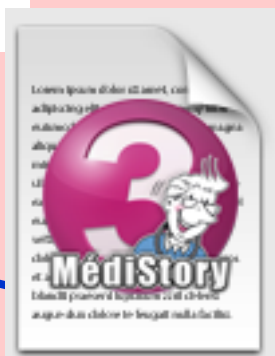
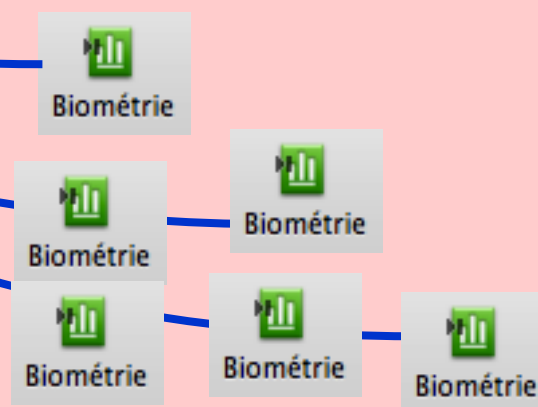




## La biométrie de PériCollect® dans le dossier de santé de MédiStory



*"L'insertion systématique  
évitera de futurs déboires problématiques !"*



Pas à pas réalisé par gilles guillon. • Août 2014

N'engage en rien Prokov Editions







Merci au correcteurs : Drs Pierre Blavier, Guillaume Grivelet,

Gérard Hamonic, Sylvie Richard

Si questions relatives à ce livret : courriel : [pasapas@laposte.net](mailto:pasapas@laposte.net)



# Sommaire

 Envie de ça ? .....	3
 PériCollect®, c'est quoi ? .....	4
 4 étapes .....	6
• 1°) Réception des santégrammes .....	8
• 2°) Intégration du santégramme dans le dossier de santé .....	9
• 3°) Document PériCollect dans le dossier de santé .....	12
• 4°) Insertion dans un document Biométrie .....	19
 Cas ambigus .....	26
 Les bons plans du document PériCollect .....	35
• Les coches bleues .....	36
• Si alertes automatiques .....	37
• Navigation dans le dossier de santé .....	38
• Exemple de compilation .....	39
 Citation du jour et remerciements .....	40



Envie



de ça ?

Exprimer :

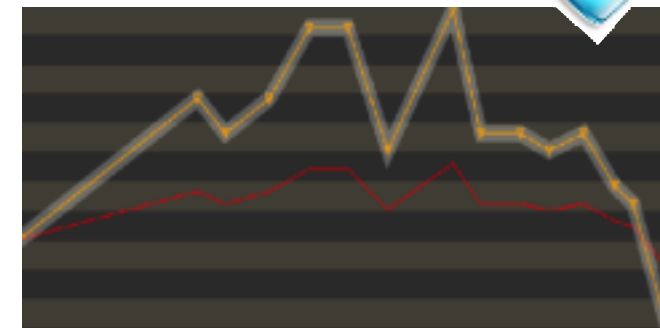
<input checked="" type="checkbox"/>	Libellé	Variable	Valeur	Unité
<input checked="" type="checkbox"/>	HEMATIES	Hématies	4.13	M/mm3
<input checked="" type="checkbox"/>	Hemoglobine	Hémoglobine	13.1	g/dl
<input checked="" type="checkbox"/>	Hematocrite	Hématocrite	38 %	
<input type="checkbox"/>	T.G.M.H		32	
<input type="checkbox"/>	C.G.M.H		34	
<input checked="" type="checkbox"/>	V.G.M	VGM	92	fg/l
<input checked="" type="checkbox"/>	LEUCOCYTES	Leucocytes	5500	U/mm3
<input checked="" type="checkbox"/>	Neutrophiles	Neutrophiles %	56 %	
<input checked="" type="checkbox"/>	Eosinophiles	Eosinophiles %	3 %	
<input checked="" type="checkbox"/>	Basophiles	Basophiles %	0 %	
<input checked="" type="checkbox"/>	Lymphocytes	Lymphocytes %	33 %	
<input checked="" type="checkbox"/>	Monocytes	Monocytes %	8 %	
<input checked="" type="checkbox"/>	PLAQUETTES	Plaquettes	207000	U/mm3
<input type="checkbox"/>	VMP :		8.2	
<input checked="" type="checkbox"/>	1ere heure	VS 1	15	mm
<input checked="" type="checkbox"/>	2eme heure	VS 2	36	mm

