



HL7 Deutschland e. V.



**GENeALYSE**

# IMPLEMENTIERUNGSLEITFADEN

Standardisierte Dokumentation für Gentests /  
Übermittlung von Biomarker- und Genanalysedaten

Dr. med. Kai U. Heitmann  
Heitmann Consulting and Services (DE)  
Geschäftsführer Gefyra GmbH  
Geschäftsführer HL7 Deutschland  
[info@kheitmann.de](mailto:info@kheitmann.de)



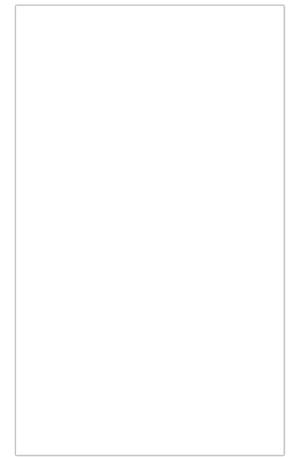
# Agenda

- Entwicklung des Implementierungsleitfadens
  - ▶ Analyse, Dokumentation der Anforderungen
  - ▶ Technische Umsetzung
- Komponenten des elektronischen Befundes
- Praktische Implementierung in Softwaresystemen
- Ausblick





HL7 Deutschland e. V.



# ENTWICKLUNG DES IMPLEMENTIERUNGSLEITFADENS

Analyse und Dokumentation der Anforderungen, Technische Umsetzung



# Implementierungsleitfaden

- → Standardisiert **Struktur** und **Semantik**
- Analyse der Anforderungen
- Dokumentation der Anforderungen
- Semantische Annotationen
- Technische Umsetzung
- Implementierung
- Abstimmungsverfahren



# Analyse der Anforderungen

- Analyse von Befunden

LAB 0065; Straße, PLZ, Ort

EMQN

Dr. ...

Facharzt für Humangenetik  
- Genetische Beratung -

Labor

LAB 0065

Case 1

Befundbericht an:

Labor:

Stadt, Straße:

Ansprechpartner:

Telefon / FAX:

Empfänger

Name: Gudrun WURZEL

Geburtsdatum: 08.04.1961

Geschlecht: weiblich

Stammbaum-Nr.

Untersuchungsmaterial: DNA

Labor-Nr.: 170166967

Eingangsdatum: 10.01.2018

Datum des Befundbriefs: 01.03.2018

Grund

Patient

**MOLEKULARGENETISCHE UNTERSUCHUNG VON BRCA1 BEI V.a. HEREDITÄRES OVARIALKARZINOM  
BEI UNAUFFÄLLIGER FAMILIENANAMNESE**

**Grund der Untersuchung:**

Gudrun WURZEL wurde aufgrund eines Ovarialkarzinoms eine genetische Beratung und Risikoberechnung erhalten. Ihre Mutter erkrankte im Alter von 55 Jahren an einem Ovarialkarzinom. Es sind sowohl mütterlicher- als auch väterlicherseits Krebserkrankungen bekannt. Die väterliche Seite besteht aber aus sehr wenigen Familienmitgliedern, die größtenteils männlich sind. Sie hat eine genetische Testung erbeten. Nach erfolgter Aufklärung und Erhalt der unterschriebenen Einverständniserklärung sandten Sie uns eine DNA-Probe von Gudrun WURZEL zur diagnostischen Testung, welche sich auf Exon 2-6 [c.1\_c.441] des BRCA1-Gens (LRG\_292t1) beschränken sollte. Eine Sequenzanalyse des restlichen BRCA1-Gens sowie eine MLPA-Analyse sind bereits erfolgt und erbrachten keine Auffälligkeiten.

