OHDSI内では、実名での活動になります。
Zoom参加時も「名前は実氏名で」お願いします。

OHDSI Japan evening conference #33

イブニング カンファレンス(第33回)

2022.8.29

OHDSI関連論文

Pubmedで”OHDSI or OMOP”を検索

pubmed.ncbi.nlm.nih.govにて作成

全期間累計：7月276本→8月280本

OHDSI論文
新規1

改良版のPheValuatorが出ました
(カルテチェック法との差が縮まりました)

J Biomed Inform. 2022 Aug 19;104177. doi: 10.1016/j.jbi.2022.104177. Online ahead of print.

PheValuator 2.0: Methodological improvements for the PheValuator approach to semi-automated phenotype algorithm evaluation

Joel N Swerdel [1], Martijn Schuemie [2], Gayle Murray [3], Patrick B Ryan [4]

Affiliations – collapse

Affiliations

1 Janssen Research and Development, Titusville, NJ, USA; Observational Health Data Sciences and Informatics (OHDSI), New York, NY. Electronic address: jswerdel@its.jns.com.
2 Janssen Research and Development, Titusville, NJ, USA; Observational Health Data Sciences and Informatics (OHDSI), New York, NY.
3 Janssen Research and Development, Titusville, NJ, USA.
4 Janssen Research and Development, Titusville, NJ, USA; Columbia University, New York, NY, USA; Observational Health Data Sciences and Informatics (OHDSI), New York, NY.

PMID: 35995107 DOI: 10.1016/j.jbi.2022.104177

Abstract

Purpose: Phenotype algorithms are central to performing analyses using observational data. These algorithms translate the clinical idea of a health condition into an executable set of rules allowing for queries of data elements from a database. PheValuator, a software package in the Observational Health Data Sciences and Informatics (OHDSI) tool stack, provides a method to assess the performance characteristics of these algorithms, namely, sensitivity, specificity, and positive and negative predictive value. It uses machine learning to develop predictive models for determining a probabilistic gold standard of subjects for assessment of cases and non-cases of health conditions. PheValuator was developed to complement or even replace the traditional approach of algorithm validation, i.e., by expert assessment of subject records through chart review. Results in our first PheValuator paper suggest a systematic underestimation of the PPV compared to previous results using chart review. In this paper we evaluate modifications made to the method designed to improve its performance.

Methods: The major changes to PheValuator included allowing all diagnostic conditions, clinical observations, drug prescriptions, and laboratory measurements to be included as predictors within the modeling process whereas in the prior version there were significant restrictions on the included predictors. We also have allowed for the inclusion of the temporal relationships of the predictors in the model. To evaluate the performance of the new method, we compared the results from the new and original methods against results found from the literature using traditional validation of algorithms for 19 phenotypes. We performed these tests using data from five commercial databases.

Results: In the assessment aggregating all phenotype algorithms, the median difference between the PheValuator estimate and the gold standard estimate for PPV was reduced from -21 (IQR -34, -3) in Version 1.0 to 4 (IQR -3, 15) using Version 2.0. We found a median difference in specificity of 3 (IQR 1, 4.25) for Version 1.0 and 3 (IQR 1, 4) for Version 2.0. The median difference between the two versions of PheValuator and the gold standard for estimates of sensitivity was reduced from -39 (-51, -20) to -16 (-34, -6).

Conclusion: PheValuator 2.0 produces estimates for the performance characteristics for phenotype algorithms that are significantly closer to estimates from traditional validation through chart review compared to version 1.0. With this tool in researcher's toolkits, methods, such as quantitative bias analysis, may now be used to improve the reliability and reproducibility of research studies using observational data.

