

Names-Lab[®] : un modèle de normalisation des messages de biologie

S. Cormont¹

A. Erman¹

Y. Burckel²

A. Carayon¹

Résumé. La nécessité actuelle de communiquer entre partenaires de santé oblige à normaliser le langage utilisé dans les systèmes de gestion informatique de laboratoire. Names-Lab[®] est le seul référentiel sémantique qui permet de décrire de façon synchrone l'ensemble des messages de prescriptions et de résultats. Sa structure hiérarchisée permet un codage simple et facilement accessible aux biologistes sans pour autant imposer ni même recommander un langage. Au niveau international, Loinc[®], Euclides[®] sont des référentiels comparables à Names-Lab[®] par leurs objectifs mais différents par leur contenu et leur structure. Cette situation impose une comparaison utile au choix définitif d'un référentiel international.

Mots clés : *Analyses biologiques – Nomenclature – Standardisation – Langage sémantique – Terminologie.*

Summary. The growing requirements of communication between health partners urges to standardize the language used in laboratories data management systems. Names-Lab[®] is the only semantic reference system allowing to describe synchronously the body of prescription and result messages. Its hierarchical structure allows a simple coding, easily accessible to all biologists without imposing or even requiring a language. Other internationally proposed systems as Loinc[®] and Euclides[®] are similar to Names-Lab[®] in their purposes but are completely different by their content and structure. This prompts the medical and biologic community for a comparison of these tools before setting the choice of an international referencing system.

Key words: *Biological analysis – Nomenclature – Standardisation – Linguistics semantics – Terminology.*

¹ Assistance publique hôpitaux de Paris (DSI), Faculté Pitié-Salpêtrière, Laboratoire de biochimie médicale, 91, bd de l'Hôpital, 75634 Paris cedex 13
² Société Biorg, 20-22, rue Geoffroy-Saint-Hilaire, 75005 Paris

Tirés à part : S. Cormont

Article reçu le 23 juillet 2001, accepté le 29 octobre 2001.

Souvent omise, la nécessité d'une harmonisation du langage utilisé dans les systèmes de gestion informatique de laboratoire (SGL) dépend d'une étape de normalisation. Ce langage est caractérisé par un vocabulaire particulièrement riche, les termes employés sont souvent imprécis, la synonymie et la polysémie sont fréquentes. De plus, on observe une grande diversité du mode d'expression des résultats qui tient d'une part, à la pluridisciplinarité de la biologie et, d'autre part, aux nombreux types de présentation des comptes rendus d'analyses (CR). Ces observations ont été décrites par Landais [1], puis reprises par notre équipe et publiées dès 1991 [2].

Dans cette perspective, notre objectif a été de définir un référentiel sémantique exhaustif et univoque, adapté à toutes les disciplines de la biologie. Ce travail déposé sous le nom de Names-Lab[®] se compose d'un ensemble de fichiers dont la cohérence fonctionnelle permet de décrire simultanément les messages de prescriptions (MP) et les messages de résultats (MR), sans pour autant imposer ni même recommander un langage différent de celui utilisé dans leur pratique par les professionnels de santé. Sur la base de ce modèle, nous avons effectué un paramétrage unique et non ambigu de l'ensemble des SGL. L'intégration de Names-Lab[®] permettra, entre autres, une réduction du coût du paramétrage

article original

supporté par chaque fournisseur et utilisateur de SGL, un meilleur archivage du dossier médical quelle que soit sa provenance, une comptabilité analytique et statistique plus précise et plus juste, des études épidémiologiques indispensables à la recherche médicale.