Überschrift



# Analyse der Anforderungen

## ■ Leitlinien

- 8.4. (94%) Im Einzelnen soll die schriftliche humangenetische kullargenetischen Befundes Folgendes enthalten [4, 8, 24, 35]
- Seitenzahl und Gesamtseitenzahl (z. B. 1 von 2)
  - Name und Adresse des untersuchenden Labors sowie Name des Leitenden
  - Name und Adresse des anfordernden Arztes, der Klinik, des Instituts etc.
  - Befunddatum
  - Name, Geburtsdatum und Geschlecht der untersuchten Person, gegebenenfalls deren ethnische Zugehörigkeit (wenn es für die Bewertung relevant ist, z. B. aufgrund unterschiedlicher Mutationshäufigkeiten in verschiedenen ethnischen Gruppen)
  - Labornummer oder Aktenzeichen zur eindeutigen Identifizierung der untersuchten Person bzw. Probe
  - Art des eingesandten Untersuchungsmaterials (z. B. EDTA-Blut, Amnionzellen, Chorionzotten, DNA etc.)
  - Eingangsdatum
  - Angabe der Diagnose oder Verdachtsdiagnose und der Indikation bzw. diagnostischen Fragestellung
  - Eigenanamnese, soweit bekannt und erforderlich
  - Familienanamnese, soweit bekannt und erforderlich
  - Kennzeichnung auswärtig erhobener Vorbefunde mit Angabe des entsprechenden Labors
  - Angewandte Methode(n) und Untersuchungsumfang [Benennung der untersuchten Gene, verwendete Primer, Referenzsequenzen, z. B. Referenzsequenzen mit Identifikationsbezeichnung (z. B. Genbank-Accession-No., Transkriptionsstartpunkt, etc.), untersuchte Mutationen, Detektionsrate unter Berücksichtigung der Ethnizität]
  - Kurze und eindeutige Angabe des Untersuchungsergebnisses als Genotyp in der international gültigen Nomenklatur (HGVS, siehe <http://www.hgvs.org/mutnomen/>)
  - Angabe von Polymorphismen nur dann, wenn dies zur Erfüllung des Untersuchungsauftrags erforderlich ist oder wenn zur Abklärung des Befundes nach dem Stand der Wissenschaft auch die Untersuchung verwandter Personen erforderlich war

Deutsche Gesellschaft für Humangenetik e.V. (DGfH)  
Berufsverband Deutscher Humangenetiker e.V. (BVDH)

### S2-Leitlinie Humangenetische Diagnostik und genetische Beratung

Probe

Indikation



# Dokumentation der Anforderungen

- Technische Tools zur Dokumentation der Anforderungen (ART-DECOR®)
- Gemeinsame Sicht mit unterschiedlichem „Hintergrundwissen“
- Fachinhalt
- Terminologien / Vokabularien
- Technische Repräsentation (CDA)
- Testen und Validieren der elektr. Dokumente





# Dokumentation der Anforderungen

- Fachinhalt
- Terminologien / Vokabularien

— **Gene**

<b>Id</b>	genea-dataelement-2	<b>Version</b>	2018-06-19 11:24:30						
<b>Status</b>	<span style="color: yellow;">●</span> Draft	<b>Version Label</b>							
<b>Synonym</b>	Gene Name								
<b>Description</b>	Angabe des untersuchten Gens nach HUGO Gene Nomenclature Committee (HGNC).								
<b>Source</b>	www.genenames.org								
<b>Rationale</b>	Ritter, Deborah I.; Roychowdhury, Sameek; Roy, Angshumoy; Rao, Shruti; Landrum, Melissa J.; Sonkin, Dmitry et al. (2016): Somatic cancer variant curation and harmonization through consensus minimum variant level data. In: Genome medicine 8 (1), S. 117. DOI: 10.1186/s13073-016-0367-z.								
<b>Terminology Association</b>	<table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th style="width: 30%;">Code</th> <th style="width: 40%;">Display Name</th> <th style="width: 30%;">Codesystem</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>48018-6</td> <td>Gene studied [ID]</td> <td>Logical Observation Identifier Names and Codes</td> </tr> </tbody> </table>			Code	Display Name	Codesystem	48018-6	Gene studied [ID]	Logical Observation Identifier Names and Codes
Code	Display Name	Codesystem							
48018-6	Gene studied [ID]	Logical Observation Identifier Names and Codes							

**Value**

<b>Type</b>	Identifier
<b>Example</b>	BRAF





HL7 Deutschland e. V.



