

Alcance de los sistemas de codificación en el ámbito de la información asociada a la donación de material biológico depositado en los biobancos.

Abril Tormo C. ^{1,2}, Alberich Martí MC. ⁵, Sabater Gregori X. ⁵, Gamba C. ⁴, Ahicart Momplet A. ^{1,2}, Sifres Servà L. ^{1,2}, García Flores N. ^{1,2}, Martínez Santamaría J. ^{1,2}, López Guerrero JA. ^{1,3}

¹ Red Valenciana de Biobancos / ² Biobanco para la Investigación Biomédica y en Salud Pública (Biobanco IBSP-CV)-Fundación para el Fomento de la Investigación Biomédica y en Sanitaria de la Comunidad Valenciana (FISABIO) / ³ Biobanco de la Fundación del Instituto Valenciano de Oncología (Biobanco FIVO)- Instituto Valenciano de Oncología / ⁴ Banco Público de Sangre de cordón umbilical- Hospital Pediátrico JP Garrahan / ⁵ Servicio de Estudios Epidemiológicos y Estadísticas Sanitarias. Dirección General de Salud Pública. Generalitat Valenciana.

INTRODUCCIÓN

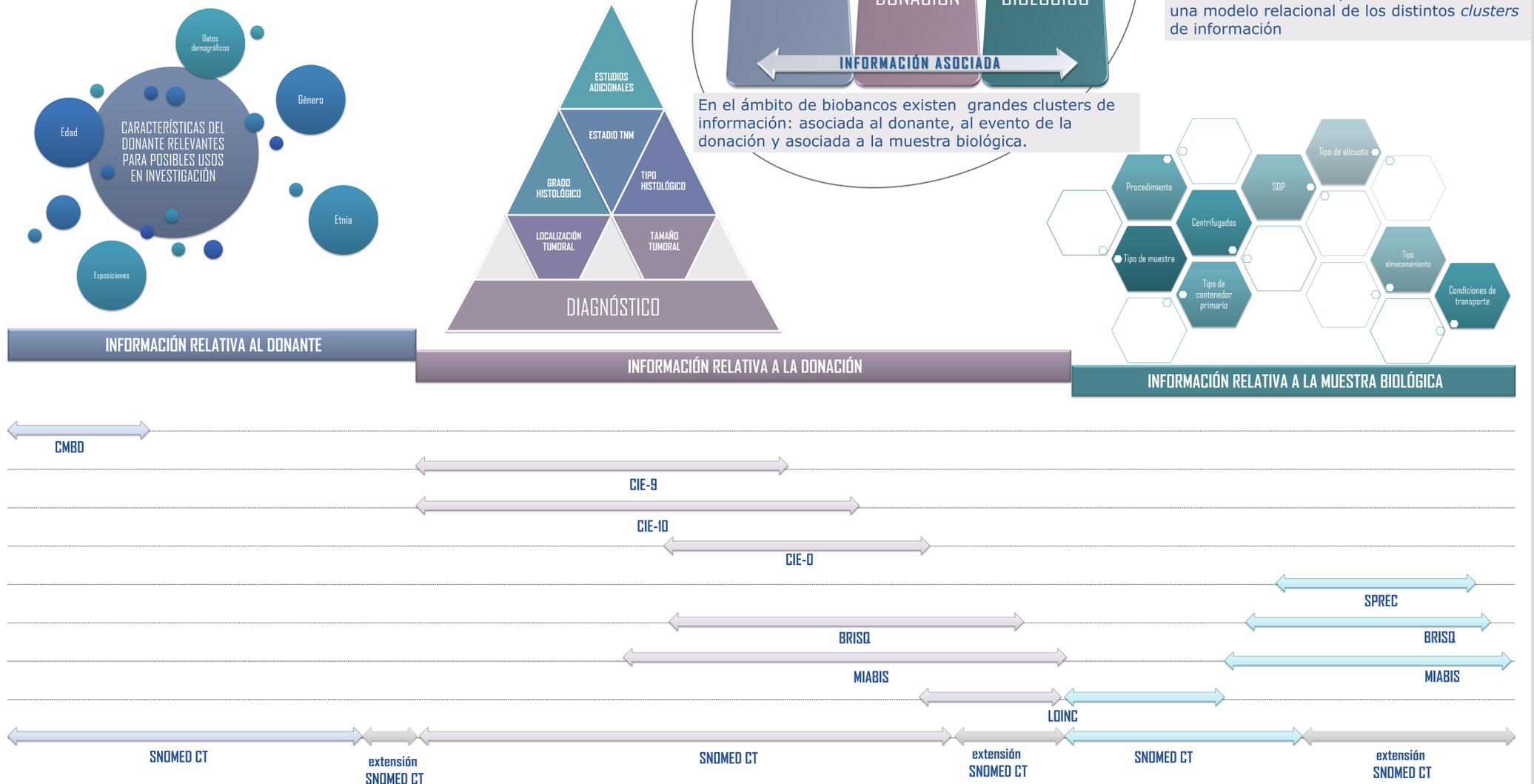
El acceso a muestras biológicas de alta calidad con información asociada a las mismas pertinentemente recogida juega un papel clave en el desarrollo de los biobancos de su misión como servicio a la investigación biomédica. La donación de material biológico implica un trabajo adicional de recopilación de información pocas veces contemplado y valorado en la actividad de biobanco.

Además, los diseños de las aplicaciones informáticas han estado alejadas de las normas estándar para el intercambio de datos para posibilitar el trabajo en red, esto redundando en una falta de normalización en los datos asociados a las muestras biológicas.

HIPÓTESIS Y OBJETIVO

Dado que existe una **elevada heterogeneidad** con respecto a la **información asociada**, se pretende **definir el alcance** que pueden asumir los distintos **sistemas de codificación** relacionados con la actividad de los biobancos.

RESULTADOS



El **CMBD** puede dar cobertura a un grupo de variables asociadas al donante. Las clasificaciones internacionales de enfermedades (**CIE-9, CIE-10, CIE-O**) son capaces de definir diagnósticos. **SPREC** resulta eficiente para la definición pre-analítica de la muestra. **BRISQ** y **MIABIS**, aunque poseen características similares, **BRISQ** se basa en recomendaciones y **MIABIS** es una

aplicación más concreta y hace referencia a otras codificaciones. **LOINC** tiene como función identificar observaciones de laboratorio y observaciones clínicas. **Todas** ellas, pueden dar **cobertura a determinadas variables**, aunque **ninguna** de ellas **de manera integral**.

CONCLUSIONES

SNOMED-CT como **sistema de codificación** es capaz de generar un **modelo relacional jerarquizado**, actualmente está mapeado con gran eficacia tanto con las variables **CMBD** de uso en biobanco como a **CIE** y **LOINC**. Dada su **versatilidad**, es posible realizar **mapeos relacionales al resto de variables independientemente del sistema de codificación**. Así pues, **SNOMED-CT no reemplaza a otras clasificaciones** sino que **las complementa** para actuar como **esquema de codificación** en el desarrollo de la **interoperabilidad semántica**.