概要
目的: 観察データを用いた解析の中心はPhenotypingアルゴリズムである。これらのアルゴリズムは、健康状態の臨床的な考え方を、データベースからのデータ要素のクエリーを可能にする実行可能なルールのセットに変換するものである。PheValuatorは、OHDSIツールスタックのソフトウェアパッケージで、これらのアルゴリズムの性能特性、すなわち感度、特異度、陽性および陰性予測値を評価する方法を提供する。これは、健康状態の症例と非症例を評価するための被験者の確率的なゴールドスタンダードを決定するための予測モデルを開発するために機械学習を使用しています。PheValuatorは、従来のアルゴリズム検証のアプローチ、すなわちカルテレビューによる被験者記録の専門家評価によるものを補完、あるいは代替するために開発されました。私たちの最初のPheValuatorの論文の結果は、チャートレビューを使用した以前の結果と比較して、PPVの系統的な過小評価を示唆しています。この論文では、PheValuatorの性能を向上させるために行われた手法の改良を評価する。
方法: PheValuatorの主な変更点は、すべての診断条件、臨床観察、薬剤処方、検査値を予測因子としてモデル化プロセスに含めることができるようになったことである。また、予測変数の時間的関係もモデルに含めることができるようにした。新しい手法のパフォーマンスを評価するために、19の表現型に対するアルゴリズムの従来の検証を使用して、文献から発見された結果に対して、新しい手法とオリジナルの手法からの結果を比較しました。これらの検証は、5つの商用データベースからのデータを用いて行った。
結果: すべての表現型アルゴリズムを集約した評価では、PPVのPheValuator推定値とゴールドスタンダード推定値の差の中央値は、バージョン1.0の-21（IQR -34, -3）からバージョン2.0では4（IQR -3, 15）に減少しました。特異度の差の中央値は、Version 1.0では3（IQR 1, 4.25）、Version 2.0では3（IQR 1, 4）であった。PheValuatorの2つのバージョンと感度の推定値に関するゴールドスタンダードとの差の中央値は、-39（-51、-20）から-16（-34、-6）に減少した。
結論: PheValuator 2.0は、バージョン1.0と比較して、チャートレビューによる従来のバリデーションによる推定値に著しく近い表現型アルゴリズムの性能特性の推定値を生成する。このツールを研究者のツールキットに加えることで、定量的バイアス分析などの手法を、観察データを用いた研究の信頼性と再現性を向上させるために用いることができるようになりました。

後日詳細に紹介します

OHDSI論文
新規2

ルワンダでもOMOP CDMネットワークを作ります

› BMC Med Inform Decis Mak. 2022 Aug 12;22(1):214. doi: 10.1186/s12911-022-01965-9.

Leveraging artificial intelligence and data science techniques in harmonizing, sharing, accessing and analyzing SARS-COV-2/COVID-19 data in Rwanda (LAISDAR Project): study design and rationale

Aurore Nishimwe [1], Charles Ruranga [2], Clarisse Musanabaganwa [3], Regine Mugeni [4], Muhammed Semakula [3], Joseph Nzabanita [5], Ignace Kabano [2], Annie Uwimana [2], Jean N Utumatwishima [4], Jean Damascene Kabakambira [6], Annette Uwineza [6], Lars Halvorsen [7], Freija Descamps [7], Jared Houghtaling [7], Benjamin Burke [7], Odile Bahati [8], Clement Bizimana [8], Stefan Jansen [9], Celestin Twizere [10], Kizito Nkurikiyeyezu [10], Francine Birungi [9], Sabin Nsanzimana [3], Marc Twagirumukiza [9 11]

Affiliations + expand

PMID: 35962355 PMCID: PMC9372951 DOI: 10.1186/s12911-022-01965-9

Abstract

Background: Since the outbreak of COVID-19 pandemic in Rwanda, a vast amount of SARS-COV-2/COVID-19-related data have been collected including COVID-19 testing and hospital routine care data. Unfortunately, those data are fragmented in silos with different data structures or formats and cannot be used to improve understanding of the disease, monitor its progress, and generate evidence to guide prevention measures. The objective of this project is to leverage the artificial intelligence (AI) and data science techniques in harmonizing datasets to support Rwandan government needs in monitoring and predicting the COVID-19 burden, including the hospital admissions and overall infection rates.

Methods: The project will gather the existing data including hospital electronic health records (EHRs), the COVID-19 testing data and will link with longitudinal data from community surveys. The open-source tools from Observational Health Data Sciences and Informatics (OHDSI) will be used to harmonize hospital EHRs through the Observational Medical Outcomes Partnership (OMOP) Common Data Model (CDM). The project will also leverage other OHDSI tools for data analytics and network integration, as well as R Studio and Python. The network will include up to 15 health facilities in Rwanda, whose EHR data will be harmonized to OMOP CDM.