# KOMPONENTEN DES ELEKTRONISCHEN BEFUNDES



# Semantische Annotationen

- Z. B. Geschlecht
  - ▶ M male
  - ▶ F female
  - ▶ UN undifferentiated
  - ▶ So „nur“  
administrativ
  - ▶ Auch biologisch

Molekularpathologischer Befund  
auf Basis von HL7 CDA

Patient, ...

Zusammen-  
fassung

Test-Details



# Semantische Annotationen

- Indikation strukturiert  
z. B. mit SNOMED CT:
  - ▶ 443961001  
Malignant  
adenomatous  
neoplasm (disorder)
- Probenmaterial  
strukturiert z. B.  
mit LOINC:
  - ▶ 48002-0 = Genomic source class

Molekularpathologischer Befund  
auf Basis von HL7 CDA

Patient, ...

Zusammen-  
fassung

Test-Details



# Semantische Annotationen

Welche  
Frage

## ■ Untersuchtes Gen

- ▶ LOINC: 48018-6  
Gene Identifier

Antwort

- ▶ Code GJB2 aus HGNC

## ■ Detektierte Sequenzvariation

- ▶ LOINC: 48003-8  
DNA sequence variation
- ▶ Code rs72474224  
aus dbSNP

Molekularpathologischer Befund  
auf Basis von HL7 CDA

Patient, ...

Zusammen-  
fassung

Test-Details



# Dokumentation der Anforderungen

- Technische Repräsentation (CDA)
  - ▶ „Metadaten“
  - ▶ Drei Abschnitte
- Testen und Validieren der elektronischen Dokumente
  - ▶ Sehr wichtig

## Molekularpathologischer Befund auf Basis von HL7 CDA



Patient, ...



Zusammenfassung



Test-Details

Test-  
Informationen



# Technische Umsetzung

Molekularpathologischer Befund  
auf Basis von HL7 CDA

Patient, ...

Zusammen-  
fassung

Test-Details

Test-  
Informationen

Patient

Author

Custodian

Authenticator



# Technische Umsetzung

Molekularpathologischer Befund  
auf Basis von HL7 CDA

Patient, ...

Zusammen-  
fassung

Test-Details

Test-  
Informationen

Indikation

Zusammenfassung Tests

Zusammenfassung  
Interpretation

Probenmaterialien

Empfehlungen



# Technische Umsetzung

Molekularpathologischer Befund  
auf Basis von HL7 CDA

Patient, ...

Zusammen-  
fassung

Test-Details

Test-  
Informationen

Indikation Test

Probenmaterial

Durchgeführter Test

Ergebnis

Interpretation



# Technische Umsetzung

Molekularpathologischer Befund  
auf Basis von HL7 CDA

Patient, ...

Zusammen-  
fassung

Test-Details

Test-  
Informationen

Hintergrund

Methodik

Referenzen



# Technische Umsetzung

- CDA Spezifikation (= standardisiertes elektronisches Dokument)

Section Summary Section (2.16.840.1.113883.10.20.20.1.1)

Section Indications Section (2.16.840.1.113883.10.20.20.1.11)

Entry Indication Observation (2.16.840.1.113883.10.20.20.3.3)

Entry Genetic Disease Assessed Indication Observation (2.16.840.1.113883.10.20.20.3.3.1)

Entry Medication Assessed Indication Observation (2.16.840.1.113883.10.20.20.3.3.2)

Section Summary Of Tests Performed Section (2.16.840.1.113883.10.20.20.1.1.6)

Entry Test Performed Observation (2.16.840.1.113883.10.20.20.3.4)

Section Overall Interpretation Section (2.16.840.1.113883.10.20.20.1.1.1)

Entry Clinical Genomic Statement Overall Interpretation (2.16.840.1.113883.10.20.20.2.4)

Entry Genomic Observations Organizer (2.16.840.1.113883.10.20.20.5.1)