Biométrie, Non classé

Date: 27/06/2014    Titre: LAM BENHAIM

Choisissez un formulaire

Variable	Valeur	Min	Max
▼ NFS / VS			
Hématies (M/mm3)	4,13	4,30	5,60
Hémoglobine (g/dl)	13,10	13,00	17,00
Hématocrite (%)	38,00	40,00	55,00
VGM (fg/l)	92	83	95
Leucocytes	5 500	4 000	10 000
Neutrophiles %	56		
Neutrophiles- (U/mm3)	3 080		
Basophiles %	0		
Basophiles- (U/mm3)	0		
Eosinophiles %	3		
Eosinophiles- (U/mm3)	165		
Plaquettes	207 000	150 000	400 000
VS 1 (mm)	15		
VS 2 (mm)	36		



PériCollect®, c'est quoi ?

C'est la  
Messagerie sécurisée  
dédiée  
aux messages de santé



PériCollect collecte par l'internet les messages médicaux adressés selon divers protocoles, et permet l'intégration dans les dossiers de santé. Il émet aussi les courriers électroniques expédiés depuis les dossiers.

PériCollect recueille les messages HPRIM-médecin et les courriers électroniques usuels. Il tire parti du procédé de chiffrement optionnel Apicrypt pour préserver la confidentialité des messages.

Pratique, c'est directement à partir de Médistory que se fera la lecture des messages reçus permettant ainsi leur intégration dans les dossiers concernés. Traçabilité oblige, chaque dossier conserve les messages originels et propose de les exprimer sous des formes alternatives. Par exemple, l'exploitation des résultats d'analyses sous forme de biométrie donne accès au suivi longitudinal et graphique des constantes biologiques et à des recherches mieux ciblées.



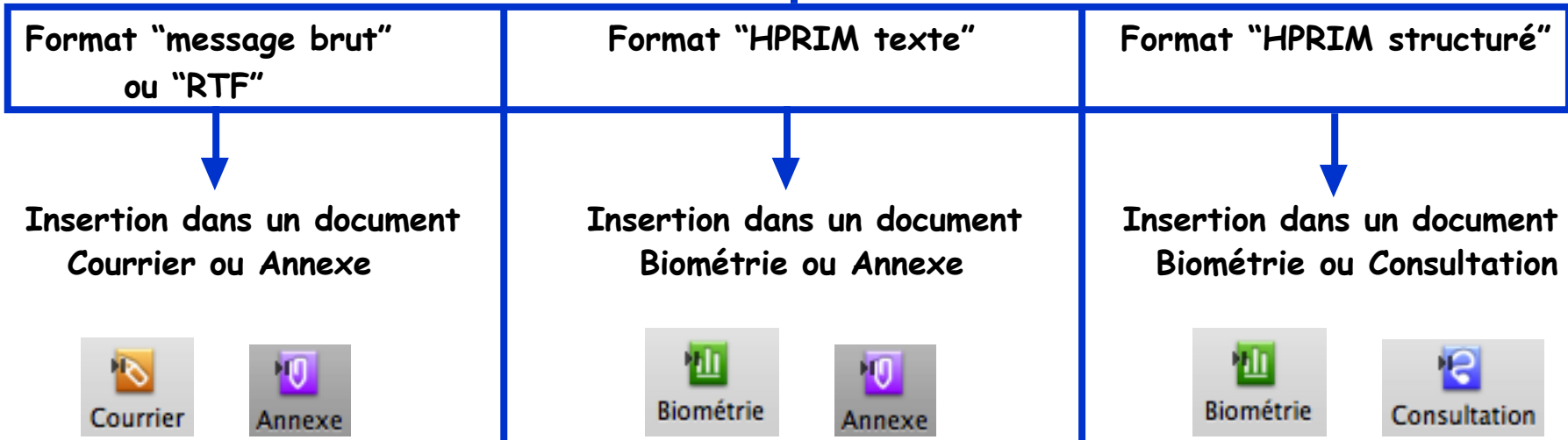
PériCollect® = réception des santégrammes



Intégration du santégramme dans le dossier de santé



= document  @ dans le dossier de santé  
puis Insertion ... au choix



**La suite de ce pas à pas explique essentiellement  
le comportement des résultats de biométrie structurés  
importés de PériCollect dans le dossier de santé.**

