

# Harmonisierung und Zentralisierung der Daten in verteilten Biobanken

an der Medizinischen Hochschule Hannover – Ein Bottom-Up-Ansatz

2. Nationales Biobank-Symposium  
11.12.2013

Markus Kersting, Hannover Unified Biobank (HUB)

[Kersting.Markus@mh-hannover.de](mailto:Kersting.Markus@mh-hannover.de)



Medizinische Hochschule  
Hannover

1. Überblick MHH/HUB
2. Ziele
3. Der Bottom-Up - Ansatz
4. Ergebnisse  
(Felder, SPREC)
5. Fazit und  
Ausblick

# Themen



# Medizinische Hochschule Hannover (MHH)

- **Über 9000 Mitarbeiter**
- **110 Kliniken und Institute**
- Medizinische Fakultät, über **3000 Studenten**
- Enge Kooperation mit den beiden Universitäten in Hannover, sowie Fraunhofer ITEM und HZI



## **Forschung**

- 2 Deutsche Gesundheitszentren (DZL, DZIF)
- 2 Exzellenz Cluster
- 7 SFBs
- 10 Forschergruppen
- 5 „Kompetenznetzwerke“
- 1 „IFB“ für Transplantation

# Hannover Unified Biobank (HUB)

- Aufbau einer Zentralen Biobank-Infrastruktur
  - 8 Mitarbeiter
  - IT seit Mitte 2012
  - Umzug in neues Gebäude 2014
  
- IT Aktuell
  - **Zentrales IT-System für Probenverwaltung**
  - 2D-Tubes / 1D-Boxen + Scanner
  - Migration von Altdaten
  - Entwicklung von Standards für Datenerfassung



# IT - Ziele

- **Biobank = Proben + Daten**
  - Einheitliche Datenerfassung > **Harmonisierung**
  - Zentrale Datenspeicherung
- **Integration** aller Biobank-relevanten IT-Strukturen an der MHH
- Enge **Kooperation mit Rechenzentrum**  
(Zentrales Datawarehouse und ID-Management)
- **Konzepte und Standards** für Biobankdaten
  - Pseudonymisierung / Datenschutz (TMF)
  - Consent-Management
  - Zugangsregelung & Eigentumsverhältnisse
  - Verrechnung



# Harmonisierung - Wie?

## Der Bottom-Up - Ansatz

- „Data First“
- Auf Vorhandenem aufbauen

## Bausteine

- I. Zentrale IT-Lösung für Datenerfassung bereitstellen
- II. Standards und Richtlinien für Datenerfassung definieren
- III. Anforderungen und IST-Zustand aufnehmen
- IV. Migration alter Datenbestände

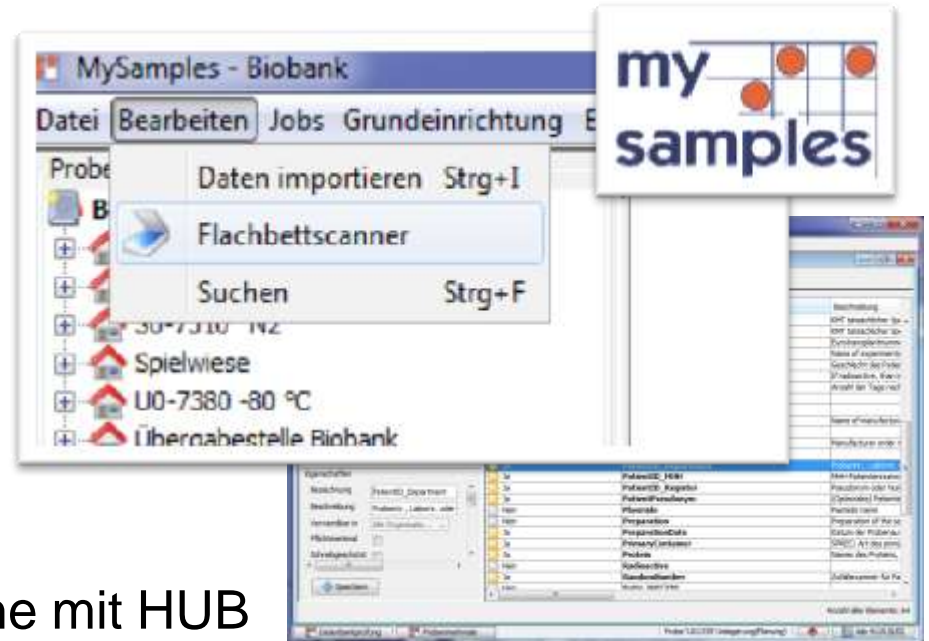
# I. Zentrale IT-Lösung

- MySamples

- [www.mysamples.de](http://www.mysamples.de)
- Probenverwaltung + Daten
- Java/MySQL, C/S
- Lokale Server
- Weiterentwicklung in Absprache mit HUB
- Release-Freigabe durch HUB

- Zentrale Funktionen

- Qualitätssprung durch **2D-Barcodes + Scanner**
- **Frei für alle MHH-Mitarbeiter**
- Inhaltlicher **Support durch HUB**
- Installation durch Rechenzentrum
- Nutzung für lokale Lager möglich



