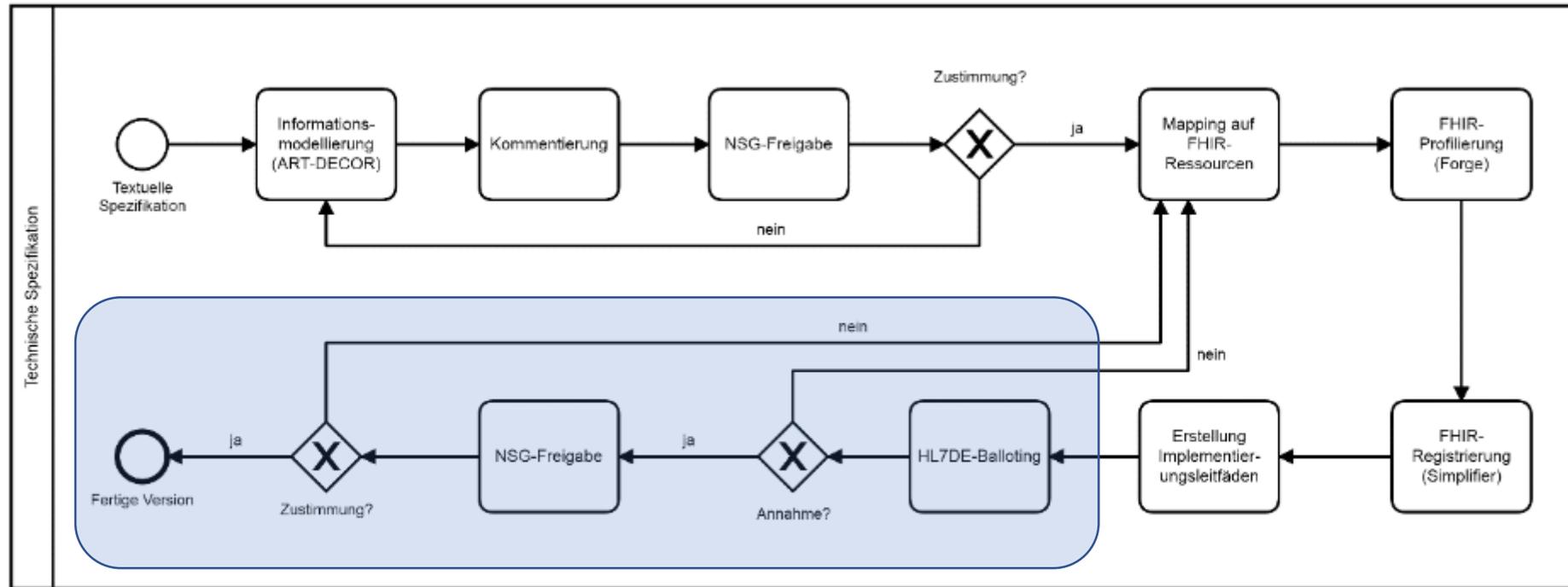


Abbildung 4: Ablauf der technischen Spezifikation eines neuen Kerndatensatzmoduls



Kommentierungsverfahren über HL7 Deutschland

- Während bei einem Abstimmungsverfahren tatsächlich abgestimmt wird, wird hier „nur“ Feedback gesammelt
- Ankündigung über HL7 Deutschland Newsletter (<https://hl7.de/>)
- Fristen müssen eingehalten werden (Ankündigung / Dauer)

HL7 News Deutschland

Sehr geehrte Mitglieder und Interessierte von HL7 Deutschland,

gerne informieren wir Sie in diesem Newsletter über die folgende Kommentierungsphase zum MIO DiGA Toolkit und über das neue HL7 Magazin.

Vorstand und Geschäftsführung, HL7 Deutschland

Ankündigung Kommentierung MIO DiGA Toolkit 1.1.0

Die mio42 GmbH startet in der nächsten Woche eine neue Kommentierungsphase:

Version 1.1.0 des DiGA Toolkits

...ist bereit für Ihr Feedback. Vom 4. – 17. Oktober haben Sie die Chance, Ihre Kommentare an die mio42 zu übermitteln. Nähere Informationen und Kommentierungsmöglichkeiten [finden Sie hier](#).

Nach § 355 Abs. 2a SGB V ist vorgesehen, dass das MIO zum Ende jedes Kalenderhalbjahres fortgeschrieben wird. Im Anschluss an die Erstfestlegung im Juni 2022 setzt die mio42 nun die geplante Weiterentwicklung des MIO DiGA Toolkit fort.