Historique et présentation de Names-Lab®

En 1988, la Direction générale de l'Assistance publique-Hôpitaux de Paris (AP-HP) initie son système d'information hospitalier (SIH) et identifie en biologie, comme dans les autres domaines médicaux, le problème lié à la diversité des modes d'expression et la nécessité corollaire de s'appuyer sur des standards sémantiques. En l'absence de tout référentiel de biologie existant à cette époque, elle met en place un groupe de travail s'appuyant sur la diversité et la compétence de ses 50 hôpitaux représentant 300 services et laboratoires de biologie. Un vaste programme rassemble une cinquantaine d'experts hospitaliers et universitaires dont l'objectif est de comparer et de colliger toutes les prescriptions d'analyses existantes pour l'ensemble du champ de la biologie. Ce travail s'appuie dès cette époque sur une logique de construction très formelle qui sera le pivot de la nomenclature Names-Lab®. Soucieux de vérifier sa cohérence et sa validité, le groupe de travail Names-Lab® recense sur la base de ce référentiel la totalité des analyses biologiques réalisées à l'AP-HP. Les 18 000 analyses sont gérées par une base de données relationnelle (serveur d'information des analyses médicales : SIAM). Ce serveur, inauguré en 1993, est toujours opérationnel. Initialement accessible par voie télématique (3614 APHP), il est depuis 1999 consultable sur un site web (<http://minitel.ap-hp.fr>). Il constitue une base fonctionnelle très importante et un outil d'analyse du MP intégrant les données de près de 30 000 connexions par an. Il représente surtout la première pierre du système d'information en matière de biologie. Il fédère de manière univoque et exhaustive l'ensemble des laboratoires de biologie et préfigure le fonctionnement des serveurs de prescriptions et des serveurs de résultats.

En 1995, Names-Lab®, ainsi que les logiciels de gestion associés, sont déposés à l'institut national de la protection industrielle (INPI). Elle est la première nomenclature référencée sur la liste des codes utilisés dans le domaine de la santé à l'association française de normalisation (Afnor) (www.afnor.fr). Elle est inscrite à l'organisation mondiale de la santé (OMS) sous le N°HC00002. Names-Lab® est implémentée dans les

outils informatiques des hôpitaux de Marseille qui développent un système intranet de traitement de l'information et de la demande en biologie. Une commission nationale rassemblant près de 60 experts en biologie médicale est alors créée. Sa mission est d'assurer la mise à jour régulière et la cohérence sémantique de Names-Lab®. La fonctionnalité de ce standard s'appuie alors sur plus de 500 plateaux techniques.

L'analyse du MP étant validée, dès 1998, la structure de Names-Lab® est élargie vers celle du MR. Un groupe de travail est constitué avec l'association : harmoniser et promouvoir l'information médicale (HPRIM) afin d'étudier la transmission des MR. Après validation, HPRIM décide d'incorporer Names-Lab® dans leur prochaine version. Grâce à une collaboration entre notre équipe et la caisse nationale d'assurance maladie des travailleurs salariés (CNAMTS), une table de transcodage est réalisée avec la nomenclature des actes de biologie médicale (NABM). Les démarches auprès du ministère de la Santé aboutissent en 1999 à la signature par les directions d'une recommandation officielle d'utilisation dans les échanges de messages de biologie. Le groupe EDISanté (GT14) est créé et réunit tous les partenaires concernés par le développement de ce projet en France. Un fond d'aide à la qualité des soins de ville (FAQSV) est rédigé sur le thème : « Étude des conditions de déploiement d'une nomenclature de codes de biologie médicale (Names-Lab®) à destination des professionnels de santé libéraux y compris dans les relations ville-hôpital ».

En parallèle, la Société Metawings, met en œuvre le projet Everbio.com dont l'objectif est de créer un système automatique de réception de résultats biologiques et de données médicales en intégrant Names-Lab® au format XML (www.names-lab.org).

Définitions et standards

Définitions

– Le compte rendu d'analyses (CR) est l'ensemble des éléments nécessaires à la bonne interprétation des résultats d'examens de laboratoire. Cet ensemble doit être conforme à la réglementation en vigueur et à celle prévue dans le guide de bonne exécution des analyses de biologie médicale (GBEA).

– Le message prescription (MP) est l'ensemble des données constituant la prescription médicale, organisé en vue de son traitement informatique.

– Le message résultat (MR) est l'ensemble des données du compte rendu, structuré et organisé en vue de son traitement informatique.

– Le transcodage est la transformation d'un message en un code numérique ou alphanumérique.

Standards utilisés dans la transmission des messages électroniques de biologie

Toute transmission s'appuie sur des standards de modélisation (RIM). Le choix d'un standard suppose celui d'une syntaxe, d'un langage ainsi que de règles sémantiques [3]. La syntaxe est l'ensemble des règles et définitions spécifiant les types de composants de base des messages et leur organisation. La sémantique permet de définir le contenu et l'énoncé des éléments du message.

– Standards : le CEN/TC 251(PT 004) dresse en 1992, un bilan des formats d'échanges existants [4] : standard international : ASN.1 : développé par l'ISO ; standard américain : ASTM E1238 - HL7 ; standard européen : EDIFACT, plus récemment l'ENV 1613 et ENV 12539 du CEN/TC 251.