Entry Genomic Observation Reference (2.16.840.1.113883.10.20.20.6)

Section Recommendations Section (2.16.840.1.113883.10.20.20.1.1.5)

Section Specimen Section (2.16.840.1.113883.10.20.20.1.7)

Entry Genomic Source Class (2.16.840.1.113883.10.20.20.3.2)

Textliche  
Beschreibung

Computer-  
auswertbar



# Technische Umsetzung

## ■ CDA „Templates“

Clinical Genomic Statement Genetische Variation –

History (1)

▼ hl7:value		0 ... 1	R	Please refer to the code attribute documentation.	CONF--R-55
	<b>Constraint</b>	If code=55208-3 (LOINC code for "DNA Analysis Discrete Sequence Variant Panel"), then value <b>SHALL NOT</b> be used. (CONF-GTR-91)			
▼ hl7:entryRelationship		0 ... 1		Interpretive Phenotype Genetic Variation Beinhaltet <a href="#">2.16.840.1.113883.10.20.20.2.5.3</a> <i>Interpretive Phenotype Genetic Variation</i> (DYNAMIC)	Clin--tion
@typeCode	cs	1 ... 1	F	COMP	
▼ hl7:entryRelationship		0 ... 1		Interpretive Phenotype Pharmacogenomic Drug Efficacy Beinhaltet <a href="#">2.16.840.1.113883.10.20.20.2.5.4.1</a> <i>Interpretive Phenotype Pharmacogenomic Drug Efficacy</i> (DYNAMIC)	Clin--tion
@typeCode	cs	1 ... 1	F	COMP	
▼ hl7:entryRelationship		0 ... 1	R	Interpretive Phenotype Pharmacogenomic Drug Metabolism Beinhaltet <a href="#">2.16.840.1.113883.10.20.20.2.5.4.2</a> <i>Interpretive Phenotype Pharmacogenomic Drug Metabolism</i> (DYNAMIC)	Clin--tion
@typeCode	cs	1 ... 1	F	COMP	
hl7:entryRelationship		0 ... 1	R	Genetic Variation Associated Observation Amino Acid Change Type Beinhaltet <a href="#">2.16.840.1.113883.10.20.20.2.1.1.1</a> <i>Genetic</i>	Clin--tion



# Technische Umsetzung

- Codelisten (Value Set)

**Allelic State – (repository)**

Usage (1)

<b>Id</b>	2.16.840.1.113883.10.20.20.9.1 <span>ref gtr-</span>	<b>Gültigkeit</b>	2013-02-01
<b>Status</b>	<span>●</span> Definitiv	<b>Versions-Label</b>	
<b>Name</b>	AllelicState	<b>Anzeigename</b>	Allelic State
<b>Beschreibung</b>	Allelic State (53034-5)		
<b>Quell-Codesystem</b>	2.16.840.1.113883.6.1 - Logical Observation Identifier Names and Codes - <a href="http://loinc.org">http://loinc.org</a>		

Suche auf Name

Level/ Typ	Code	Anzeigename	Codesystem
0-L	LA6705-3	Homozygous	Logical Observation Identifier Names and Codes
0-L	LA6706-1	Heterozygous	Logical Observation Identifier Names and Codes
0-L	LA6703-8	Heteroplasmic	Logical Observation Identifier Names and Codes
0-L	LA6704-6	Homoplasmic	Logical Observation Identifier Names and Codes
0-L	LA6707-9	Hemizygous	Logical Observation Identifier Names and Codes

Legende: Typ L=leaf, S=specializable, A=abstract, D=deprecated. NullFlavors werden im @nullFlavor Attribut statt in @code angegeben.