Bitte beteiligen Sie sich an der Kommentierung.

Unser neues HL7 Magazin



Tool: Simplifier-Issues

- Können mit Simplifier-Account erstellt werden
- Diskussionen möglich
- Markieren als „Closed“ möglich

Introduction Resources Guides Team Log Webhook Issues 1 Dependencies Packages

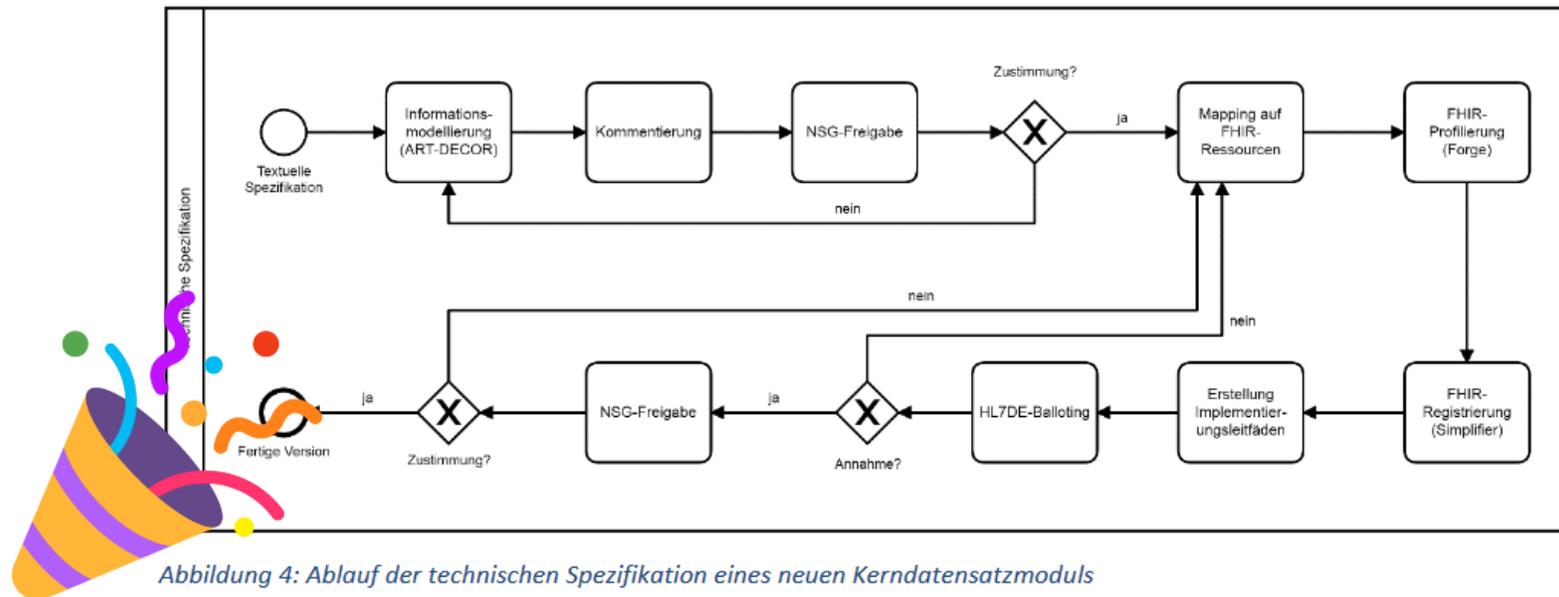
Open issues ▾ All level ▾ 1 Open ✓ 28 Closed New issue

specimen.type binding
#2441 opened 2 days ago by Natalia Strauch 1

Page Size: 25 ▾

Finale Freigabe durch AG IOP / NSG

- Für Veröffentlichung eines 1.0 Packages und 1.0 ImplementationGuides auf MII Website AG IOP / NSG Beschluss nötig
- Wieder: Fristen und Formvorgaben sind einzuhalten