Une collaboration entre HL7 et le CEN s'efforce de mettre au point un RIM commun.

– Recommandations institutionnelles : assurées principalement par le groupement pour la modernisation du système d'information hospitalier (GMSIH).

– Recommandations non institutionnelles : EDISanté, l'Afnor, HPRIM ont pour mission de réunir différents partenaires et d'émettre des recommandations sur les standards et proposer des protocoles. Par son rôle d'interface entre les professionnels de santé et les institutions, HPRIM s'est développée en France depuis 1990. Cette association regroupe des éditeurs de logiciels de laboratoire et des professionnels de santé dont le but est de promouvoir des formats d'échange de données médicales. Ce groupe a élaboré des protocoles de communication qui s'appuient sur le standard américain ASTM 1238. Ces protocoles permettent de véhiculer pour l'ensemble de la biologie les MP et les MR.

Référentiels sémantiques de biologie

– Référentiels : Trois principaux référentiels sémantiques, à notre connaissance, sont proposés actuellement : Euclides[®], Loinc[®] et Names-Lab[®]. Deux d'entre eux (Loinc[®] et Euclides[®]) sont disponibles pour le transfert des MR de biologie, alors que Names-Lab[®] assure la transmission synchrone des MP et des MR. Ces référentiels sont basés sur l'existence de tables (modèles de données) regroupant des termes dont la dénomination arbitrairement définie est codée sous forme mnémotechnique, alphanumérique ou numérique. L'architecture de l'ensemble procède d'un système de juxtaposition servant à identifier les MP et les MR.

Euclides[®] (*European standard for clinical laboratory data exchange between medical information systems*) : référentiel créé en 1990, il couvre l'ensemble des disciplines de la biologie. Son architecture est basée sur six modèles de données codés : les tests ou analytes, les spécimens ou milieux, les méthodes, les unités, les quantités, le commentaire. Son organisation est très proche de Names-Lab[®] et son code se construit sur le principe de concaténation des codes [5].

Names-Lab[®] (nomenclature des analyses médicales élémentaires) : référentiel à visée européenne dont l'architecture sera développée ci-après.

Loinc[®] (*Logical observation identifier names and codes*) : référentiel américain associé aux standards ASTM 1238 et HL7 qui permet une transmission, dans le segment OBX (ASTM) ou OBR (HL7), des messages de biologie.

Le message se compose de six segments. L'analyte, la propriété mesurée, la notion de temps, le type de prélèvement, l'échelle et la technique de dosage [6, 7]. Chaque message est précédé par un code numérique univoque (*tableau 1*). Ce code permet d'identifier le résultat des tests dans les comptes rendus électroniques. Il n'a pas de structure intrinsèque.

Tableau 1. Message codé selon Loinc[®]

2614-6 GLUCOSE^2H POST 100G GLUCOSE PO:MCNC:PT:SER/PLAS:QN*

*<(constituant)^(intervalle de temps)(quantité)(substance)(voie d'administration)>:<propriété>:<dimension de temps>:<type de prélèvement>:<type d'échelle>.

PO : prise orale ; MCNC : masse ; PT : mesure à un temps donné ; SER/PLAS : sérum/plasma ; QN : mesure quantitative.

Architecture de Names-Lab[®]

Structure

Names-Lab[®], est une nomenclature modulaire et hiérarchique. Elle repose sur un ensemble de six modèles de données fortement typés et deux référentiels. Names-Lab[®] se définit selon deux axes :

- un axe modulaire qui représente la structure primaire et repose sur la triade : référence (analyte), milieu, technique. C'est l'axe fondamental de la description. Des relations sémantiques simples de type « est un élément de » (concept de généralisation) les relient ;
- un axe hiérarchique qui permet d'analyser le MP et le MR, composé des paramètres, sous-paramètres et unités.

article original

Les modèles de données et référentiels

Six modèles de données représentent la base de Names-Lab®. Ils sont gérés par la commission de la nomenclature et évoluent en fonction des progrès de la biologie.

Modèle 1 : « Référence ».

Il regroupe l'ensemble des analytes (notion d'objet). L'analyte est le constituant fondamental de l'analyse. Le libellé de chaque analyse est issu dès que possible d'une nomenclature professionnelle (DCI, *enzyme committee*, ICTV, *genobase*...) ou par défaut de l'*index medicus*, ce qui permettra une traduction aisée dans différentes langues européennes. Ce modèle de données représente un noyau invariable. Il est codé sur quatre caractères. Le libellé des références est soumis à des règles d'écriture non développées dans ce document.

