





























































## Desde BITAC hemos desarrollado **CTMAP**, una herramienta **de soporte a la codificación de textos biomédicos**

CTMAP facilita la codificación automática de los términos locales a términos normalizados a traves de estandares clínicos

Características principales:

- Entorno de programación como servicios (SAAS, Software As A Service).
- Integrable con cualquier Sistema de información vía Servicios Web
- Multiterminología (CIE-10-MC/PCS, CIE-9, LOINC, SNOMED CT, OMIM)
- Multiidioma
- Autoaprendizaje





### Elementos clave de CTMAP



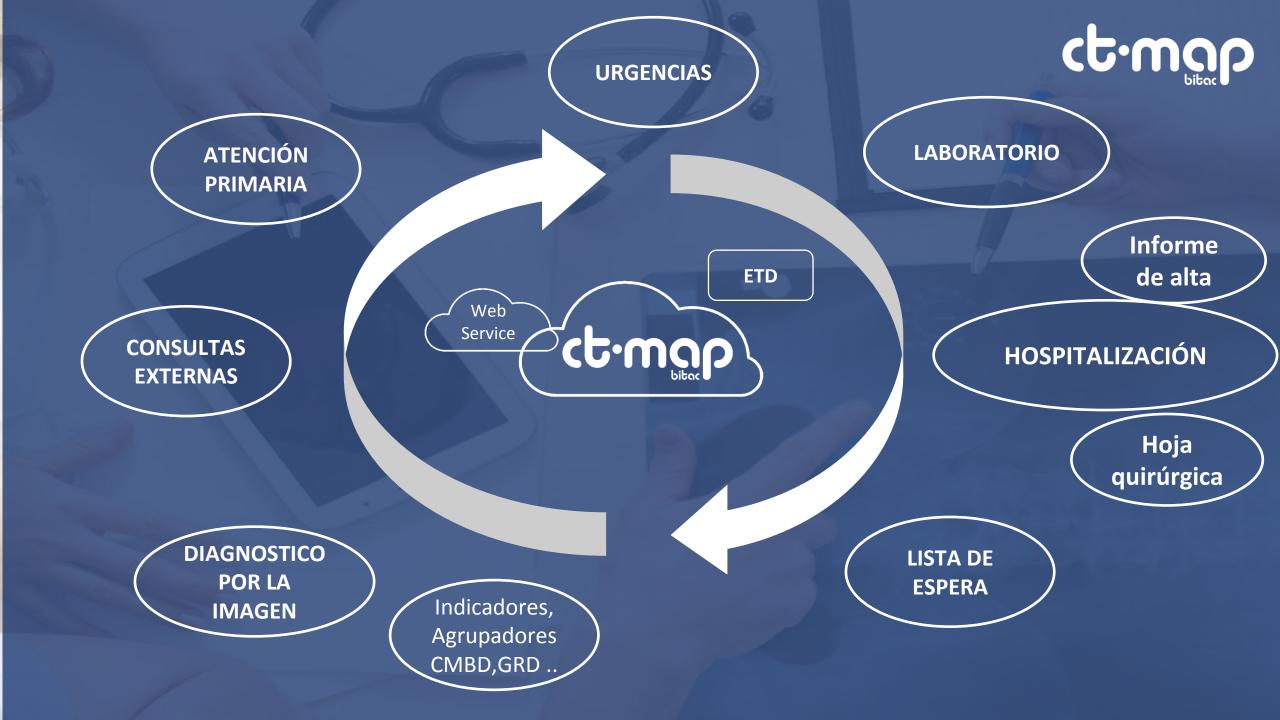
Una base terminológica formada por más de 2,000.000 de sinónimos relacionados con estándares



Una serie de algoritmos de *string matching* 



Un conjunto de reglas que permiten refinar la búsqueda y ajustar la coincidencia



#### CBMS 2013 International Symposium on Computer-Based Medical Systems



#### Automatic Mapping Tool of Local Laboratory Terminologies to LOINC

Estibaliz Parcero, Jose Alberto Maldonado, Luis Marco, Montserrat Robles IBIME. Universitat Politècnica de València. Valencia, Spain {esparig, luimarr1, jamaldo, mrobles}@upv.es

Abstract

Clinical concepts and terminologies usually differ from one software system to another, making the exchange of data between them a very arduous and difficult task. It mainly involves finding the correspondences between the local identifiers of the concepts to be exchanged. In this paper, we describe a software tool called SAM (Automatic Mapping System), a tool for terminological normalization of laboratory tests to LOINC. SAM helps technicians in this task through simplification of the terminological mapping process. It uses approximate string matching techniques along with a thorough mining of previous mappings and LOINC parts.