Schritt 2d: Nach 1.0 ist vor 2.0

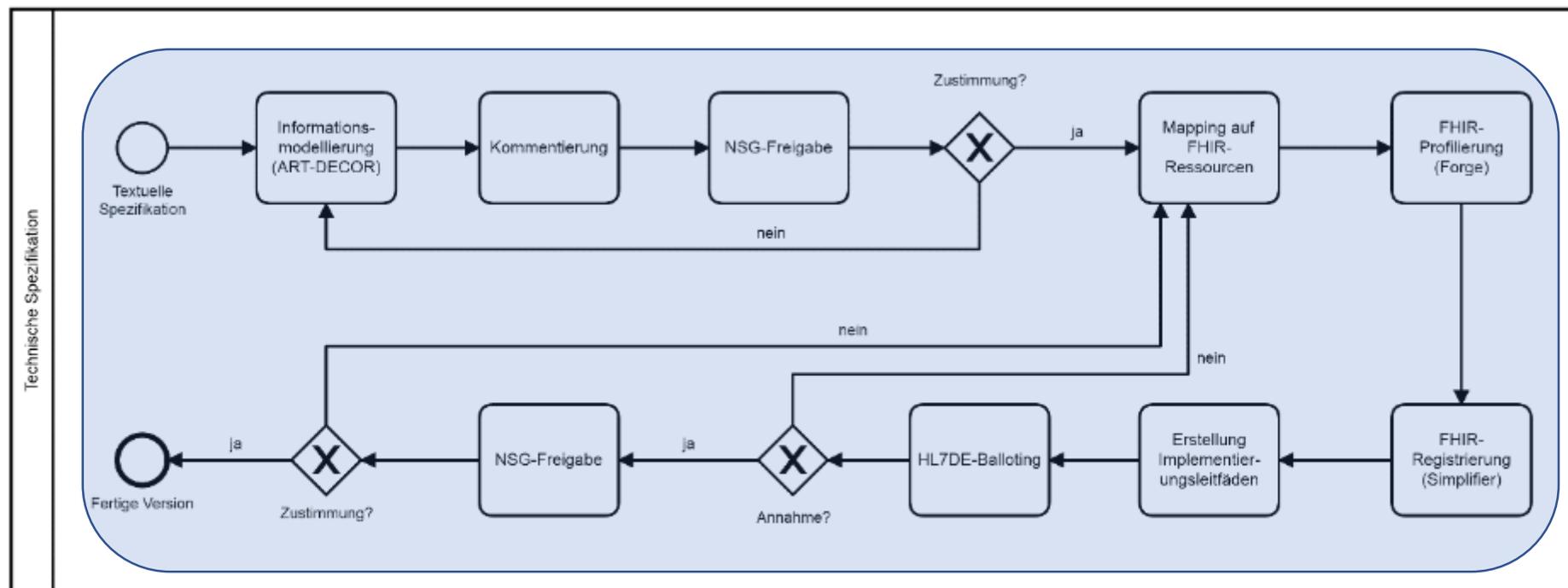
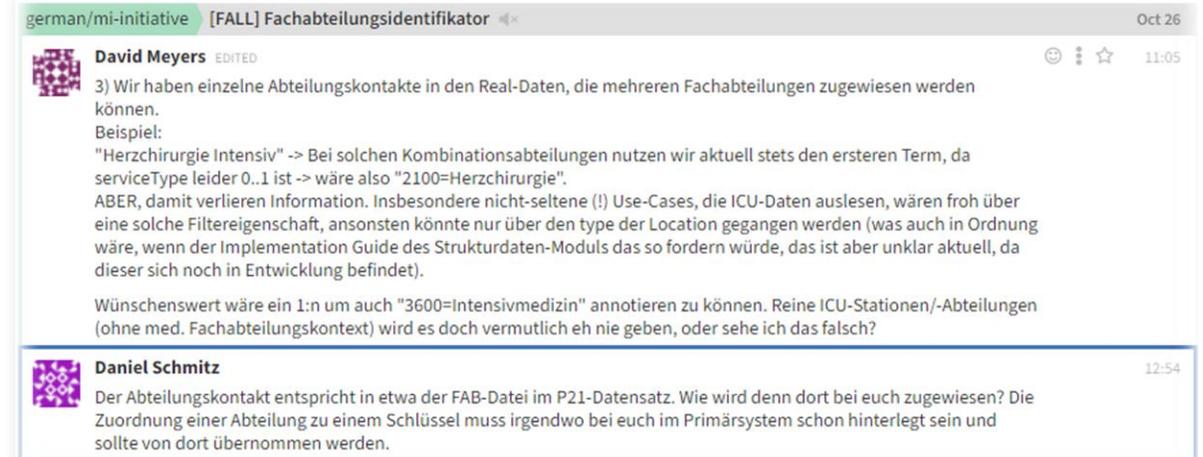


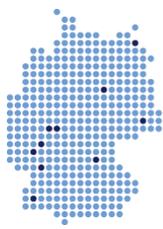
Abbildung 4: Ablauf der technischen Spezifikation eines neuen Kerndatensatzmoduls