Modèle 2 : « Technique ».

Il regroupe les techniques principales utilisées pour réaliser l'analyse. Chacune est codée sur trois caractères.

Modèle 3 : « Milieu ».

Il comprend les milieux de prélèvement et d'exécution ou compartiments biologiques dans lesquels sont effectuées les analyses. Ces milieux sont codés sur trois caractères.

Modèle 4 : « Paramètre ».

Les paramètres sont aussi proches que possible des intitulés utilisés par les laboratoires dans leurs CR et en particulier ceux des services de biologie de l'AP-HP. L'analyse du dictionnaire de leur SGL a permis de compléter de manière exhaustive ce modèle. Comme les références, les paramètres sont invariables mais non limitatifs. Ils sont structurés, classés, codés sur quatre caractères et sont soumis à des règles d'écriture formelles. Par exemple, dans le cas de « tests » ou d'« épreuves », les paramètres débiteront par le nom du stimulus. On distinguera les stimuli pharmacologiques (Synacthène®...) ou physiques (électrique, température...) pour lesquels le terme « test » a été choisi, des stimuli métaboliques (glucose...) où le terme « épreuve » est employé. On différencie dans ce groupe, les épreuves de charge (augmentation des concentrations du stimulus), des épreuves de restriction (diminution ou restriction des concentrations). Le cas échéant, le libellé se terminera par la voie d'administration (*per os*, intraveineuse...). Chaque élément est

séparé par un « ^ ». Ainsi, l'hyperglycémie provoquée par voie orale (HGPO) devient : *Glucose^épreuve de charge^per os*.

Modèle 5 : « Sous-paramètre ».

Pour certaines analyses dont le CR est plus complexe, un deuxième niveau de description est nécessaire et doit être joint au précédent pour assurer la description complète des MP et des MR. Celui-ci est réalisé par les sous-paramètres. Ils sont classés et codés sur quatre caractères. Dans notre exemple sur l'HGPO, le sous-paramètre nous renseigne sur la notion de temps (T 0 min, T 15 min, T 30 min...).

Modèle 6 : « Unité ».

Ce modèle décrit prioritairement les unités internationales et accessoirement l'ensemble des unités dites courantes, codées sur trois caractères.

Référentiel 1 : « Examen ».

Il regroupe les éléments d'une prescription exprimée en langage naturel. Ce fichier peu structuré et variable, est constitué d'éléments non codés liés à une ou plusieurs références. Ce référentiel représente une base de données essentielle à la constitution d'un moteur de recherche.

Référentiel 2 : « Descripteur ».

Il convertit chaque référence en libellés issus des nomenclatures internationales. Ce référentiel permet une traduction immédiate en d'autres langues.

Construction du code

Selon la définition du transcodage, Names-Lab® assure la transition entre le langage médical naturel de la prescription et celui de l'expression du CR. Le code se construit par la concaténation des codes numériques des modèles de données (référence, paramètre, sous-paramètre, milieu, technique et unité) (*tableau 2*). Chaque item, même non renseigné, possède un code « 0 » afin de respecter l'intégrité structurelle du code à 21 caractères. À chaque code numérique correspond un libellé associant les différents modèles et construit de la façon indiquée par le *tableau 2*.

Tableau 2. Concaténation des six modèles de données Names-Lab® à la base de la constitution du code à 21 caractères

0000	0000	0000	000	000	000
<Référence>	<Paramètre>	<Sous-paramètre>	<Milieu>	<Technique>	<Unité>

Analyse du message résultat selon Names-Lab®

Méthode

Le MR est construit selon les principes de transcodage précédemment exposés. La référence, le milieu et la technique étant définie, le reste du code dépend d'une part de la prescription et d'autre part du mode d'expression du CR défini par le biologiste. Cette organisation se décline sur trois niveaux :

- l'ensemble « référence, milieu, technique »,
- les paramètres,
- les sous-paramètres.

Elle décrit ainsi tous les types de hiérarchisation des CR et permet par son caractère formel et organisé un traitement informatique.