## II. Standards und Richtlinien

- Richtlinien zur Datenerfassung
- Beschreibung der Datenfelder!
- Schulung
- IT-Support durch die Biobank

**2 Referenz globaler Merkmale**

**2.1 Basiseigenschaften in MySamples**

Name	Kategorie	Beschreibung/Description deutsch [english]	Beispiel	Datentyp
Nennzeichnung	Sample/Label	Im Feld „Kennzeichnung“ einer Probe muss eine eindeutige Kennung festgelegt werden. Hierbei handelt es sich um die eindeutig Nummer eines Kollenchers. Früher wurden hier die vorgeordneten MySamples-Nummern eingetragen. Patienten will in diesem Fall ebenfalls den auf dem	NG02992282	Alphanum
Nachbar				
Lagerort				

**2.2 Pflichtfelder für die Einlagerung in die Biobank**

Name	Kategorie	Beschreibung/Description deutsch [english]	Beispiel	Datentyp
SampleType	Sample/SPREC	Material / Probenart, die Angabe erfolgt gemäß der Probenarten nach SPREC. (Type of sample according to SPREC)	Blood, Solid Tissue	Auswahl (Alphanum)
PrimaryContainer	Sample/SPREC	Art des primären (containers nach SPREC). (Type of Primary Container according to SPREC). (Pflichtangabe für "Budd")	AMBIBOX, Lithium heparin, Sodium EDTA	Auswahl (Alphanum)
TypeOfCollection	Sample/SPREC	Art der Probengewinnung nach SPREC. (Pflichtangabe für "wddt")	Biopsy	Auswahl (Alphanum)
CollectionDate	Sample	Ordnung (Älteste) der Abnahme / Erhebung der Probe [Date/Time of sample collection]	19.01.2010 22.04.2012 13:33	Date
PatientID_Department	Patient	Spezifische Patienten-ID oder Labornummer aus einem Abteilungs- oder Studiennyklus. Diese Nummer sollte nicht wechseln, immer angegeben und für jeden Patienten innerhalb der jeweiligen Abteilung eindeutig sein. (Patient ID / Lab-ID that is used in the department)	2K14782951	Alphanum
Gender	Patient	Geschlecht des Patienten (male /m/, female /f/). (gender of the patient/subject)	m f	Auswahl (1 /Numeric)
DepartmentID	Department	Eindeutige Kennung einer Abteilung bzw. der Ursprungsorganisation einer Probe, z. B. „MHA“, die Kennung wird von der Biobank vergeben, wird für alle Proben abteilungspezifisch vorgegeben und muss nicht manuell referiert werden. Die Kennung sowie deren Einrichtung für Ihre Proben erfragen Sie bitte in der Biobank. (Start ID of the department that provides the sample)	MHA	Alphanum



# III. Anforderungen und Ist-Zustand | IT-Systeme

- **Verschiedene IT-Systeme vorhanden**
  - Probenverwaltung, dezentral >>> MySamples
  - Patienten-Administration (führend) >>> SAP
  - Laborinformationssystem (LIMS) >>> opus::L
  - Diverse nicht harmonisierte Forschungsdatenbanken >>> Access, PHP/MySQL, Excel, Word, FileMaker, Papier, ...
- **Im Aufbau**
  - Integration aller Biobank-relevanten IT-Strukturen an der MHH
  - Zentrales Datawarehouse
  - Zentrales ID-Management für die Forschung