Kommentare nach der Kommentierung: Zulip

- KDS-Module werden oft erst nach der NSG-Freigabe weitläufig implementiert
- Unzulänglichkeiten fallen erst nach der Freigabe auf
- Kleinere Änderungen können direkt von der „Technikebene“ umgesetzt werden
- Feedback jederzeit im chat.fhir.org
- Gerne auch nachdrücklich nerven 😊





Änderungsübersicht: SemVer & Changelog

- Packagerelases > IG-Releases
- Kleine Fixes: Dritte Stelle
- Inhaltsupdates: Zweite Stelle
- Breaking Changes oder große Inhaltsupdates: Erste Stelle
- Bei großen inhaltlichen Änderungen: update Informationsmodell & Freigabeprozess

The screenshot shows the NPM package page for `de.medizininformatikinitiative.kerndatensatz.laborbefund` version 1.0.6. The package is categorized as FHIR R4 and PUBLIC. It features tabs for 'Introduction' and 'Files'. Under 'Install instructions', there are tabs for 'Firely Terminal' and 'Npm'. A terminal snippet shows the command `> fhir install de.medizininformatikinitiative.kerndatensatz.laborbefund 1.0.6`. A yellow banner below the terminal suggests downloading Firely Terminal. The 'Release notes' section lists three updates: 1) Adjusting the `/NamingSystem` pattern in examples to match German Basisprofile `/sid` recommendations. 2) Making the package compatible with `obs-6`, where `.value` should not be a required field. 3) Adding a `Constraint mii-lab-2`: If no lab value is available, a `dataAbsentReason` must be provided.



... derweil im DIZ

- Wie geht ihr bei der Implementierung eines neuen Modules vor?
- Beispielworkflow:
 - Quellsystem(e) identifizieren
 - Profile neben das Datenbankschema legen
 - Check 1: Bekommen wir alle Pflichtfelder (1..1) befüllt?
 - Check 2: Wo ist die Information für die MS Felder?
 - Check 3: Haben wir noch weitere Informationen, die wir in den Ressourcen unterbringen können / wollen?
 - Check 4: Müssen wir Codes / Textfelder mappen?
 - -> Implementierung
 - ... und iterative Verbesserung
- Was steht in meta.profile & meta.source?
 - `kdbp.fau.patprozeduren:kdbp-to-fhir:1.22.7`

Ich beiteilge mich an der Entwicklung des KDS ...

0

als Teil eines Modulteams

0

als Sprecher:in eines Modulteams durch Teilnahme an einer Kommentierungspha

0

0

durch Feedback z.B. auf Zulip



Wie könnten die MII Prozesse transparenter gestaltet werden?

mehr Einbindung auf Arbeitsebene (man hat oft das Gefühl, dass vieles "über" einem entschieden wird)

offene Teilnahme für alle

Das Vorgehen (wie ein neues Modul eingeführt wird, Kommentierungsphase abläuft) transparenter darstellen; mehr Schulungen zu FHIR (eher nur Halbwissen --> Unsicherheit für Mitarbeit)