[XML](#) [JSON](#) [CSV](#) [SQL](#) [SVS](#)



# Technische Umsetzung

## ■ Codelisten (Value Set)

*DNA sequence variation change type – (repository)* 

Issues (1)

Usage (2)

<b>Id</b>	2.16.840.1.113883.10.20.20.9.4 ref gtr-	<b>Gültigkeit</b>	2013-02-01
<b>Status</b>	 Definitiv	<b>Versions-Label</b>	
<b>Name</b>	DNAsequencevariationchangetype	<b>Anzeigename</b>	DNA sequence variation change type
<b>Beschreibung</b>	 DNA sequence variation change type (48019-4)		
<b>Quell-Codesystem</b>	2.16.840.1.113883.6.1 - Logical Observation Identifier Names and Codes - <a href="http://loinc.org">http://loinc.org</a>		

Suche auf Name

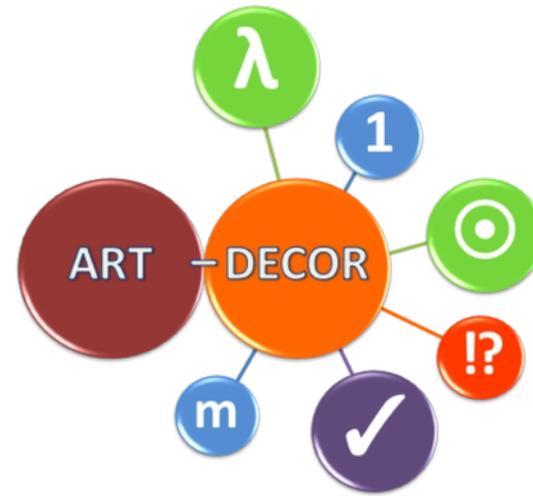
Level/ Typ	Code	Anzeigename	Codesystem
0-L	LA9658-1	Wild type	Logical Observation Identifier Names and Codes
0-L	LA6692-3	Deletion	Logical Observation Identifier Names and Codes
0-L	LA6686-5	Duplication	Logical Observation Identifier Names and Codes
0-L	LA6687-3	Insertion	Logical Observation Identifier Names and Codes
0-L	LA6688-1	Insertion/Deletion	Logical Observation Identifier Names and Codes
0-L	LA6689-9	Inversion	Logical Observation Identifier Names and Codes
0-L	LA6690-7	Substitution	Logical Observation Identifier Names and Codes



# Abstimmungsverfahren

- Nach Erstellung der Spezifikation wird ein formales Abstimmungsverfahren angestrebt
- Sowohl fachinhaltliches Feed-back als auch technische Experten und Implementierer (Software-Hersteller) gefragt
- 30 Tage Ankündigung in den Fachkreisen vorab
- Mindestens 30 Tage Abstimmungsphase
- Kommentarauflösung
- Publikation als „Standard zur Probe“

# Implementierung



- [www.genealyse.de](http://www.genealyse.de)
- Genealyse ART-DECOR®
  - ▶ [art-decor.org/art-decor/decor-project--genea-](http://art-decor.org/art-decor/decor-project--genea-)
- Interoperabilitätsforum
  - ▶ 11. und 12. März 2019 in Berlin
  - ▶ 27. und 28. Juni 2019 in Heidelberg
  - ▶ 2. und 3. September 2019 in Berlin
  - ▶ 5. und 6. Dezember 2019 in Köln
- Weitere Projekttreffen



HL7 Deutschland e. V.



# AUSBLICK

Genanalysedaten in der Zukunft



# HL7 Standardfamilie

HL7 product line / generation	Standard	Subject and times
 <b>HL7 v2</b>	<b>1</b> Version 2.x	Messages (1987..) v2.xml (2003..)
 <b>CDA</b>	<b>2</b> Version 3 <b>Clinical Document Architecture (CDA)</b>	Messages (1995..) and Services <b>Electronic Documents (Release 1 since 1999., Release 2 since 2005..)</b>
 <b>FHIR</b>	<b>3</b> Fast Healthcare Interoperability Resources ( <b>FHIR</b> )	Resources (2012..)