Exemples de codage

Un certain nombre d'exemples de codage sont décrits selon leur complexité croissante :

- élémentaire (avec et sans paramètre renseigné) (*tableau 3*) ;
- sur trois niveaux (sous-paramètres renseignés) (*tableau 4*) ;
- groupements d'analyses (*tableau 5*).

Interprétation

– Codage élémentaire : dans 90 % des cas, le codage des MR s'apparente à ce type. La référence se suffit à elle-même, associée ou non à un paramètre renseigné, au milieu, à la technique et aux unités (*tableau 3*).

Tableau 3. Codage élémentaire (avec et sans paramètre renseigné)

Prescriptions	Codage	Résultats
Glycémie	0612 0000 0000 101 239 532	Glycémie= x mole/L
Glycémie à jeun	0612 0522 0000 101 239 532	Glycémie= x mole/L à jeun

0612 : glucose ; 0522 : à jeun ; 101 : sang ; 239 : glucose oxydase ; 532 : mole/L.

– Codage sur trois niveaux : afin de coder certains MR spécifiques, des sous-paramètres sont utilisés (*tableau 4*). Par exemple, le sous-paramètre, dans un test, apporte une notion de temps précise (T 0 min, T 30 min, T 60 min) ou imprécise (T0, T1, T2). Ces différentes possibilités permettent au laboratoire de recevoir tous les types de MP.

– Codage des groupements d'analyses : une prescription peut comporter plusieurs références qui doivent

Tableau 4. Codage sur trois niveaux (sous-paramètres renseignés)

Prescriptions	Codage	Résultats
Test au Synacthène (ACTH)		
ACTH T0	0082 0125 0001 101 013 532	ACTH, Synacthène test T0 = x mole/L
ACTH T 30 min	0082 0125 0034 101 013 532	ACTH, Synacthène test T 30 min = x mole/L
ACTH T 60 min	0082 0125 0569 101 013 532	ACTH, Synacthène test T 60 min = x mole/L

0082 : ACTH ; 0125 : synacthène^test ; 0001 : T0 ; 0034 : T 30 min ; 0569 : T 60 min ; 101 : sang ; 013 : radio-immunologie ; 532 : mole/L.

rester associées dans le CR. Elles seront regroupées dans le SGL sous le terme de « groupement » afin d'assurer une homogénéité de ces CR (*tableau 5*). Ce groupement permet aux biologistes de définir eux-mêmes un ensemble cohérent d'analyses adapté à leur pratique usuelle.

1) Ionogramme comprenant « n » références. Afin de renseigner le résultat antérieur des analyses comprises dans un groupement variable suivant les laboratoires, Names-Lab® n'assure que le codage des analyses élémentaires.

2) Examen cyto bactériologique des urines (ECBU) comprenant pour une référence plusieurs paramètres.

3) Antibiogramme. Ce groupement se compose d'une référence et « n » paramètres (antibiotiques à tester pour un micro-organisme donné). Le résultat indiquera le degré de sensibilité de chacun.

– Cas particuliers

1) Adaptation dynamique. Certains problèmes spécifiques à la bactériologie obligent à avoir une adaptation dynamique du paramétrage. En effet, le nombre de lignes constituant le CR évolue au fur et à mesure des orientations diagnostiques du biologiste.

2) Identification et numération des micro-organismes. L'identification et la numération des micro-organismes correspondent à des paramètres (ex : « germe.identification », « germe.numération »). Le nom du micro-organisme est transmis sous forme de texte libre dans le CR. Il est en effet illusoire de pouvoir, de manière exhaustive, coder l'ensemble des micro-organismes identifiés à ce jour. De façon arbitraire, nous avons limité à 10 le nombre de micro-organismes trouvés dans un même prélèvement. Comme nous le montre le *tableau 5*, le sous-paramètre assure le lien avec chaque micro-organisme identifié.

article original

Discussion

La coexistence de deux référentiels sémantiques dont l'objectif est d'assurer une interface assurant une cohérence entre les différents dictionnaires des SGL nous impose de comparer leur structure et leur mode d'utilisation. Pour cette comparaison, nous nous sommes basés sur le référentiel natif anglo-saxon de Loinc[®] car bien qu'il existe une version française proposée par une équipe suisse, celle-ci s'accompagne au dire des auteurs d'une certaine perte d'informations [8].

