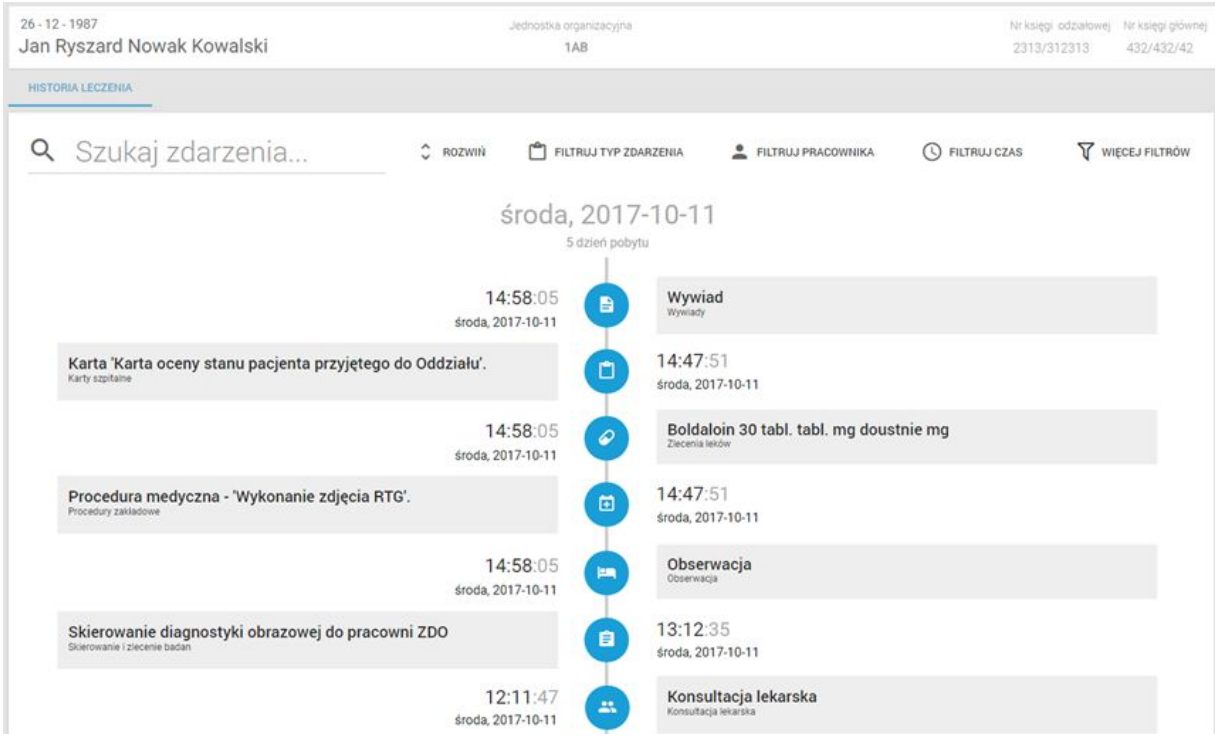
Elektroniczna karta pacjenta

Opis

Celem projektu jest stworzenie aplikacji pełniącej rolę prostej elektronicznej karty pacjenta. W szczególności aplikacja powinna wykorzystywać standard FHIR w celu pobierania i aktualizacji danych z wybranego serwera testowego (ograniczenie do kilku wybranych zasobów -- szczegóły w opisie wymagań obowiązkowych) oraz pozwalać na prezentację danych w czytelnej formie uwzględniającej ich aspekt czasowy. Poniżej przedstawiono przykłady interfejsu użytkownika z systemu Eskulap, które można potraktować jako inspirację.



Technologia wykorzystana do budowy aplikacji oraz platforma, na której ma ona działać (np. webowa, desktopowa, mobilna) są dowolne. Proszę tylko zwrócić uwagę, że niektóre technologie (zwłaszcza Java) są lepiej wspierane niż inne, jeśli chodzi o dostępne biblioteki i narzędzia.

Wymagania obowiązkowe

- Aplikacja powinna wyświetlać listę pacjentów (z możliwością filtrowania po nazwisku), po wyborze pacjenta powinna pobierać komplet jego danych -- w tym celu można skorzystać z operacji `everything`. Po odczytaniu dane powinny być wizualizowane w trybie do odczytu (bez możliwości edycji), czy czym powinna istnieć możliwość określenia okresu, który ma być wizualizowany (np. wybrany miesiąc).

- Aplikacja powinna wizualizować następujące zasoby: `Patient`, `Observation`, `MedicationStatement` oraz `Medication`[1] (pozostałe zasoby znajdujące się w zbiorze pobranych informacji można pominąć).