Expected results: This study will yield a technical infrastructure where the 15 participating hospitals and health centres will have EHR data in OMOP CDM format on a local Mac Mini ("data node"), together with a set of OHDSI open-source tools. A central server, or portal, will contain a data catalogue of participating sites, as well as the OHDSI tools that are used to define and manage distributed studies. The central server will also integrate the information from the national Covid-19 registry, as well as the results of the community surveys. The ultimate project outcome is the dynamic prediction modelling for COVID-19 pandemic in Rwanda.

Discussion: The project is the first on the African continent leveraging AI and implementation of an OMOP CDM based federated data network for data harmonization. Such infrastructure is scalable for other pandemics monitoring, outcomes predictions, and tailored response planning.

概要

背景: ルワンダでCOVID-19が大流行して以来，COVID-19検査や病院の日常診療データなど，膨大なSARS-COV-2/COVID-19関連データが収集されてきました。残念ながら、これらのデータは異なるデータ構造やフォーマットでサイロ化されており、この病気に対する理解を深め、その進行を監視し、予防策を導くためのエビデンスを生成するために使用することはできません。このプロジェクトの目的は、人工知能（AI）とデータサイエンスの技術を活用してデータセットを調和させ、ルワンダ政府のニーズである入院や全感染率などのCOVID-19の負担を監視・予測することを支援することです。

方法: このプロジェクトでは、病院の電子医療記録（EHR）、COVID-19検査データなどの既存データを収集し、コミュニティ調査からの縦断的データと連携させます。OHDSIのオープンソースツールを用いて、OMOP CDMにより病院のEHRを整合させます。また、データ解析やネットワーク統合のための他のOHDSIツール、R StudioやPythonも活用する予定です。ネットワークにはルワンダの最大15の医療施設が含まれ、そのEHRデータはOMOP CDMに整合化される予定です。

期待される成果: この研究では、参加する15の病院と医療センターが、OHDSIのオープンソースツール一式とともに、ローカルのMac Mini（「データノード」）上にOMOP CDM形式のEHRデータを持つ技術インフラを構築する予定です。中央サーバー（ポータル）には、参加施設のデータカタログと、分散型研究を定義・管理するために使用するOHDSIツールが置かれます。中央サーバーには、全国Covid-19レジストリからの情報、および地域調査の結果も統合される予定です。プロジェクトの最終的な成果は、ルワンダにおけるCOVID-19パンデミックの動的予測モデリングです。

考察: このプロジェクトは、アフリカ大陸で初めてAIを活用し、データ調和のためのOMOP CDMベースの連携データネットワークを実装したものである。このようなインフラは、他のパンデミックのモニタリング、結果予測、およびテーラーメードの対応計画に対して拡張可能です。

OHDSI論文
新規3

消化器症状とCOVID-19重症化の関連

› Gastro Hep Adv. 2022 Aug 7. doi: 10.1016/j.gastha.2022.06.015. Online ahead of print.

Associations Between Gastrointestinal Symptoms and COVID-19 Severity Outcomes, Based on a Propensity Score-Weighted Analysis of a Nationwide Cohort

Shailja C Shah [1 2], Andrew Canakis [3], Alese E Halvorson [4], Chad Dorn [5], Otis Wilson [6 7], Jason Denton [5], Richard Hauger [8 9], Christine Hunt [10 11], Ayako Suzuki [10 11], Michael E Matheny [5 7 12], Edward Siew [7 13], Adriana Hung [7 13], Robert A Greevy Jr [4 6], Christianne L Roumie [6 12 14]

Affiliations + expand

PMID: 35966642 PMCID: PMC9357443 DOI: 10.1016/j.gastha.2022.06.015

Abstract

Background and aims: Gastrointestinal (GI) symptoms are well-recognized manifestations of coronavirus disease 2019 (COVID-19). Our primary objective was to evaluate the association between GI symptoms and COVID-19 severity.

Methods: In this nationwide cohort of US veterans, we evaluated GI symptoms (nausea/vomiting/diarrhea) reported 30 days prior to and including the date of positive SARS-CoV-2 testing (March 1, 2020-February 20, 2021). All patients had >1 year of prior baseline data and >60 days follow-up relative to the test date. We used propensity score (PS)-weighting to balance covariates in patients with vs. without GI symptoms. The primary composite outcome was severe COVID-19, defined as hospital admission, intensive care unit (ICU) admission, mechanical ventilation, or death within 60-days of positive testing.