Comparaison de la structure et du contenu des messages résultats selon Names-Lab[®] et Loinc[®]

Les principes de construction de chacun des référentiels sont différents même si la finalité est identique. Cette observation repose sur une définition plus formelle de l'analyte dans Names-Lab[®]. Cette définition se limite à l'objet mesuré, complété par les paramètres

et les sous-paramètres et décrit ainsi le message résultat. Dans Loinc[®], la définition de l'analyte est moins précise (tableau 6).

Les capacités descriptives du référentiel Names-Lab[®] sont plus exhaustives que celles de Loinc[®]. Toutes les combinatoires sont théoriquement possibles. Elles demeurent fort heureusement limitées grâce aux fichiers d'aide au paramétrage et respectent ainsi une logique médicale évidente et répondent aux objectifs de normalisation. Names-Lab[®] apporte une grande souplesse d'utilisation en s'adaptant et interprétant tout type de prescription. Ainsi, dans un test d'hyperglycémie provoquée par voie orale, la prescription médicale conventionnelle (un prélèvement toutes les 30 min pendant deux heures) peut varier selon le prescripteur. Names-Lab[®] assure le codage de l'ensemble des prescriptions usuelles ou non (un prélèvement toute les 10, 15 ou 30 min, prélèvements pendant un temps supérieur à 2 heures).

Tableau 5. Groupements d'analyses comprenant soit « n » références, soit un ensemble de différents paramètres pour une même référence

Prescriptions	Codage	Résultats
Ionogramme sang		
sodium	1166 0000 0000 101 062 437	sodium = mEq/L
potassium	1058 0000 0000 101 062 437	potassium = mEq/L
chlore	0356 0000 0000 101 047 532	chlore = mole/L
urée	1303 0000 0000 101 047 532	urée = mole/L
créatinine	0431 0000 0000 101 047 532	créatinine = mole/L
Examen cyto bactériologique des urines (ECBU)		
origine	0092 0196 0000 401 000 000	prélèvement origine =
Examen direct		
aspect	0092 0556 0000 401 181 000	prélèvement aspect =
Examen direct microscopique		
cellules	0092 0258 0000 401 037 000	cellules =
hématies	0092 0920 0000 401 037 000	érythrocytes =
leucocytes	0092 0924 0000 401 037 000	leucocytes =
cylindres	0092 0888 0000 401 037 000	cylindres =
Coloration de Gram		
colonies	0092 1072 0000 401 192 000	colonies aspects =
nombre de colonies	0092 1162 0000 401 192 000	colonies nombres =
identification	0092 0305 0182 401 192 000	germe 1 =
	0092 0305 0183 401 192 000	germe 2 =
numération	0092 0909 0182 401 192 000	numération germe 1 =
	0092 0909 0183 401 192 000	numération germe 2 =
Antibiogramme		
amoxicilline	0176 1079 0182 000 084 000	amoxicilline sur germe 1 résistant/sensible
ampicilline	0176 1077 0183 000 084 000	ampicilline sur germe 2 résistant/sensible

Références : 1166 : sodium ; 1058 : potassium ; 0356 : chlore ; 1303 : urée ; 0431 : créatinine ; 0092 : ECBU ; 0176 : antibiogramme.

Paramètres : 0196 : prélèvement origine ; 0556 : prélèvement aspect ; 0258 : cellules ; 0920 : érythrocytes ; 0924 : leucocytes ; 0888 : cylindres ; 1072 : colonies aspects ; 1162 : colonies nombres ; 0305 : germe identification ; 0909 : germe numération ; 1079 : amoxicilline ; 1077 : ampicilline.

Sous-paramètres : 0182 : germe 1 ; 0183 : germe 2.