# FHIR

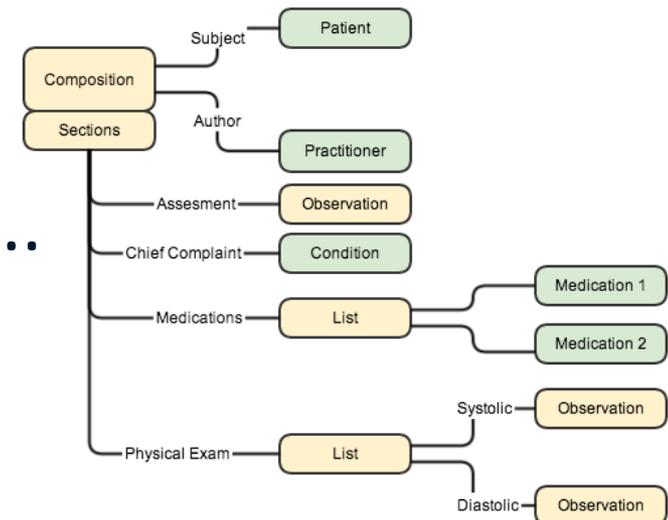
- Nächste Generation Standard HL7
- Die „Rosinen“ aus den bisherigen Standards (30 Jahre Erfahrungen)
- Neueste Web-Technologien
  - ▶ XML, JSON, HTTP, OAuth, etc.
- Fokus auf Implementierbarkeit und rasche Umsetzbarkeit





# FHIR

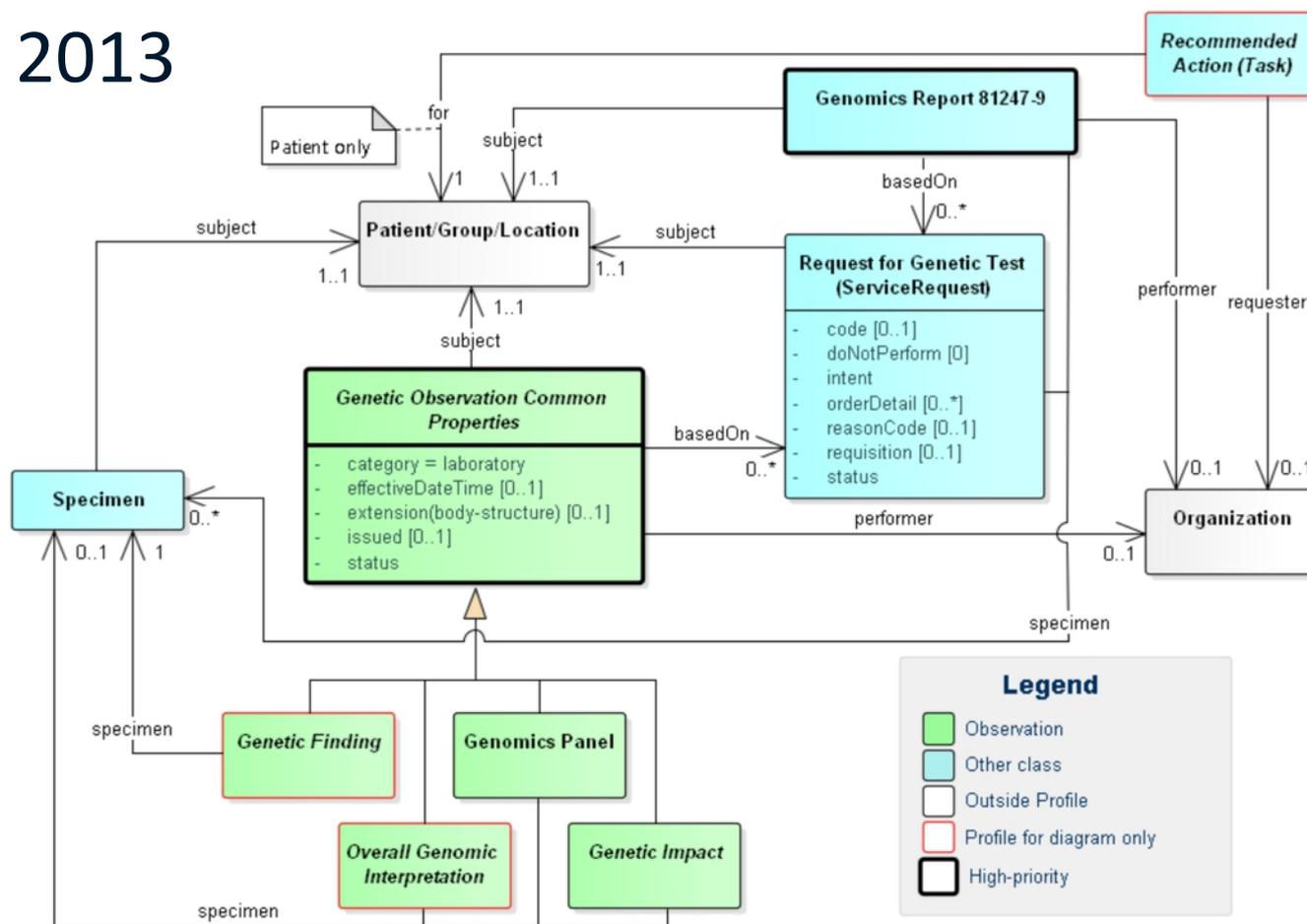
- Modular:  
semantische Einheiten  
→ Resources
- Netzwerk von Resources  
= Informationen
- Einsatz wo?  
→ moderne Anwendungen...





