



Abschlussarbeit: Integration von -Omics Daten im offenen und interoperablen Standard openEHR¹ für elektronische Patientenakten

Hast du Interesse an klinischen Anwendungssystemen und an -Omics Daten sowie Programmierkenntnisse in Python? Dann bewirb dich!

Omics Daten sind nicht nur für die Erforschung und Diagnostik von Krankheiten wichtig, sondern auch in der personalisierten Medizin. Daten wie das Genom der Patienten, aber auch Informationen zu ihrer Mikrobiome oder Proteome, können dazu genutzt werden die individuelle Prognostik, Prävention und Behandlung zu optimieren.

Um eine bestmögliche Versorgung zu gewährleisten, sollten sich die -Omics Daten einfach und schnell mit den Informationen der Patientenakte verbinden lassen. Optimalerweise werden diese Daten gemeinsam gespeichert. Besonders für elektronische Patientenakten gibt es diverse Systeme mit unterschiedlichen Standards. In der Patientenversorgung, aber auch in der Forschung ist es wichtig, einen interoperablen und offenen Standard zu verwenden, damit Informationen aus verschiedenen Quellen effizient geteilt und verarbeitet werden können.

Ein solcher offener und interoperabler Standard ist openEHR. openEHR nutzt Archetypen – kleine, aber vollständige Bausteine – um daraus Formulare (Templates) zu erstellen. Archetypen sollten möglichst standardisiert sein, damit sie von anderen wiederverwendet werden können. Daher können sie im (internationalen) Clinical Knowledge Manager (CKM)² einem Review unterzogen und veröffentlicht werden. Für Genomsequenzen gibt es im CKM bereits Archetypen, jedoch nicht für Mikrobiom- und Proteomdaten. Neben Sequenzen können bei diesen Daten noch weitere Informationen wie Taxonomie, Stoffwechselwege und funktionale Vorhersagen enthalten sein.

Die ausgeschriebene Arbeit beinhaltet das Erstellen und Anpassen von openEHR Archetypen und Templates für Mikrobiom- und Proteomdaten sowie eine entsprechende Erweiterung eines ETL-Programms (Extract, Transform, Load) um die Daten auf einen openEHR Server zu übertragen. Die entwickelten Modelle und Programme sollen anschließend im Vergleich mit alternativen (bestehenden) Ansätzen evaluiert werden.

Wenn du Interesse an biomedizinischen Daten hast sowie eine forschungsrelevante Bachelor- oder Masterarbeit in einem geförderten Projekt absolvieren möchtest, melde dich gerne bei uns.

Kontakt:

Sarah Nee
Medizinische Hochschule Hannover
Peter L. Reichertz Institut für Medizinische Informatik
Telefon: 0511 / 532 - 19338
Email: Sarah.Nee@plri.de

1 <https://www.openehr.org/>

2 <https://ckm.openehr.org/ckm/>