Results: Of 218,045 SARS-CoV-2 positive patients, 29,257 (13.4%) had GI symptoms. After PS-weighting, all covariates were balanced. In the PS-weighted cohort, patients with vs. without GI symptoms had severe COVID-19 more often (29.0% vs. 17.1%, P<0.001). When restricted to hospitalized patients (14.9%; n=32,430), patients with GI symptoms had similar frequencies of ICU admission and mechanical ventilation compared to patients without symptoms. There was a significant age interaction; among hospitalized patients >70 years old, lower COVID-19 associated mortality was observed in patients with vs. without GI symptoms, even after accounting for COVID-19-specific medical treatments.

Conclusion: In the largest integrated US healthcare system, SARS-CoV-2 positive patients with GI symptoms experienced severe COVID-19 outcomes more often than those without symptoms. Additional research on COVID-19 associated GI symptoms may inform preventive efforts and interventions to reduce severe COVID-19.

概要

背景と目的: 消化器症状（GI）症状は、コロナウイルス感染症2019（COVID-19）の症状としてよく知られている。我々の主要目的は、GI症状とCOVID-19の重症度との関連を評価することであった。

方法: 米国の退役軍人のこの全国的なコホートにおいて、SARS-CoV-2検査陽性日（2020年3月1日～2021年2月20日）の30日前とその日を含めて報告されたGI症状（吐き気／嘔吐／下痢）を評価した。すべての患者は、1年以上の先行ベースラインデータと、検査日に対して60日以上のフォローアップを有していた。傾向スコア（PS）重み付けを用いて，GI症状のある患者とない患者で共変量のバランスを取った．主要複合アウトカムは，検査陽性から 60 日以内の入院，集中治療室（ICU）入院，機械的換気，死亡と定義された重症 COVID-19 であった．

結果: SARS-CoV-2陽性患者218,045人のうち，29,257人（13.4%）がGI症状を有していた．PSによる重み付けの結果、すべての共変量はバランスしていた。PSで重み付けしたコホートでは，GI症状のある患者とない患者で，重度のCOVID-19がより多く認められた（29.0% vs. 17.1%，P＜0.001）．入院患者（14.9%、n=32,430）に限定すると、GI症状のある患者は症状のない患者と比較して、ICU入室および機械的換気の頻度が同程度であった。年齢との交互作用はみられた;70歳以上の入院患者では，COVID-19に特異的な治療を考慮しても，GI症状のある患者はない患者に比べCOVID-19に関連する死亡率が低いことが確認された。

結論: 米国最大の統合医療システムにおいて，消化器症状を有するSARS-CoV-2陽性患者は，症状のない患者に比べ，より頻繁に重篤なCOVID-19の転帰を経験していた．COVID-19に関連するGI症状に関するさらなる研究が，重症COVID-19を減らすための予防的取り組みや介入に役立つと思われる．

OHDSI論文 新規4

10年間麻酔データのDWHを運用してきたが、最近OMOP化した。
多施設で連合学習へ使おうとしている。

J Clin Monit Comput. 2022 Aug 6. doi: 10.1007/s10877-022-00898-y. Online ahead of print.

Development and usage of an anesthesia data warehouse: lessons learnt from a 10-year project

Antoine Lamer [1 2], Mouhamed Djahoum Moussa [3], Romaric Marcilly [4 5], Régis Logier [5], Benoit Vallet [4], Benoît Tavernier [4 6]

Affiliations – collapse

Affiliations

1 Univ. Lille, CHU Lille, ULR 2694 - METRICS: Évaluation des Technologies de Santé et des Pratiques Médicales, Lille, France. antoine.lamer@univ-lille.fr.
2 InterHop, Rennes, France. antoine.lamer@univ-lille.fr.
3 Univ. Lille, CHU Lille, Cardiovascular Anesthesia and Intensive Care, Lille, France.
4 Univ. Lille, CHU Lille, ULR 2694 - METRICS: Évaluation des Technologies de Santé et des Pratiques Médicales, Lille, France.
5 CHU Lille, CIC-IT 1403 - Investigation Center, Lille, France.
6 CHU Lille, Pôle d'Anesthésie-Réanimation, 59000, Lille, France.