- W przypadku bardziej złożonych zasobów należy zastosować dwa poziomy prezentacji -- podstawowe informacje na diagramie reprezentującym zasoby na osi czasu oraz szczegóły po wyborze (np. dwukrotnym kliknięciu) na wybranym zasobie. Podczas wyświetlania zasobu można wykorzystać jego podsumowanie tekstowe (text[2]).

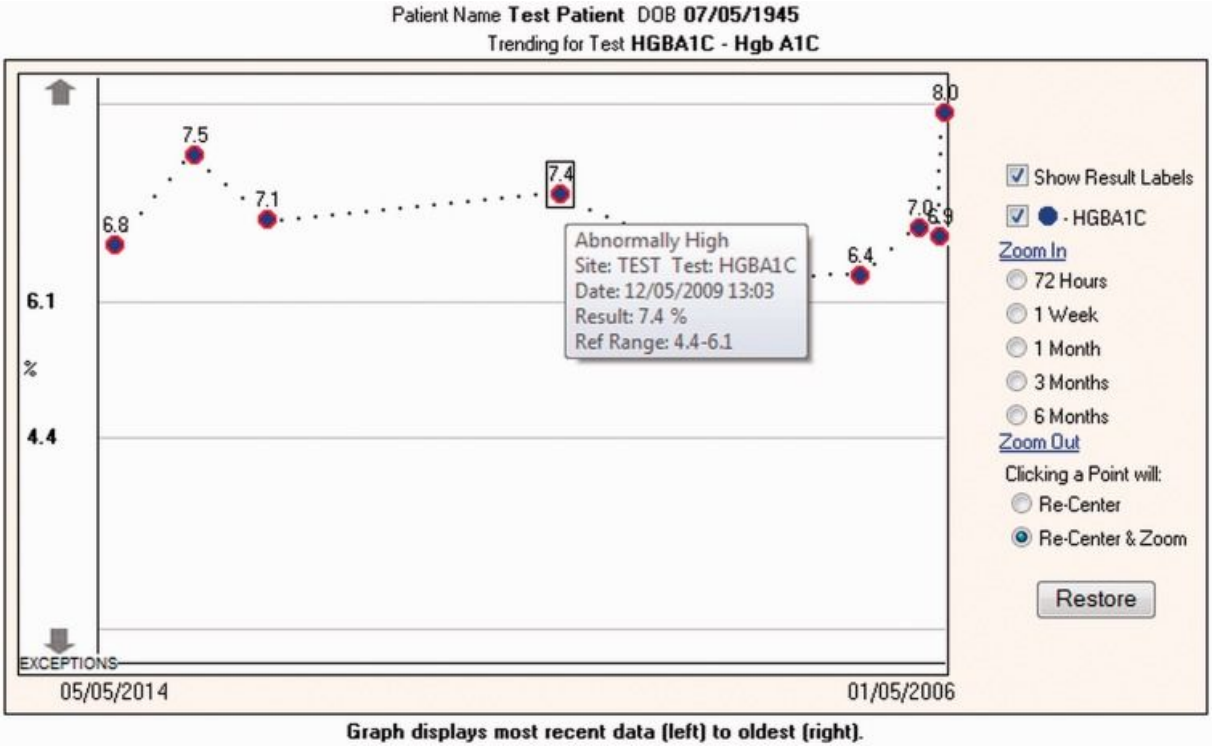
Wymagania na 4.0

- Aplikacja powinna realizować wymagania podstawowe. Poza tym dla wybranych obserwacji liczbowych (np. waga, temperatura) powinna pozwalać na tworzenie wykresów pokazujących zmianę tych parametrów w czasie. Przykładowe rozwiązanie prezentowane jest poniżej. Na wykresie wystarczy pokazać przebieg jednego parametru, przy czym powinna być możliwość dodatkowego ograniczenia okresu, dla którego prezentowany jest wykres (np. zmiany we wskazanym tygodniu).

---

[1] Na osi czasu powinny być wyświetlane zasoby `MedicationStatement` -- `Medication` zawiera opis danego leku. Jeśli `MedicationStatement` (albo `MedicationRequest` -- w zależności od wybranego serwera/zbioru danych) zawiera wystarczający opis leku, wówczas wykorzystanie zasobu `Medication` nie jest potrzebne (np. nie występuje on w danych sztucznych).

[2] Pole w każdym zasobie, generowane zazwyczaj automatycznie, które powinno stanowić zwięzłą i czytelną jego reprezentację.



Graph displays most recent data (left) to oldest (right).

- Do stworzenia wykresów należy wykorzystać gotowe biblioteki lub komponenty.