#### 1. Introduction

Standardized vocabularies are vital for ensuring the good use, communication and integration of clinical information Victoria Bérez, Toni Más, Mireia Rodríguez

Bitac S.L.

Barcelona, Spain.

{vberez, tonimm, mireiarn}@bitac.com

Spanish, and Catalan), typographical errors, abbreviations, synonyms, etc. forming an enriched corpus of alternatives names. Therefore, finding a map means to establish a binding between local and standardized terms, what bring us to a Record Linkage problem [5].

The candidate terms resulting from the search are ranked using a score function based on approximate string matching techniques and on mining previous mappings and LOINC parts. The technician has to choose one from this set of candidates or use the automatic mapping mechanism that SAM provides.

#### 2. Materials and methods

# Potencia del motor de búsqueda LOINC :

- Algoritmos de String matching
- Mapeos previos validados (BC) –
   Machine learning
- Recursos lexicos, diccionarios de sinónimos

#### Tecnología utilizada para la especificación declarativa de predicados de selección aproximada

Implementación y evaluación de la técnicas probabilísticas y comparación con técnicas fuzzy.

- T3.1. Implementación de técnicas probabilísticas de búsqueda aproximada
- T3.2. Incorporación de reglas probabilísticas de búsqueda aproximada
- T3.3. Evaluación resultados técnicas probabilísticas
- T3.4. Comparación resultados técnicas fuzzy-probabilísticas
- R3.1. Motor de búsqueda con pool de técnicas probabilísticas
- R3.2. Incorporación de evaluación de la técnicas probabilísticas según sistema terminológico R3.3. Informe de comparación resultados técnicas
- fuzzy con probabilísticas según sistema terminológico

ct-mop Gloria González Gacio A 9 Idioma --Gestión terminología v Revisión Lotes v Catálogos v Gestión Corpus v Revisión Lotes Lote Fecha Creación Terminología Lote prueba 3 2017-03-22 10:00:22 LOINC Finalizar Revisión 🔟 🔞 Filtrar por descripción: Smilitud minima Diferencia autoeval. 0.2 Autovalidar Deshacer Autovalidar Progreso validación: 1 / 8.4 Tiempo \* Escala Unidad Sistema Método J II Meior Candidato Revisado Adendum I Idleonica Nr. Componente BALACT. NEISSEKIA GUNURKHUEAE AUN en UI unna cuairativa PUR INIONOSCION INMUNULUGIA 1 21416-3 - Neissena gonormoeae Liva. PT inc. unne Pt Urd Probe amp tar O C3C COMPLEMENTO C3 en Suero mg/dL Suero cuantitativa Turbidimetria INMUNOLOGIA I 4485-9 - Complement C3:MCnc:SeriPlas:Pt:Qn: 0 C4C COMPLEMENTO C4 en Suero Turbidimetria INMUNOLOGIA mg/dL Suero cuantitativa I 4498-2 - Complement C4:MCnc:SeriPlas:Pt:Qn: 0 CARDG **ELISA** *cuantitativa* INMUNOLOGIA 3181-5 - Cardiolipin Ab.lgG:ACnc:Ser:Pt:Qn:IA 0 CARDM CARDIOLIPINA [ACA] Ac IgM en Suero MPL UlmL Suero quantitativa **ELISA** INMUNOLOGIA I 3182-3 - Cardiolipin Ab.lgM:ACnc:Ser:Pt:Qn:IA 0 CMNG CITOMEGALOVIRUS IgG AC aUlimi cuantitativa ELFA INMUNOLOGIA § 5124-3 - Cytomegalovirus Ab.lgG.ACnc SerPlas:Pt Qr.IA M 0 Suero System(Ser, SerPlas, Plas, ] Method[A, ] Property(ACnc, ] CMWM CITOMEGALOVIRUS IdM AC ELFA INMUNOLOGIA \$ 24119-0 - Cytomegalovirus Ab.lgM:PrThr:SeriPlas:Pt:Ord:IA 0 INMUNOLOGIA 10900-9 - Hepatitis B virus surface Ab: PrThr: Ser. Pt: Ord: IA AUST HEPATITIS 8- Ag superficie Suero Cualitativa ECLIA 0 HEPATITIS C ARN VIRAL en Plasma PCR (hibridación INMUNOLOGIA 11259-9 - Hepatitis C virus RNA.PrThr:SerlPlas.Pt:Ord:Probe.amp.tar BALA134 Plasma EDTA congeli cualitativa CUANTI HEPATITIS B Antic HBs - CUANTIFICAD( UVL cuantitativa ECLIA INMUNOLOGIA 63557-3 - Hepatitis B virus surface Ag:ACnc:SerlPlas:Pt:Qn:IA 0 Código manual Incidencias Observaciones TMF 8 Buscar por: w Buscar en LOINC Codigo Componente Umidad Propiedad Muestra Тетро Tipo Método Área Bitac Status Rank. Orderlobs SM Incidencia Opciones Qn JA. 5124-3 Cytomegalovirus Ab IgG ACnc: SerlPlas Pt MICRO 1005124 ACTIVE 673 Both 0.84 7852-7 Cytomegalovirus Ab.lgG ACnc: SerlPlas Pt Qn MICRO 1007852 ACTIVE 0 Both 0.84 96 ACnc. 5126-8 Cytomegalovirus Ab IgM SeriPlas Pt Qn IA. MICRO 1005126 ACTIVE 968 Both 0.76 Qn MICRO 1007853 Both 7853-5 Cytomegalovirus Ab IgM ACnc: SerlPlas Pt. ACTIVE 0 0.76 96