PMID: 35933465 DOI: 10.1007/s10877-022-00898-y

Abstract

This paper describes the development and implementation of an anesthesia data warehouse in the Lille University Hospital. We share the lessons learned from a ten-year project and provide guidance for the implementation of such a project. Our clinical data warehouse is mainly fed with data collected by the anesthesia information management system and hospital discharge reports. The data warehouse stores historical and accurate data with an accuracy level of the day for administrative data, and of the second for monitoring data. Datamarts complete the architecture and provide secondary computed data and indicators, in order to execute queries faster and easily. Between 2010 and 2021, 636 784 anesthesia records were integrated for 353 152 patients. We reported the main concerns and barriers during the development of this project and we provided 8 tips to handle them. We have implemented our data warehouse into the OMOP common data model as a complementary downstream data model. The next step of the project will be to disseminate the use of the OMOP data model for anesthesia and critical care, and drive the trend towards federated learning to enhance collaborations and multicenter studies.

概要

本論文は，リール大学病院における麻酔データウェアハウスの開発と実装について述べたものである．10年間のプロジェクトから得られた教訓を共有し，このようなプロジェクトを実施するためのガイダンスを提供する．我々の臨床データウェアハウスは，主に麻酔情報管理システムで収集されたデータと病院の退院報告で供給されている．データウェアハウスには、過去の正確なデータが保存されており、管理データについては1日、モニタリングデータについては1秒の精度で保存されています。データマートは、クエリーを迅速かつ容易に実行するために、アーキテクチャを完成させ、二次的に計算されたデータと指標を提供します。2010年から2021年の間に、353,152人の患者について、636,784件の麻酔記録が統合されました。このプロジェクト開発中の主な懸念と障壁を報告し、それらに対処するための8つのヒントを提供しました。私たちはデータウェアハウスを下流の補完的なデータモデルとしてOMOP共通データモデルに実装しました。次のステップとして、麻酔・重症患者に対するOMOPデータモデルの利用を普及させ、共同研究や多施設共同研究を強化するためのFederated Learningへの流れを推進する予定である。

最近のGlobal OHDSI話題から

■OHDSI Global Symposium

・10月14-16日

Oct. 14 – Main Conference
Oct. 15 – Tutorial
Oct. 15-16 – Workgroup Activities

■OHDSI APAC Symposium

11月12-13日に台北で。

(現在のプログラム案)

12日　プレ日　チュートリアルday

13日　本開催　9:00-17:00

Nov 13

Opening Remarks
Group Photo
Key note - OHDSI Global Presentation
OHDSI APAC Intro
Researches in OHDSI APAC
Researches using Taiwan national data
Researches using TMUCRD data
Lunch & ePoster Presentation
Panel - Standardization & common data models
APAC Regional adaption to standardization
Poster session
Closing remarks

最近のGlobal OHDSI話題から

8月のCommunity Call

●APAC Community Call テーマ

July 28　APAC Study Updates, Part 2

- Comparison of mortality, morbidities & healthcare resources utilisation between patients with and without a diagnosis of COVID-19
- Treatment, utilisation and safety of medicines for multiple sclerosis

Aug. 11　Workgroup Updates
(Healthcare Systems, Oncology, HADES)

●Global Community Call テーマ

Aug. 2　Building Org. Support + New Study

Aug. 9　Asia-Pacific Regional Updates

Aug. 16　OHDSI "Speed Dating"

Aug. 23　Workgroup Updates
(Registry, Latin America, Health Equity, Geographic Information System)