# Genomics Implementation Guide

## ■ 2013





# Genomics Implementation Guide



Current Build

[Home](#) [Getting Started](#) [Documentation](#) [Resources](#) [Profiles](#) [Extensions](#) [Operations](#) [Terminologies](#)



Diagnostics > **Genomics Implementer Guidance**

## 10.10 Genomics Implementation Guidance

[Clinical Genomics](#) [Work Group](#)

Maturity Level: 1

### Table of Contents

1. [Background](#)
2. [Overview](#)
3. [MolecularSequence Resource](#)
4. [Observation-genetics Profile](#)
5. [DiagnosticReport-genetics Profile](#)
6. [ServiceRequest-genetics Profile](#)
7. [HLA genotyping results Profile](#)
8. [Relationship among MolecularSequence resource and genetics profiles](#)
9. [HL7 Domain Analysis Model Use Cases](#)
10. [Other Genomics Use Cases](#)
11. [Clinical Genomics Apps](#)
12. [Appendix 1: From DSTU2 Genomics to STU3](#)



**Diagnostic Report**

**Patient**

DiagnosticReport		DomainResource	
identifier	Σ 0..*	Identifier	
subject	Σ 0..1	Reference(Patient   Group   Device   Location)	
context	Σ 0..1	Reference(Encounter   EpisodeOfCare)	
issued	Σ 0..1	instant	
performer	Σ 0..*	BackboneElement	
role	Σ 0..1	CodeableConcept	
actor	Σ 1..1	Reference(Practitioner   Organization)	
specimen	0..*	Reference(Specimen)	
result	0..*	Reference(Observation)	

**Observation**



# FHIR features C-S-A!

- Communicate
  - ▶ Messages
  - ▶ Documents
  - ▶ Services
- Store
  - ▶ Persistence
- Analyze
  - ▶ Query, Search
  - ▶ CQL





# Auswertungen

## ■ “Queries”

Search for diagnostic reports with a given variant

```
GET /DiagnosticReport?
_profile=http://hl7.org/fhir/StructureDefinition/
geneticsAnalysis=http://www.ncbi.nlm.nih.gov/
```

Given diagnostic report, return associated family history

```
GET /DiagnosticReport?
_profile=http://hl7.org/fhir/StructureDefinition/
id=123
```

Search for variants given gene and variant classification

```
GET /Observation?
=http://hl7.org/fhir/StructureDefinition/observation-genetics&
Gene=http://www.genenames.org|3236&
GenomicSourceClass=http://loinc.org|LA6684-0
```

Search for patients based on genetic ancestry

```
GET /Observation?
=http://hl7.org/fhir/StructureDefinition/
Ancestry=http://www.genenames.org|186044&
GenomicSourceClass=http://snomed.info|
```