10710.3

Cutomoralacione Sh InCCCad recolema

JAC'men

Sant Diag

DH

Ole

0.00

BENCON

1010710

APTRIC

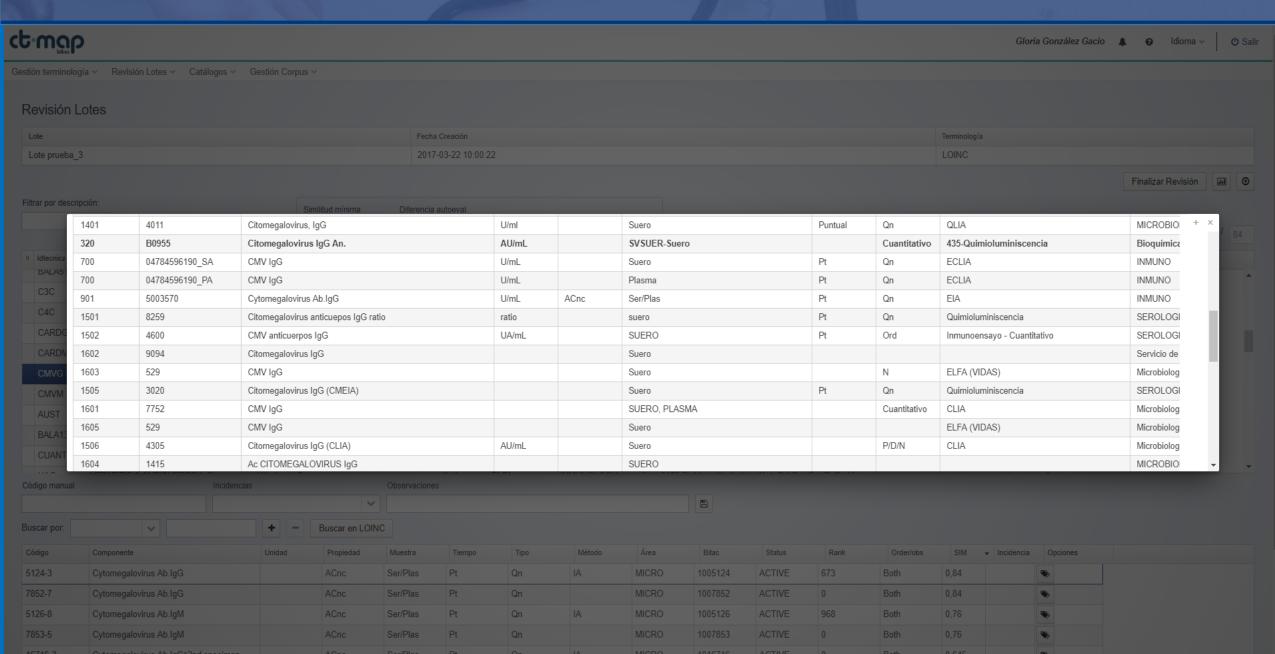
.0

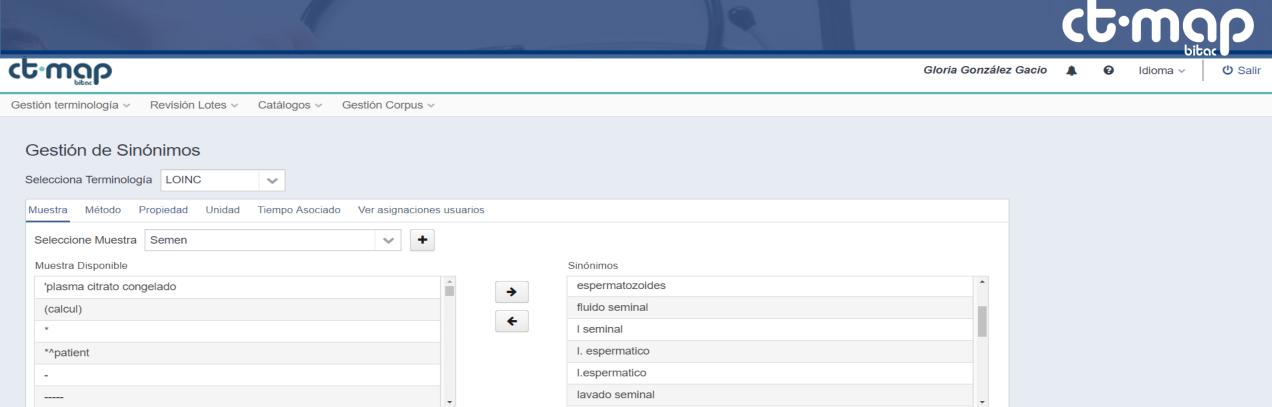
Quite.

0.000

1000







Tiempo Asociado Ver asignaciones usuarios

Filtrado:

Muestra

Método

Propiedad

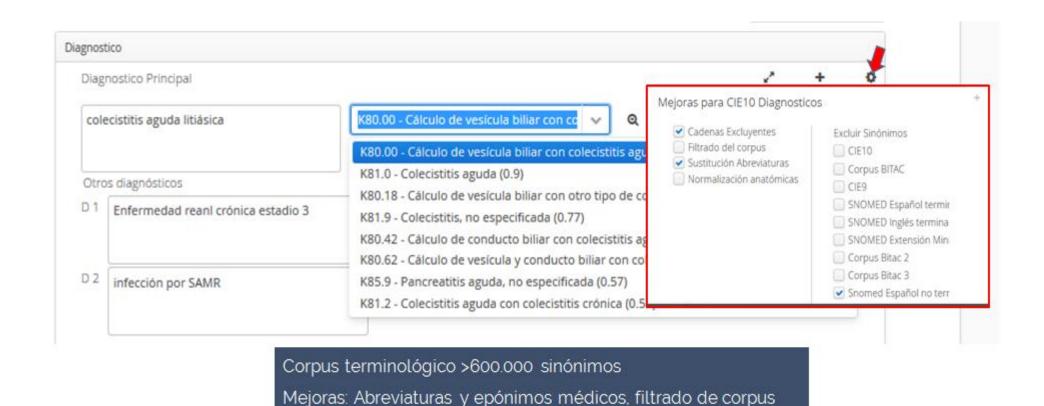
Unidad

|  | Seleccione Metodo Aggl                                  | + |   |          |                         |   |
|--|---|---|---|----------|-------------------------|---|
|  | Metodo Disponible                                       |   |   |          | Sinónimos               |   |
|  | ""spun westergren""                                     |   |   | <b>→</b> | 10-aglutinacion directa |   |
|  | #n/a  |   |   |          | aggl                    |   |
|  | (destilacion/titulacion) afnor t90-015                  |   |   | <b>←</b> | agglutinazione          |   |
|  | (espectrometria de masas con fuente de plasma acoplado) |   |   |          | aglut                   |   |
|  | (mdrd) fomula basada en creatinina                      |   |   |          | aglutinacio             |   |
|  | (ms)-mlpa   |   | • |          | aglutinacion            | - |
|  | Filtrado:   |   |   |          |                         |   |

Guardar Sinónimos Metodo

### Algoritmos en diagnósticos .Refinamiento (Reglas, Recursos léxicos)





por palabra clave, reglas de exclusión y negación.

normalizaciones anatómicas.