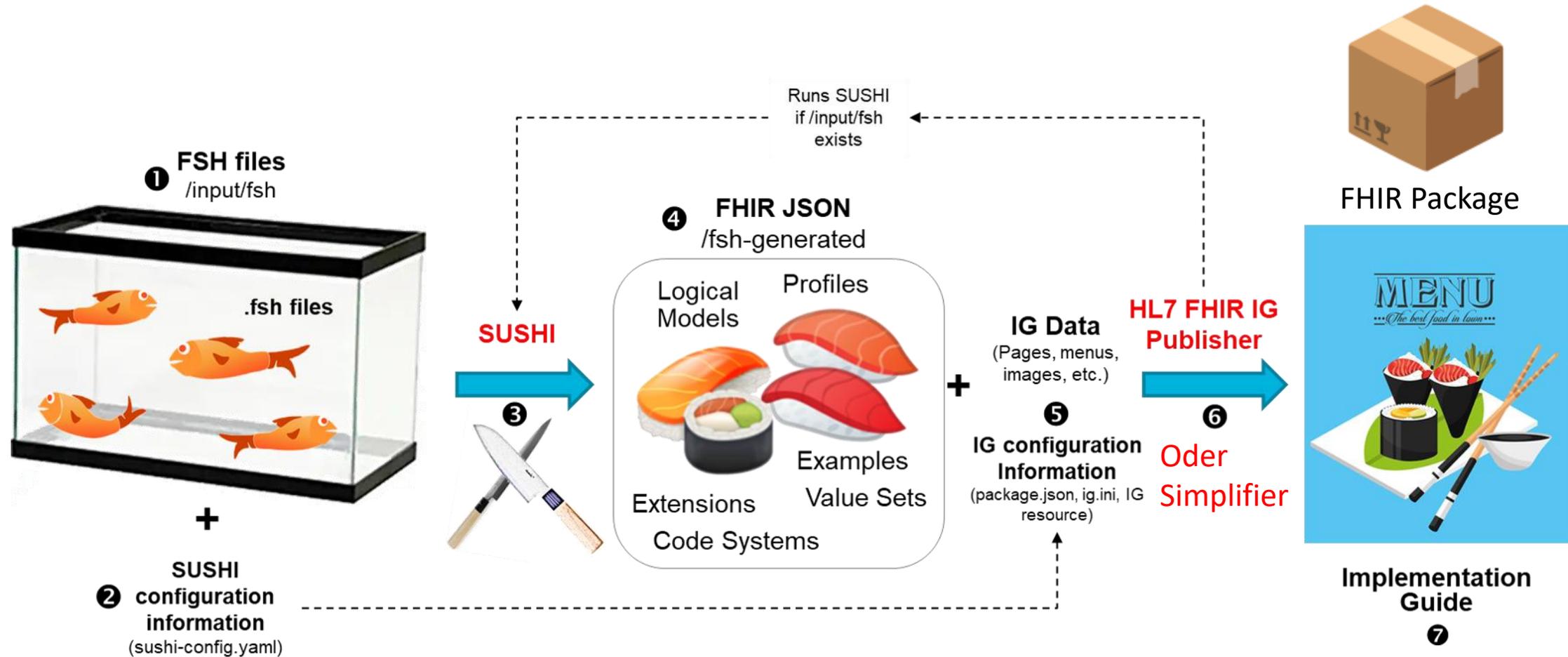
Ab und zu "Botschafter" in Telkos schicken, die aktuelle Arbeiten kurz vorstellen.

Bessere Notification wenn es ein Update eines Profil/Modul gibt. Aktuell muss man per Zulip erfahren. Die Notification von Simplifier ist ein bisschen spät.

Teile eines FHIR IGs

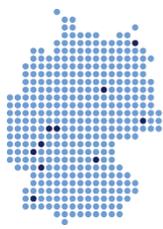


miracum



Credits: Sushi clipart from Google and WhatsApp rendering of Unicode 6.0 sushi emoji, Sushi menu from PNGWave, Non-Commercial Use, no attribution required (<https://www.pngwave.com/png-clip-art-oxcer/>)

<https://build.fhir.org/ig/HL7/fhir-shorthand/overview.html>



FHIR-Packages

- Die meisten Tools speichern Packages im *.fhir* Ordner
- Manueller Download von Simplifier auch möglich
- Auch: <https://registry.fhir.org/>
- Enthalten FHIR-Ressourcen (keine IG-Texte!)
- Achtung: Profilversion != Package-Version (bei älteren Simplifier-Packages)

Name	Änderungsdatum	Typ	Größe
examples	04.11.2022 16:36	Dateiordner	
.index.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	10 KB
cps-mii-person-capabilitystatement.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	25 KB
cs-mii-person-vitalstatus.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	2 KB
medizininformatikinitiative-modulperso...	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	3 KB
medizininformatikinitiative-modulperso...	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	3 KB
medizininformatikinitiative-modulperso...	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	3 KB
medizininformatikinitiative-modulperso...	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	3 KB
package.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	1 KB
sd-mii-person-logicalmodel.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	27 KB
sd-mii-person-patient.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	17 KB
sd-mii-person-patientpseudonymisiert.js...	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	10 KB
sd-mii-person-proband.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	3 KB
sd-mii-person-todesursache.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	4 KB
sd-mii-person-vitalstatus.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	5 KB
sp-mii-person-adresszusatz.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	1 KB
sp-mii-person-assignerpid.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	1 KB
sp-mii-person-consent.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	1 KB
sp-mii-person-gemeindegemeinschaft.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	1 KB
sp-mii-person-hausnummer.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	1 KB