検体検査コードのマッピング

まず、以前から選定していた88個の頻用項目に対して
OMOP標準をマッピングしてみた。

対象の臨床検査（検体検査）								
順番号	材料種類	分類	略称	定性定量	標準的JLAC10	備考	ConceptID	LOINC
1	血液	血算	RBC	定量	2A9900000******51		3026361	26453-1
2	血液	血算	Hb	定量	2A9900000******53	血ガスも含む	3000963	718-7
3	血液	血算	MCV	定量	2A9900000******56		3024731	30428-7
4	血液	血算	RetiP	定量	2A1100000******02	%の方	3027945	4679-7
5	血液	血算	WBC	定量	2A9900000******52		3010813	26464-8
6	血液	血算	NeutroP	定量	2A1600000******51	%の方	3018010	26511-6
7	血液	血算	BandP	定量	2A1600000******52	%の方	3018199	26507-4
8	血液	血算	SegP	定量	2A1600000******53	%の方	3017354	26505-8
9	血液	血算	EosinoP	定量	2A1600000******54	%の方	3006504	26450-7
10	血液	血算	BasoP	定量	2A1600000******55	%の方	3022096	30180-4
11	血液	血算	MonoP	定量	2A1600000******56	%の方	3019069	26485-3
12	血液	血算	LymP	定量	2A1600000******57	%の方	3002030	26478-8
13	血液	血算	PLT	定量	2A9900000******55		3007461	26515-7
14	血液	型	ABO	分類	5H0100000******14		3002529	883-9
15	血液	型	Rh	定性	5H0200000******14		3003310	10331-7
16	血液	鉄	Fe	定量	3I0100000******01		3002400	2498-4
17	血液	鉄	Ferritin	定量	5C0950000******01		3001122	2276-4
18	血液	鉄	UIBC	定量	3I0200000******01		3002532	22753-8
19	血液	感染	CRP	定量	5C0700000******01	高感度含む	3020460	1988-5
20	血液	感染	PCT	定量	5C2150000******01	プロカルシトニン	3046279	33959-8
21	血液	凝固	PT-INR	定量	2B0300000******57		3022217	6301-6
22	血液	凝固	D-dimer	定量	2B1400000******01	要DDU/FEU区別	3048530/305171	448066-5/48065-7
23	血液	甲状腺	TSH	定量	4A0550000******01		3009201	3016-3
24	血液	甲状腺	FT3	定量	4B0150000******01		3026925	3051-0

検体検査コードのマッピング

そのとき取った方法

(1) AtheaからOMOP標準の検査コードでconcept_classがLab_Test(個別項目)の一覧を抽出DL→FileMakerに読み込み

(2) マッピングしたい項目(の英語名)をconcept_nameで検索

(3) rankも参考にしながら適切な項目を選択

(4) concept_ID(OMOPの標準ID)と参考までにconcept_code(LOINCコード）を取得

※グリコアルブミンの例（難解例）

concept_	concept_code	concept_name	Jomopie88	loinc_rank	domain_id	vocabulary_id	concept_class_id	stand…	
3034826	13873-5	Albumin.glycated/Albumin.total in Serum or Plasma	GA	11950	Measurement	LOINC	Lab Test	S	1
3014072	1758-2	Albumin.glycated [Mass/volume] in Serum or Plasma		7152	Measurement	LOINC	Lab Test	S	1

注意点

あくまでもOMOP標準へのマッピング。LOINCへのマッピングを目指すわけではない。

(理由)

- OMOP標準に指定されていないLOINCコードは多数ある。
- LOINC由来でないOMOP標準の検査(OMOP拡張)もわずかだが存在する。

検体検査コードのマッピング

■結果

OMOP標準への対応が得られた割合	98.9%
2つの病院による差異	1項目

■考察

- 頻用項目を対象としたこともあり、高い対応割合が得られた。
- 対応できなかったのは日本独自の項目(JDS値によるHbA1c)だった。現在は使われていないが過去のデータで問題となる。対応先としてNGSP値のHbA1cを選び、値を補正して格納する方法が考えられる。
- 病院による差異は、類似検査の中での採用項目の違いによるものだった。

対応先に複数の選択肢があることがある ⇒対策が必要

加えて、このマッピングでは、
院内コードは直接的には対象にしていない
⇒院内コードからのマッピングが必要

平松達雄. 検体検査コードの医療情報国際規格への対応. 第12回国際医療福祉大学学会学術大会, Aug. 2022.