Wymagania na 5.0

- Aplikacja powinna realizować wymagania na 4.0. Poza tym powinna ona umożliwiać edycję wybranych zasobów (ograniczenie 2-4 pól istotnych dla danego zasobu) oraz zapisywać zmiany na serwerze.
- Aplikacja powinna także zaznaczać zasoby dostępne w kilku wersjach i pozwalać na przechodzenie między wersjami oraz prezentację każdej z nich. Oprócz wartości zasobu dla wersji powinna być również wyświetlana informacja o dacie modyfikacji. Warto również rozważyć możliwość zaznaczania kolorem pól zmienionych w stosunku do poprzedniej wersji.

Linki

- Strona z opisem standardu HL7 FHIR: https://www.hl7.org/fhir/
  - zasoby: https://www.hl7.org/fhir/resourcelist.html
  - usługi: https://www.hl7.org/fhir/http.html
  - narzędzia: https://www.hl7.org/fhir/downloads.html
- Biblioteka HAPI-FHIR: http://hapifhir.io/
- Testowy serwer FHIR: http://hapi.fhir.org/
- Klient FHIR dla Python-a: https://github.com/smart-on-fhir/client-py

Inne materiały

- Zalecenia CUI odnośnie prezentowania danych na osi czasu (timeline): http://webarchive.nationalarchives.gov.uk/20160921150545/http://systems.digital.nhs.uk/data/cui/uig/timelineview.pdf (zostały one opracowane dla leków, ale mogą zwierać praktyczne sugestie i wskazówki)

Przygotowanie własnego serwera

Z uwagi na zgłaszane problemy związane z dostępnością serwerów testowych FHIR (https://wiki.hl7.org/Publicly_Available_FHIR_Servers_for_testing) oraz z jakością danych dostępnych na tym serwerze poniżej zamieszczam opis procedury uruchamiania własnego serwera oraz wypełniania go danymi przykładowymi.

Serwer FHIR

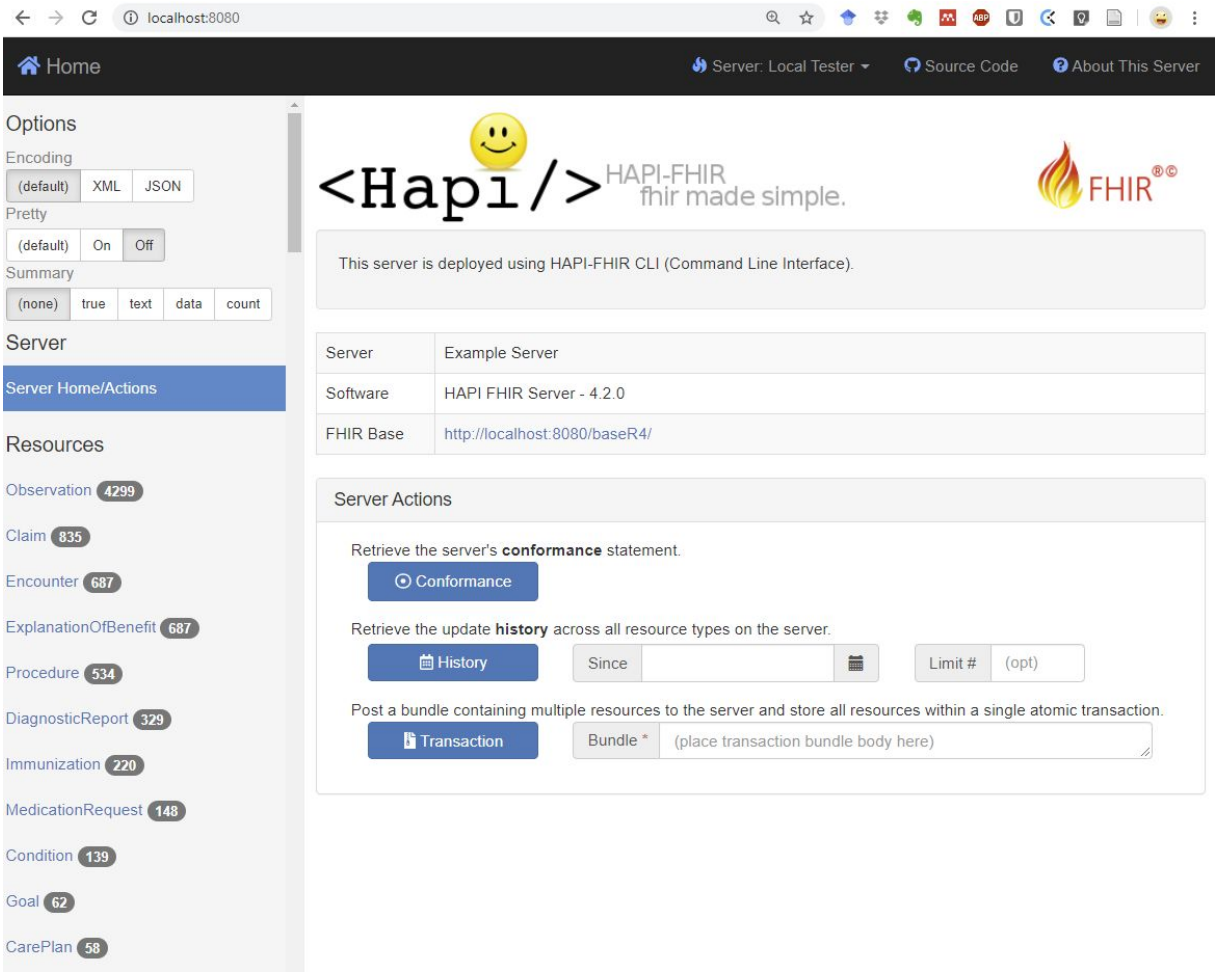
W ramach projektu HAPI FHIR dostępna jest "paczka" z samodzielnym serwerem, który jest uruchamiany z linii poleceń i nie wymaga żadnego dodatkowego oprogramowania (poza JRE 1.8 lub nowszym, należy także ustawić zmienną `JAVA_HOME`). Sposób wykorzystania serwera został przedstawiony tutaj, natomiast skompilowane oprogramowanie można pobrać z GitHub-a. Obecnie - maj 2020 - najnowsza wersja to Koala (4.2.0).