Im FHIR Package enthaltene Ressourcen



miracum

Name	Änderungsdatum	Typ	Größe
examples	04.11.2022 16:36	Dateiordner	
.index.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	10 KB
cps-mii-person-capabilitystatement.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	25 KB
cs-mii-person-vitalstatus.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	2 KB
medizininformatikinitiative-modulperso...	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	3 KB
medizininformatikinitiative-modulperso...	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	3 KB
medizininformatikinitiative-modulperso...	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	3 KB
medizininformatikinitiative-modulperso...	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	3 KB
package.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	1 KB
sd-mii-person-logicalmodel.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	27 KB
sd-mii-person-patient.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	17 KB
sd-mii-person-patientpseudonymisiert.js...	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	10 KB
sd-mii-person-proband.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	3 KB
sd-mii-person-todesursache.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	4 KB
sd-mii-person-vitalstatus.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	5 KB
sp-mii-person-adresszusatz.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	1 KB
sp-mii-person-assignerpid.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	1 KB
sp-mii-person-consent.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	1 KB
sp-mii-person-gemeindeschlüssel.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	1 KB
sp-mii-person-hausnummer.json	04.11.2022 16:36	JSON-Datei	1 KB



Fragen an die Runde:

- Nutzt ihr mehrere Profilversionen gleichzeitig?
- Wie geht ihr mit Updates um?
- Wie geht ihr mit Deletes um? (Referenzielle Integriät)



miracum

Medical Informatics in Research and Care in University Medicine



miracum

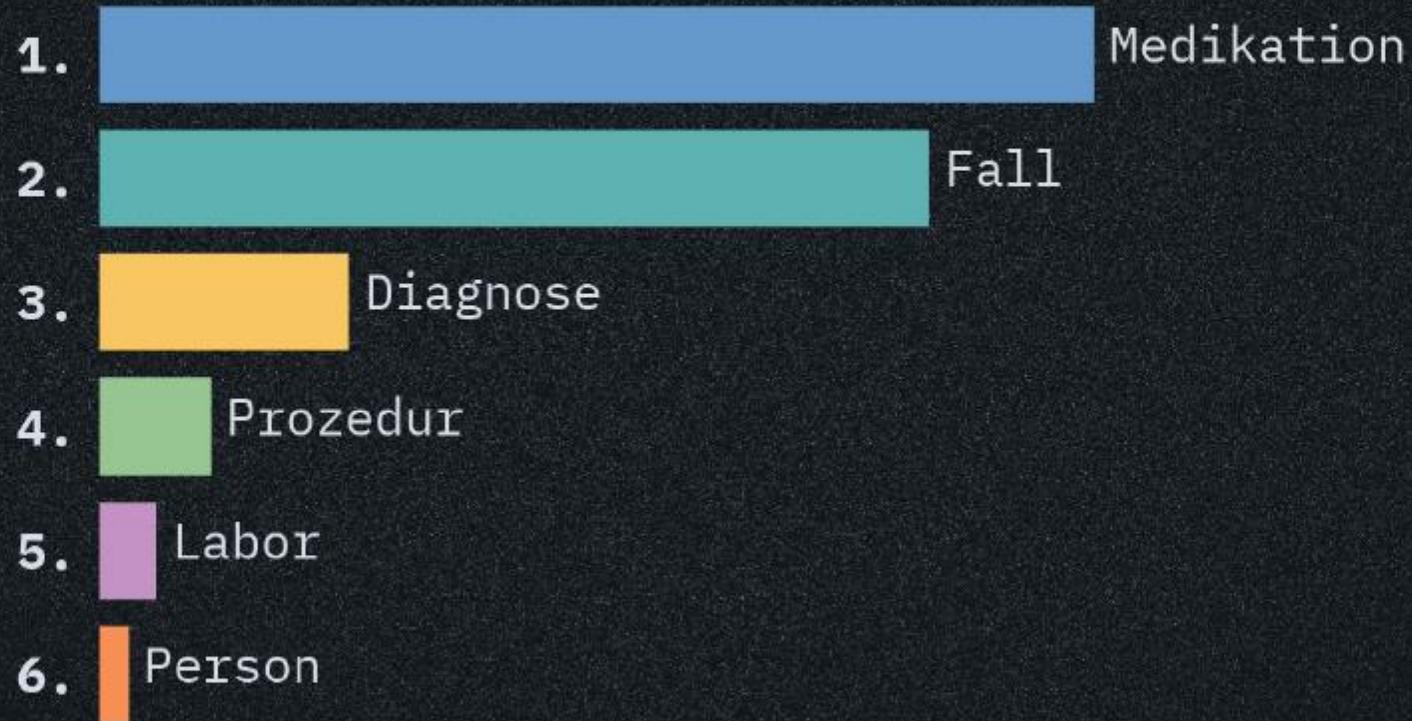
KDS Deep Dive Teil 2: Basis & Erweiterungsmodule