### Complejidad de los códigos en Procedimientos.



#### ESTRUCTURA:

Alfanumérico

Todos constan <u>siempre</u> de 7 carácteres

Cada carácter del código ocupa una "posición"

Cada posición tiene un significado según la sección

Existen 34 posibles valores: 0-9 y todas las letras excepto I y O

#### CÓDIGO

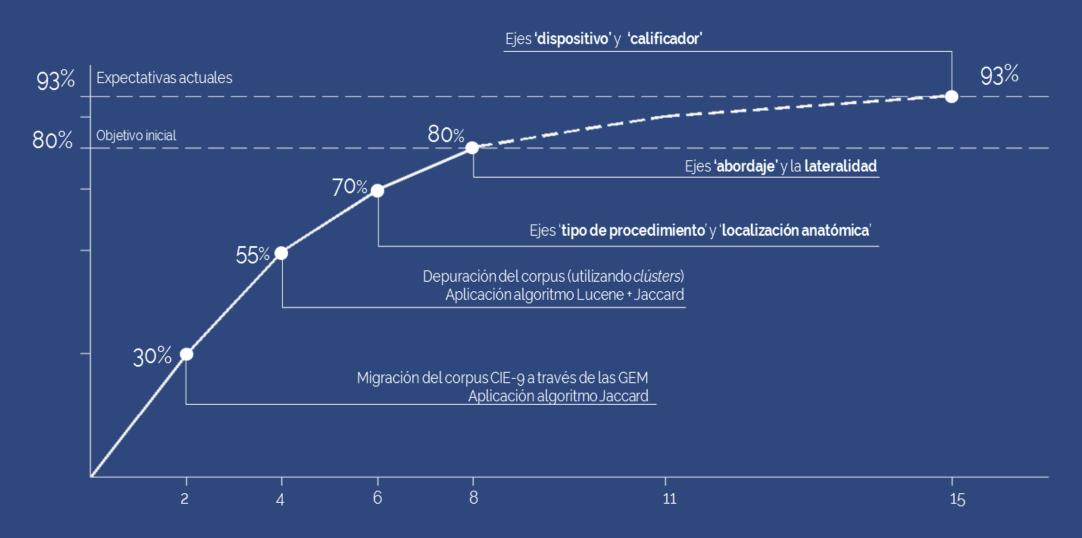




### Algoritmo Procedimientos: Refinamiento (Reglas y recursos léxicos)

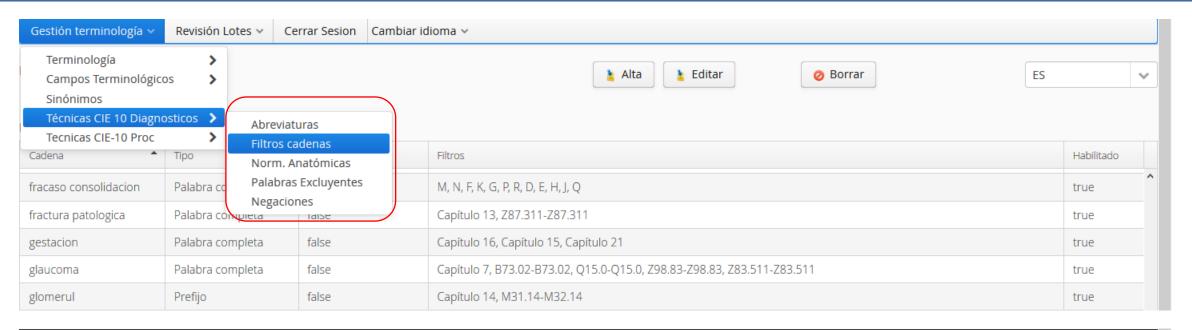


Evolución de la eficacia del CT-MAP (CIE-10 Procedimientos)



### Configuración: gestión de sinónimos y reglas







#### CASO DE USO

Observables atributos

## bitac.

LOINC

**COMPONENT:** Mycobacterium

SYSTEM: Sputum, BAL...