Tableau 6. Comparaison des messages résultats

Names-Lab®	Loinc®
Hyperglycémie provoquée par voie orale (HGPO)	
Glucose:Glucose^80g^épreuve de charge^per os:T0:sang:Méthode enzymatique:mole/L 061216880001101167532	GLUCOSE^BS PRE 100G GLUCOSE PO:MCNC:PT:PLAS:QN 1549-5
Glucose:Glucose^80g^épreuve de charge^per os:T15mn:sang:Méthode enzymatique:mole/L 061216880560101167532	GLUCOSE^15M POST 100G GLUCOSE PO:MCNC:PT:SER/PLAS:QN 11142-7
Glucose:Glucose^80g^épreuve de charge^per os:T30mn:sang:Méthode enzymatique:mole/L 061216880034101167532	GLUCOSE^30M POST 100G GLUCOSE PO:MCNC:PT:SER/PLAS:QN 1525-5
Hémogramme (prescription individualisée)	
Érythrocytes numération::-: sang :méthode automatisée: / mm ³ 25000000000101144016	ERYTHROCYTES:NCNC:PT:BLD:QN:AUTOMATED COUNT 789-8
Érythrocytes numération: VGM::-: sang :méthode automatisée: mc ³ 250005100000101144410	MEAN CORPUSCULAR VOLUME:ENTVOL:PT:RBC:QN:AUTOMATED COUNT 787-2
Leucocytes numération :::: sang:méthode automatisée: / mm ³ 25010000000101144016	LEUKOCYTES:NCNC:PT:BLD:QN:AUTOMATED COUNT 789-8
Leucocytes numération: granulocytes basophiles: -: sang:méthode automatisée: % 250109110000101144761	GRANULOCYTES:NCNC:PT:BLD:QN:AUTOMATED COUNT 20482-6
Hématocrite::-: sang:méthode automatisée: % 07360000000101144761	HEMATOCRIT:VFR:PT:BLD:QN:AUTOMATED COUNT 4544-3
Hémoglobine::-:sang:méthode automatisée:g/100mL 06510000000101144060	HEMOGLOBIN: MCNC:PT:BLD:QN 718-7
Hémogramme (prescription groupée)	
Groupement non incorporé à Names-lab®	HEMOGRAMME PANEL::-:PT:BLD:QN 24358-4 HEMOGRAMME & DIFFERENTIAL PANEL::-:PT:BLD:QN 24359-2

MCNC : masse ; NCNC : nombre/vol ; ENTVOL : volume ; VFR : fraction de volume ; PLAS : plasma ; SER/PLAS : sérum/plasma ; BLD : sang ; RBC : érythrocytes.

Loinc®, plus normatif, limite la transmission à des messages préformatés. Certains tests ne sont pas prévus ainsi que de nombreux horaires de prélèvements. Cette démarche apparaît comme plus globale et plus contraignante.

La présence du modèle de données « unité » dans Names-Lab® montre notre volonté de décrire, de façon formelle et complète, un MR. Les unités décrites d'après les travaux de Lee Min Lau [9] appartiennent au segment « propriété mesurée » dans Loinc®. Toutefois cet article ne précise pas les conditions de définition de ces unités qui apparaissent comme un sous-segment non formel et généré selon les besoins des laboratoires.

Les informations sur le « milieu » et la « technique » de dosage sont décrites de façon comparable dans les deux référentiels.

Comparaison des codes

Codes numériques

Le code numérique est celui qui assure la transmission électronique. Sa genèse et son utilisation doivent être transparentes pour l'utilisateur. Le code, à 21 caractères, utilisé dans Names-Lab® est formé par la concaténation des codes numériques des six modèles de données. Celui de Loinc®, plus court, procède par un algorithme. Dans ces deux référen-

article original

tiels, les logiciels d'aide au paramétrage génèrent les codes de manière automatique. Ces codes numériques ne sont pas stables dans le temps. Toutefois, Names-Lab[®], du fait de son enregistrement auprès de l'Afnor, ne peut modifier les codes affectés à chaque item de ses modèles pour une durée de 100 ans. Seule la constitution du code global, comme dans Loinc[®], peut varier en fonction du MR. Par ailleurs, l'analyse des codes de Names-Lab[®] est facilement réalisable car elle est issue d'un simple principe de concaténation. En revanche, les codes Loinc[®] ne peuvent être décryptés par le biologiste. Ils ne sont pas structurés ni intrinsèquement définis (*tableau 6*).

Codes alphanumériques et mnémoniques

Ces codes servent à la traduction des codes numériques en un langage sommairement intelligible. Names-Lab[®] utilise des libellés couramment utilisés par les professionnels de santé tout en respectant certaines règles d'écriture. Loinc[®] utilise des codes mnémoniques dont la compréhension ne peut être réservée qu'aux initiés (*tableaux 1 et 6*). Cela peut constituer un handicap lors du paramétrage ou *mapping*.

Le groupement

Names-Lab[®] dont la structure se compose de références unitaires, a choisi de ne pas décrire les groupements d'analyses car ceux-ci dépendent prioritairement du prescripteur. Une grande souplesse dans la prescription doit être préservée. Names-Lab[®] de par sa structure permettra d'éviter une inflation des prescriptions souvent incluses dans les groupements. Grâce au référentiel « Examen », toute demande même groupée sélectionnera un ensemble de références (voir l'exemple de l'hémogramme dans le *tableau 6*). Cette structure a l'avantage de permettre une bonne gestion des antériorités, mais pose le problème informatique de la gestion des analyses dites groupées dans le résultat.