Uruchomienie serwera sprowadza się do wydania polecenia:

```
hapi-fhir-cli run-server -v r4
```

Uruchomiony w taki sposób serwer obsługuje wersję R4 standardu (ostatnią opublikowaną). Domyślnie jest on dostępny pod adresem http://localhost:8080 (proste GUI przedstawione poniżej[3]) oraz http://localhost:8080/baseR4/ (zasoby i usługi).

[3] Ekran przedstawia stan serwera po załadowaniu części danych testowych. Nowa instalacja serwera nie zawiera żadnych danych (zasobów).



Przykładowe dane

Projekt Synthea udostępnia generator danych medycznych obejmujący cały cykl życia pacjenta. Na stronie projektu udostępniono również przykładowe zbiory (1000+ pacjentów wraz z informacjami o stwierdzonych diagnozach, zebranych obserwacjach, przepisanych lekach) w kilku formatach, w tym FHIR (JSON). Pobierane dane powinny być zgodne z wersją FHIR obsługiwaną przez serwer -- w przypadku ustawień domyślnych należy pobrać plik w wersji R4.

Uwaga: w przypadku wykorzystania tych danych należy wizualizować zasoby `MedicationRequest` zamiast `MedicationStatement`.

Załadowanie danych na serwer

Do załadowania danych na serwer można wykorzystać narzędzie tag-uploader, które wprowadza odpowiednie poprawki do definicji zasobów (np. zmienia typ zasobu Bundle z collection na transaction, dzięki temu komplet danych dla jednego pacjenta może być w całości przesłany na serwer). Do zainstalowania i uruchomienia tego narzędzia niezbędny jest Node.js.

Instalacja tag-uploader-a wygląda następująco:

```
git clone https://github.com/smart-on-fhir/tag-uploader.git
cd tag-uploader
npm install
```

Proces ładowania danych uruchamiany jest następującym poleceniem (uruchamianym w katalogu, w którym zainstalowany jest tag-uploader):

```
node . -d <synthea-data> -S <base-address>
```

gdzie `<synthea-data>` to katalog zawierający rozpakowane przykładowe dane (każdy pacjent w osobnym pliku .json), a `<base-address>` to adres bazowy serwera. Jeśli dane znajdują się w katalogu sample-data, a serwer działa z ustawieniami domyślnymi, wówczas polecenie to będzie następujące:

```
node . -d ./sample-data -S http://localhost:8080/baseR4
```

Uwaga: ładowanie pacjentów jest powolne (5-10 sekund dla pacjenta w przypadku wykorzystania lokalnego serwera), dlatego proponuję załadować podzbiór 15-20 przykładowych pacjentów. Załadowane dane zapisywane są w bazie danych zintegrowanej z serwerem - są dostępne po jego ponownym uruchomieniu.

Mapowanie wybranych kodów

Część pól zasobów zawiera kody (np. LOINC dla obserwacji, RxNorm dla leków). Odpowiadające im czytelne określenia można znaleźć w źródłach generatora danych (pakiet `modules`, plik CardiovascularDiseaseModule.java) unikając w ten sposób przeszukiwania pełnej terminologii.