Noemi Deppenwiese

8.11.2022

MIRACUM Hospitation

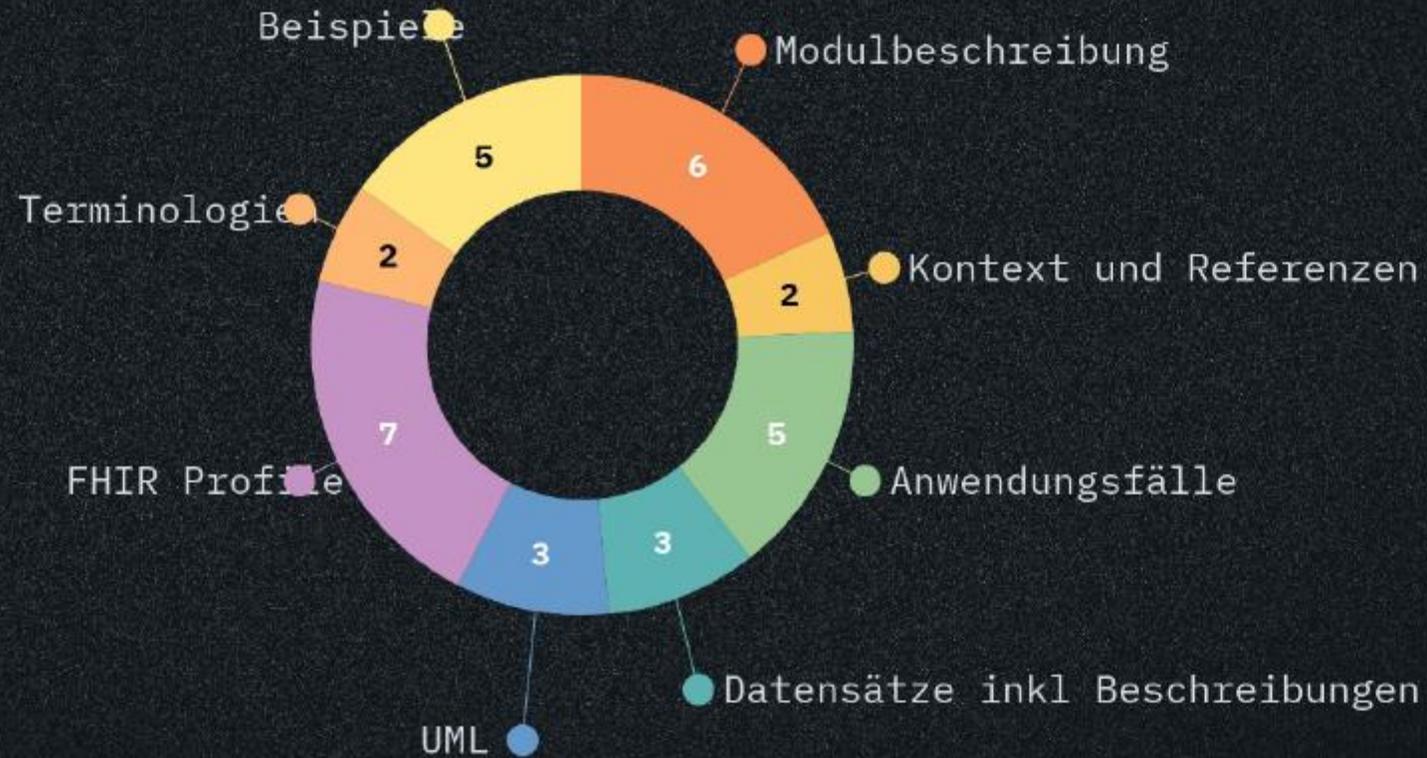
Welches Basismodul ist am schwierigsten zu implementieren?



Das größte Problem bei der
implementierung des Kerndatensatzes
ist/sind...

die quellsysteme
updates ohne datenverlust
referenzieren
referenzen
konstruierte daten
freitext
unstrukturierte daten

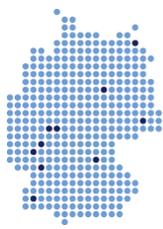
Welchen Teil eines KDS IGs lest ihr wirklich?