Items: 1 to 4 of 4

**EGFR: epidermal growth factor receptor**

**Gene** **HGNC ID** HGNC:3236 **Locus type** Gene with protein product  
**Matches** **HGNC ID: HGNC:3236**

**Erb-b2 receptor tyrosine kinases**

**Group** **HGNC Group ID** 1096  
**Matches** **HGNC ID: HGNC:3236**

**HOXD10: homeobox D10**

**Gene** **HGNC ID** HGNC:5133 **Locus type** Gene with protein product  
**Matches** **NCBI gene ID: 3236**

**OTC: ornithine carbamoyltransferase**

**Gene** **HGNC ID** HGNC:8512 **Locus type** Gene with protein product  
**Matches** **RGD ID: RGD:3236**

Items: 1 to 4 of 4

Source:

Regenstrief LOINC

SEQ#	Answer	Answer ID
1	Germline	LA6683-2
2	Somatic	LA6684-0
3	Fetal	LA10429-1
4	Likely germline	LA18194-3
5	Likely somatic	LA18195-0
6	Likely fetal	LA18196-8
7	Unknown genomic origin	LA18197-6
8	De novo	LA26807-0



# „Apps“

- SMART on FHIR Genomics Advisor

**Harris, Michell** SMART Genomics Advisor [\[Close\]](#)

DOB 1981-10-27 AGE

BP goal < 130/80 mm/hg

200 150 100 50

2006 2008 2010

Last Known Values

Ur tp null

0-135 -

µalb/cre null

< 30.0 -

SGOT null

10-40 -

Chol null

< 200 -

Tri null

< 150 -

HDL null

> 40 -

LDL null

< 100 -

BUN null

8%-25% -

SNP	Locus	CHRM	Code	Risk	Frequency
<b>Type 1 Diabetes</b>					
rs3129934	HLA-DRB1	6	CC	1.34	74.36%
rs4763879	CD69	12	AG	1.02	39.47%
rs9388489	C6ORF173	6	GG	1.18	40.66%
<b>Total Relative Risk: 1.61</b>					
<b>Type 2 Diabetes</b>					
rs2383208	CDKN2A	9	AG	0.88	31.23%
rs2793831	NOTCH2	1	TT	0.97	74.27%
rs2877716	ADCY5	3	CC	1.05	68.86%
rs4430796	TCF2	17	GG	1.09	22.34%
rs7578597	THADA	2	TT	1.03	78.85%
rs7903146	TCF7L2	10	CC	0.82	62.73%
rs7961581	TSPAN8	12	TT	0.95	58.70%
<b>Total Relative Risk: 0.78</b>					
<b>Hypertension</b>					
rs12413409	CYP17A1	10	GG	1.03	75.27%
<b>Total Relative Risk: 1.03</b>					
<b>Coronary Heart Disease</b>					
rs3184504	SH2B3	12	CC	0.89	64.84%
rs6725887	WDR12	2	TT	0.95	86.72%
rs7739181	PHACTR1	6	GG	1.08	67.95%
rs9818870	MRAS	3	CC	0.96	82.42%
<b>Total Relative Risk: 0.88</b>					

**Radar Graphs**

Type 1 Diabetes

Hypertension

Type 2 Diabetes

Coronary Heart Disease

**Drug Advice**

SNP	GenotypeAdvice
No information available	

visor 07/11/15 04:59g

HYP CHD



# Zeitraahmen

- CDA-Spezifikation: Publikation im Entwurf
  - ▶ März 2019
- Vorstellung der CDA-Spezifikation
  - ▶ 11./12. März 2019 Interoperabilitätsforum
- Abstimmungsverfahren
  - ▶ Im Sommer 2019



HL7 Deutschland e. V.



Dr Kai U. Heitmann, MD, FHL7  
Heitmann Consulting and Services  
CEO, Gefyra GmbH  
ART-DECOR Expert Group  
Template WG co-chair, HL7 International  
Advisory Board, HL7 Foundation  
CEO HL7 Germany  
HL7 Germany / Netherlands / International



**DANKE!**  
**FRAGEN?**