Loinc[®] a choisi de réunir sous le terme de *panel* des groupements préétablis (*tableau 6*). Ce choix va dans le sens du caractère normatif vu précédemment. Une liste de *panel* ainsi que les différents éléments qui les composent constitue un ensemble supplémentaire de ce référentiel. Cela a pour but de rigidifier le MR, mais ne permet pas aux prescripteurs de choisir les analyses désirées dans le groupement. De plus, aucune comparaison n'est possible entre une numération d'érythrocytes, demandée isolément, et celle réalisée dans un test.

Limites

Bien que comparables, ces deux référentiels n'ont pas le même champ d'application. Names-Lab[®] ne concerne que la biologie médicale, Loinc[®] par sa fusion avec un autre référentiel (Snomed[®]) a une utilisation dans un domaine plus vaste comprenant la biologie et d'autres disciplines médicales.

Names-Lab[®] par sa collaboration avec la CNAMTS dispose d'une base formalisée appréciable, pour une facturation logique et juste, adaptée à la réalité.

Après une comparaison rapide des différents SGL, aucun des deux référentiels précités ne semble pouvoir être utilisé directement dans un dictionnaire d'analyses. Une table de transcodage, ou mieux, la saisie du code au niveau des fenêtres de paramétrage des différents éléments que compose une analyse, paraît justifiée.

Conclusion

Un référentiel sémantique universel est devenu une nécessité pour les échanges de messages de prescriptions et de résultats ainsi que pour le traitement informatique des données en biologie. Deux référentiels principaux existent de nos jours. Si Names-Lab[®] apparaîtrait comme une nomenclature dont l'architecture est très structurée, elle assure néanmoins une souplesse d'utilisation. Loinc[®] en revanche, présente une organisation plus rigide et donc plus conforme à une orientation normative. La collaboration entre le CEN/TC251 et HL7 pour créer un RIM commun représente une opportunité quant au rapprochement de ces deux référentiels. Dans une première étape, l'intégration de Names-Lab[®] au CEN/TC251, comparable à celle de Loinc[®] au sein d'HL7, serait un point de départ à ce rapprochement. Il paraît urgent de développer les outils informatiques nécessaires afin que les biologistes puissent utiliser Names-Lab[®] de façon simple et transparente.

Références

1. Landais P, Jais JP, Frutiger P. Sémantique des classifications et nomenclatures. Informatique et Santé 1. Paris : Springer-Verlag 1989.
2. Carayon A, Noe E, Liebard G, Legrand JC. Informatisation d'un fichier d'analyses biologiques. *Rev Fr Lab* 1992 ; 232 : 69-76.
3. McDonald CJ, Martin K, Overhage JM. Standards for the electronic transfer of clinical data: progress and promises. *Top Health Rec Manage* 1991 ; 11 : 1-16.

4. Athwall P, Ottes L, Segers D, Florin C, Milton F, Benson T. Investigation of syntaxes for existing interchange formats to be used in health-care. In : De Moor GJE, *et al.*, eds. *Progress in standardization in health care informatics*. Amsterdam : IOS Press 1993 : 119-26.
5. De Moor GJE. Euclides, un pas vers la normalisation européenne des messages électroniques en biologie clinique. *Spectra Biologie* 1991 ; (Suppl. 91/4) : 15-6.
6. Dolin RH, Huff SM, Rocha RA, Spackman KA, Campbell KE. Evaluation of a « lexically assign, logically refine » strategy for semi-automated integration of overlapping terminologies. *J Am Med Inform Assoc* 1998 ; 5 : 203-13.
7. Marietti C. A modern Loinc (Logical Observation Identifier Names and Codes). *Health Inform* 1998 ; 15 : 28.
8. Bierens de Haan J, Deom A. Pour un répertoire universel des analyses médicales : Loinc™, version française. *Ann Biol Clin* 1999 ; 57 : 730-6.
9. Lau LM, Johnson K, Monson K, Lam SH, Huff SM. A method for the automated mapping of laboratory results to Loinc. *Proc AMIA Symp* 2000 : 472-6.