Modul: Person - Hintergrund

- Vorschauversion: 2.0.0-ballot2
- Aktuelle stabile Version: 1.0.16
- In aktueller Version IDAT (Name etc.) Pflichtfelder
- 2.0 mit Unterstützung „nur“ pseudonymisierter Patienten
- GKV und PKV Nummer (zukünftiger Merge)
- Weitere Profile: Vitalstatus, Todesursache, Proband:in



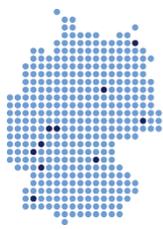
Modul: Fall - Hintergrund

- Wurde in der Kommentierungsphase „back to the drawing board“ geschickt
- Aktuelle stabile Version: 1.0.0
- Aktuell: Einfaches Aufbaumodell, komplexes Ausbaumodell in Arbeit
- Was ist überhaupt ein Fall ?!!



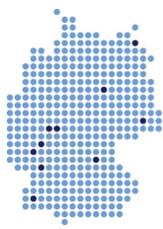
Zusammenstellung von Simone Heckmann:

https://docs.google.com/presentation/d/1BOqx5sLmuzLzHatg2Y6jGdjqvNGj6k_ths9IsUwgCeM/edit#slide=id.p



Modul: Fall - Hintergrund

- In der MII ist ein Fall ein „Kontakt“
- ... plus einige Infos aus Abrechnungskontext, da hier schon viel standardisiert
- Achtung: Nur ein Profil für alle drei bis jetzt definierten Ebenen
- Im aktuellen Modell noch einige offene Fragen (z.B. ambulante Fälle)
- Aus den Ebenen folgendes Problem: Welches Profil anderer Module referenziert welche Ebene?
- ... und wie werde Diagnosen und Prozeduren überhaupt eingebunden
- Auch deutsche Basisprofile konsultieren



Modul: Prozedur - Hintergrund

- Vorschauversion: 2.0.0-alpha2
- Aktuelle stabile Version: 1.0.7
- Breaking Change: URL der Extension für das Dokumentationsdatum ändert sich, da jetzt in deutschen Basisprofilen
- Nur ein Profil: Procedure
- BodySite soll SNOMED codiert werden
- SNOMED category (mit OPS Mapping)
- OPS Codes eher abrechnunggetrieben als für medizinische Auswertungen
- ... wie Link zum Fall? (Encounter-Referenz nicht mal MS, aber im UML)



Modul: Diagnose - Hintergrund

- Vorschauversion: 2.0.0-alpha3
- Aktuelle stabile Version: 1.0.4
- Breaking Change: Änderungen bei der ICD-10-GM Codierung
- Neu: Jeder „Teilcode“ ist eine eigene Condition
- Erkennungsmerkmal: URL enthält *bfarm* statt *dimdi*
- Nötig, um Codiervorgaben bzgl. Diagnosesicherheit umzusetzen
- Status muss zusammenpassen
- Hier auch deutsche Basisprofile beachten!
- ... in Version 1 *encounter* nicht MS, in Version 2 schon



Modul: Medikation - Hintergrund

- Aktuelle stabile Version: 1.0.11
- Arbeitsversion 2.0.0
- Medikamente (Medications), Gaben und Einnahmen (MedAdministrations und MedStatements)
- Ergänzung weiterer Informationsobjekte:
 - Medikationsplan
 - Verschreibung
- MedicationStatement und List enthalten jetzt Fallkontext (z.B. Aufnahme oder Entlassung)



Modul: Labor - Hintergrund

- Aktuelle stabile Version: 1.0.6
- Laboranforderung (ServiceRequest), Befund (DiagnosticReport) bestehend aus Ergebnissen (Observations)
- LOINC codierte Untersuchungs_codes
- Als Ergebnisse nur Quantities oder semantische Codes zulässig
- Problematik:
 - Einheiten der gleichen Untersuchung an verschiedenen Standorten unterschiedlich
 - Sehr viele mögliche Ergebniscodes für Mapping von Ergebnissen (GECCO vs Dashboard!)

Auf welches Erweiterungsmodul wartet ihr sehnsüchtig?

bilddaten

onkologie

klinische bilddaten



Modul: Biobank - Hintergrund

- Entitäten für Bioproben und Sammlungen
- SNOMED CT Codes für Probentypen
- Verknüpfung zu einer Diagnose über Extension
- Verknüpfung zu Fall nur über ServiceRequest (Achtung Richtung!)

Modul: Onkologie - Hintergrund



miracum

- Aktueller Entwurf von FHIR-Profilen aus DKTK
- Sehr ADT nah

Vielen Dank für Ihre Aufmerksamkeit!



@miracum_de



Universitätsklinikum
Erlangen