**85362-2** Mycobacterium tuberculosis complex DNA [Presence] in Sputum or Bronchial by NAA with probe detection

**539-7** Mycobacterium sp identified in Sputum by Organism specific culture



**113861009** Mycobacterium tuberculosis

**113858008** Mycobacterium tuberculosis complex



agente causal → complejo Mycobacterium sitio del hallazgo → estructura del pulmón morfología asociada → inflamación granulomatosa proceso patológico → proceso infeccioso

tuberculosis pulmonar (trastorno)



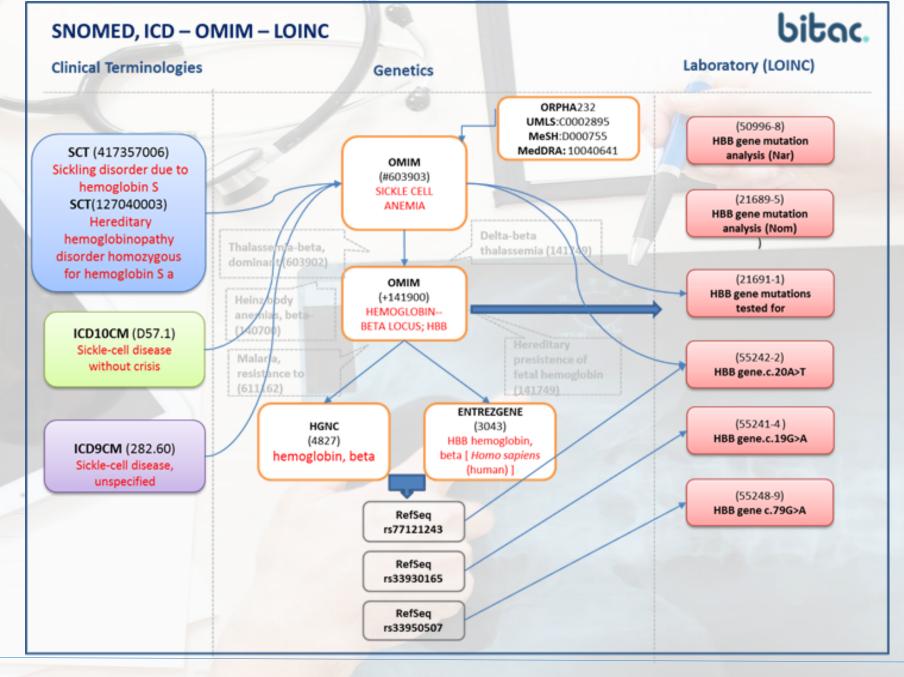
ICD-10-CM A

A15.0

Tuberculosis del pulmón







#### **SELECTING TERMINOLOGIES FOR OMICS HEALTH RECORDS**

We selected the key vocabularies, ontologies, classifications we would like to study in a first line. The clinical terminologies with broader environment than genomics were out of the scope of this project.