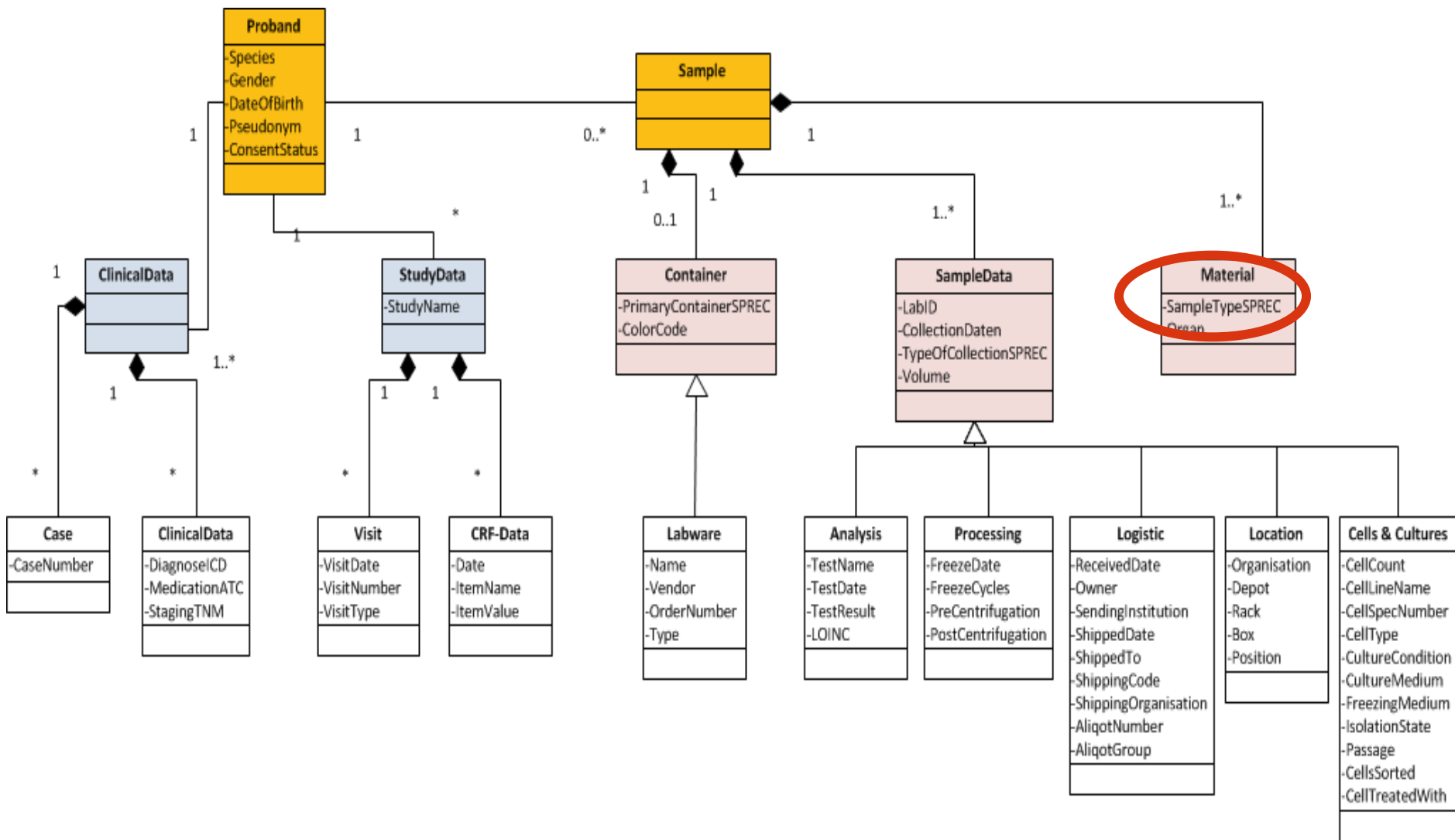
# III. Anforderungen und Ist-Zustand | Datenfelder

## „Fehlende Harmonie“

- Unterschiedliche **Feldbezeichnungen** („Material“, „Sampletype“, „Probenart“, ...)
- Fehlende oder Inkonsistente **Kataloge**: z.B. Vermischung von Wirkstoffen und Handelsnamen; Kein Katalog für Materialart
- **Feldinhalte** unklar: z.B. fehlende Dokumentation für Abkürzungen in Freitextfeldern
- **Fehlende Daten!**

>>> ca. 80 Kerndatenfelder identifiziert und harmonisiert <<<

# IV. Harmonisierte Felder - Auszug



# IV. Harmonisierung: SPREC

- [Sample PREanalytical Code](#) (SPREC)
- Implementierung bisher teilweise, mit Anpassungen:
- **SampleType** & PrimaryContainer
- Zusammenlegung der SampleType-Kataloge von SPREC-Fluid & SPREC-Solid in einem Feld
- **Anpassung des SampleType - Katalogs**
  - z. B. „Microorganism“ mit SPREC-Code “ZZZ(mo)”
  - ZZZ = Other > abwärtskompatibel ohne Anhang/Klammern
  - Ziel: Zentraler Materialart-Katalog für alle Bioproben
- Anpassung der Primärschlüssel/Codes für Eindeutigkeit



# IV. Migration der Altdaten

- Aufbereitung vorhandener Daten
  - **Mapping auf harmonisierte Felder**
  - Import in MySamples (CSV/Excel)
  - Schulung der Benutzer
- 
- Aktuell im System ~
    - 23 Abteilungen
    - 112 Projekte
    - 170 Benutzer
    - 250.000 Proben + Daten



# VI. Weiterentwicklung / Ausblick

- Migration aller Altbestände
- Weiterentwicklung der Richtlinien & Standards
- IT-Support & Schulungen
  
- Etablierung und Integration zentraler Strukturen
  - Biobank + Rechenzentrum
  - Anbindung Datawarehouse
  - Anwendung TMF-Datenschutzkonzept
  - Mainzliste (derzeit im Testbetrieb)
  - Anbindung Versorgungsroutine



# Fazit

- Migration von Altbeständen und User-Support fördern Akzeptanz und Wissensbildung.
- Harmonisierung der Materialart guter Startpunkt. SPREC ist gut, sollte vital gepflegt werden.
- Wenig Felder reichen für viele Zwecke.
- Biobank + IT als zentrale Dienstleistung für die User sehen.

# Ende

*„Wer bewirkt,  
dass dort nur **ein** Datenfeld genutzt wird,  
wo früher noch **zwei** zum Einsatz kamen,  
der ist größer als jeder Projektleiter.“*

*Frei nach „dem Alten Fritz“*