検体検査コードのマッピング

前ページまでの試みを受けて、マッピングの作業フレームを検討した。
※検体検査のみにおける方針

- 基本的スタンスとして、院内コードに標準コードを付与するのではなく、標準コードに対して、該当する院内検査(コード)をpickupする。

- 標準コードを選定し、分析物・材料・単位などを明確にする。
  - 選定基準：頻用度、LOINCランク、他DBでの採用等。
  - Aランク(マッピングが原則必須)、Bランク(推奨)を設ける。各100以内
  - その他の検査は、必要が出たときに追加する。

- 標準コードに対し、分析物・材料・単位や値範囲等から、該当する院内検査をpickupする。複数ありえる。単位違い等は換算式も付与する。換算できない検査項目は無理して収録しない。基準値(≠臨床判断値)がわかればその情報も収録。

- 作業フレームとしてはJLACは経由しない。ただしJLACを院内コードと同様に扱ってマッピングを作成することはできる。既にJLAC付与がある場合は共通のJLAC用マッピング表が利用できるため、病院毎のマッピングはずいぶん楽になる（単位や値範囲の確認は必要）。

検体検査コードのマッピング

マッピング表のイメージ

	標準コードとその定義								院内コード								備考
優先度	ConceptID	LOINC	concept name	分析物	材料	単位	識別		院内コード	院内名称	材料	単位	M基準値L	M基準値H	F基準値L	F基準値H	
A	3026361	26453-1	Erythrocytes [#/volume] in Blood	赤血球数	全血	数/容量	-	→	102345	RBC	EDTA全血	万/μL	425	545	370	510	
A	3013721	1920-8	Aspartate aminotransferase [Enzymatic activity/volume] in Serum or Plasma	AST	血清or血漿	活性/容量	-	→	103492	GOT	血清	IU/L	8	40	←	←	
B	3048530	48066-5	Fibrin D-dimer DDU [Mass/volume] in Platelet poor plasma	D-dimer	血漿	質量/容量	Dダイマー単位	→	112928	Dダイマー	クエン酸血漿	μg/mL	-	1	←	←	検査部問合or値範囲
B	3051714	48065-7	Fibrin D-dimer FEU [Mass/volume] in Platelet poor plasma	D-dimer	血漿	質量/容量	フィブリノゲン換算量	→				(μg/mL)					検査部問合or値範囲

拡大

優先度	ConceptID	LOINC	concept name	分析物	材料	単位	識別
A	3026361	26453-1	Erythrocytes [#/volume] in Blood	赤血球数	全血	数/容量	-

院内コード	院内名称	材料	単位	M基準値L	M基準値H	F基準値L	F基準値H
102345	RBC	EDTA全血	万/μL	425	545	370	510

※基準値はヒント情報なので取得努力必要度はさほど高くない。
実データの値範囲の方が使える。

検体検査コードのマッピング

D－ダイマーの例：
同じ検査が複数ある。単位も同じ。値が２倍異なる。

優先度	ConceptID	LOINC	concept name	分析物	材料	単位	識別
B	3048530	48066-5	Fibrin D-dimer DDU [Mass/volume] in Platelet poor plasma	D-dimer	血漿	質量/容量	Dダイマー単位
B	3051714	48065-7	Fibrin D-dimer FEU [Mass/volume] in Platelet poor plasma	D-dimer	血漿	質量/容量	フィブリノゲン換算量

院内コード	院内名称	材料	単位	M基準値L	M基準値H	F基準値L	F基準値H		
112928	Dダイマー	クエン酸血漿	μg/mL	-	1	←	←		検査部問合or値範囲
			(μg/mL)						検査部問合or値範囲

院内検査はDDUの方である例(FEUは空欄：対応検査なし)
判別するには：
・検査室に問い合わせる。
・実データの値範囲で推定する（判別可能かどうかは個別調査）。

検体検査コードのマッピング

検討：結果値単位について

- LOINCコードには統一単位の設定はない。(mg/dLとμg/dLは同じ検査コード。一方 mmol/LとmgdLは異なるコード。)
- そのままにしておくと、分析時に単位を見て換算する必要が生じてしまう。
- マッピング時に値も換算して、統一単位に揃えてはどうだろう。

標準コードの選定時に、マッピングすべき単位も選定するのが良いのではないか。

mmol/LもmgdLに換算するのか？
換算(単位変更)すると、LOINCコードも変わる。
→換算を前提として、換算先は選定された単位のコードとする。
（マッピング表に、換算式の列も必要かも）