| Standard              | Long Name   |                            | Owner/Organization  | Type of Standard   | Priority |  |  |  |  |  |  |
|-----------------------|---|----------------------------|---|--|----------|--|--|--|--|--|--|
| HPO                   | Human Phenotype Ontology  | Charité Berlin -           | Monarche Initiative   | Phenotype-Genotype   | 1        |  |  |  |  |  |  |
| OMIM                  | Online Mendelian Inheritance in Man   | V. A. McKusick a           | and colleagues Johns Hopkins Univ., NCBI  | Phenotype-Genotype   | 1        |  |  |  |  |  |  |
| DO                    | Disease Ontology  |                            | Iniversity, Center for Genetic Medicine and the University only of Medicine, Institute for Genome Sciences. | Phenotype-Genotype   | 1        |  |  |  |  |  |  |
| GO                    | Gene Ontology   | The Gene Ontol             | ogy Consortium  | Phenotype-Genotype   | 1        |  |  |  |  |  |  |
| ClinVar               | ClinVar   | Intramural Rese            | arch Program of the NIH, National Library of Medicine. NCB  | Clinical Association phenotypes_sequence variation   | 1        |  |  |  |  |  |  |
| HGVS                  | Human Genome Variation Society  | Human Genome               | · Variation Society   | Sequence/Genes   | 1        |  |  |  |  |  |  |
| HGNC                  | Human Gene Nomendature Committee  | Human genome               | Organization (HUGO)   | Sequence/Genes   | 1        |  |  |  |  |  |  |
| dbSNP RefSNP          | Database of single nucleotide polymorphisms                                   | NCBI (National             | Center for Biotechnology Information)   | Sequence/Genes   | 1        |  |  |  |  |  |  |
| RefSeq                | Dta base of Reference sequences   | NCBI (National             | Center for Biotechnology Information)   | Sequence/Genes   | 1        |  |  |  |  |  |  |
| LRG                   | Locus Reference Genomic   | European Bioinf            | formatics Institute (EMBL-EBI).NCBI.  | Sequence/Genes   | 1        |  |  |  |  |  |  |
| ORPHANET              | ANET Portal for information on rare diseases and orphan drugs INSERM ((French |                            |   |  |          |  |  |  |  |  |  |
| MedGen                | Medical Genetics  | NCBI (Nation               | HIT Clinical Genomics D   | ata Standards   \  | 2        |  |  |  |  |  |  |
| NCIs Thesaurus        | The National Cancer Institute (NCI) Thesaurus                                 | NCI Enterpr                |   |  | 2        |  |  |  |  |  |  |
| CCDS                  | Consensus CDS protein set.  | EBI, HGNC,                 | Ensure transfer of data between systems Health Level Seven –HL7   |  |          |  |  |  |  |  |  |
| VEGA                  | The Vertebrate Genome Annotation  | Wellcome 1                 | Ensure transfer of data between systems Heal  | tn Level Seven -HL/  | 2        |  |  |  |  |  |  |
| COSMIC                | Catalogue Of Somatic Mutations In Cancer                                      | Wellcome 1                 |   |  | 2        |  |  |  |  |  |  |
| Ensembl               | genome browser for vertebrate genomes   | European B                 | LOU   | NC + + + c + + + + + + + + + + + + + + +   | 2        |  |  |  |  |  |  |
| N CBI gene            | NCBI genes identifiers  | NCBI (Natio                |   | OINC, Logical Observation Identifiers Names and Codes GVS Nomenclature, Human Genome Variation Society | 2        |  |  |  |  |  |  |
| Rx NORM               | Normalized names for clinical drugs   | National Lik               |   | VC, Human Gene Nomenclature Committee  | 3        |  |  |  |  |  |  |
| LOINC                 | Logical Observation Identifiers Names and Codes                               | Regenstriet                | · · · · · · · · · · · · · · · · · · ·   | Seq, Reference Sequences NCBI  |          |  |  |  |  |  |  |
| SNOMED CT             | Systematized Nomenclature of Medicine – Clinical Terms                        | The Interna<br>(IHTSDO)    | dbS   | NP. Single Nucleotide Polymorphism  N, International Society for Cytogenetics Nomenclature             | 3        |  |  |  |  |  |  |
| ICD10                 | International Classification of Diseases 10th Revision                        | World Heal                 | _   |  | 3        |  |  |  |  |  |  |
| EFO                   | Experimental Factor Ontology  | European B                 |   |  | 3        |  |  |  |  |  |  |
| ClinGen               | Clinical Genome Resource  | National Hu<br>Program of  | Ensure standard context for interpretations (i.e. associations)   | MED & RxNORM   | 3        |  |  |  |  |  |  |
| Uniprot               | Universal Protein Resource  | European B<br>Bioinformati | Other References LRG  | i, OMIM, COSMIC, PubMed  | 3        |  |  |  |  |  |  |
| UCSC                  | University of California Santa Cruz data base                                 | University of Co           |   |  |          |  |  |  |  |  |  |
| so                    | Sequence Ontology   | Gene Ontology              | Consortium  | Sequence/Genes   | 3        |  |  |  |  |  |  |
| Priority 1: first lin | ne study; Priority 2: second line study; Priority 3: out of the se            |                            |   |  |          |  |  |  |  |  |  |



### Reflexiones



Desde nuestra experiencia en sanidad, la aplicación de tecnologías del lenguaje para la correcta codificación de textos biomédicos debe ir acompañada de :

- Conocimiento previo de los estándares clínicos
- Base de conocimiento o base terminológica
- Bibliotecas de sinónimos, diccionarios y recursos léxicos de soporte al dominio clínico de aplicación.