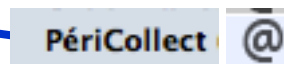
# 4 étapes



1 PériCollect® = réception des santégrammes



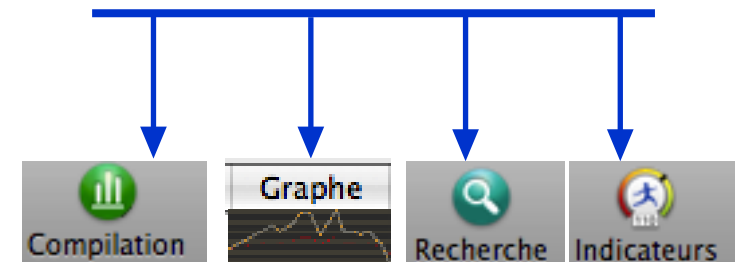
2 Intégration du santégramme dans le dossier de santé



3 = document PériCollect dans le dossier de santé



4 Insertion dans un document Biométrie





étape :

## PériCollect® = réception des santégrammes

Affichage du document dans PériCollect



*nb : dès intégration du santégramme, celui-ci est supprimé de PériCollect. Si besoin de conserver une copie dans PériCollect, en haut à droite par la roue dentée, avant intégration, choisir : Envoyer vers ... Boîte commune*

Envoyer vers

GUILLON

**Boîte commune**

Poubelle

N°	Date	Patient
87	27/06/2014	Gl
80	29/03/2014 14:38:42	
81	29/03/2014 14:38:42	

Examen(s) du: 27/06/14

Valeurs de ref.

### HEMATOLOGIE

#### HEMOGRAMME

HEMATIES	4,13 *M/mm3	4,30 a 5,60
Hemoglobine	13,1 g/100ml	13,0 a 17,0
Hematocrite	38 *%	40 a 55
T.G.M.H.	32 * picoG	27 a 31
C.G.M.H.	34 %	31 a 36
V.G.M.	92 u3	83 a 95

#### LEUCOCYTES

Neutrophiles	5500 /mm3	4000 a 10000
	56 %	
Eosinophiles	3080 /mm3	
	3 %	
	165 "	
Basophiles	0 %	
	0 "	
Lymphocytes	33 %	
	1815 "	
Monocytes	8 %	
	440 "	

#### PLAQUETTES

VMP :	207.000 /mm3	150.000 a 400.000
	8,2 fl	6,5 a 10,0

#### VITESSE DE SEDIMENTATION

1ere heure	15 mm
2eme heure	36 mm
Valeur usuelle	33 mm

Cette valeur tient compte de l'age et du sexe du patient.



2

## étape : Intégration du santégramme dans le dossier de santé

▲▼ @ PériCollect, Non classé

Date: 27/06/2014    Titre: LAM BENHAIM

Message "HPRIM (v2.0)", de "LAM BENHAIM", pour "G"

Exprimer : HPRIM structuré    Opérations

✓	Libellé	Variable	Valeur	Unité	Min	Max
<input type="checkbox"/>	HEMATIES		4.13		4.30	5.60
<input type="checkbox"/>	Hemoglobine		13.1		13.0	17.0
<input type="checkbox"/>	Hematocrite		38		40	55
<input type="checkbox"/>	T.G.M.H		32		27	31
<input type="checkbox"/>	C.G.M.H		34		31	36
<input type="checkbox"/>	V.G.M		92		83	95
<input type="checkbox"/>	LEUCOCYTES		5500		4000	10000
<input type="checkbox"/>	Neutrophiles		56			
<input type="checkbox"/>	Eosinophiles		3			
<input type="checkbox"/>	Basophiles		0			
<input type="checkbox"/>	Lymphocytes		33			
<input type="checkbox"/>	Monocytes		8			
<input type="checkbox"/>	PLAQUETTES		207000		150000	400000
<input type="checkbox"/>	VMP :		8.2		6.5	10.0
<input type="checkbox"/>	1ere heure		15			
<input type="checkbox"/>	2eme heure		36			
<input type="checkbox"/>	CREATININE		8.3		7.0	12.0
<input type="checkbox"/>	Clairance selon formule MDRD:		92.7		60.0	
<input type="checkbox"/>	UREE		0.32		0.18	0.45
<input type="checkbox"/>	GLYCEMIE A JEUN (tube fluore)		0.88		0.75	1.10
<input type="checkbox"/>	ACIDE URIQUE		49.0		34.0	70.0

Présentation après intégration dans le dossier de santé si le LABM transmet en HPRIM 2 ou HPRIM 3



Pour des raisons de traçabilité, chaque dossier de santé conserve les messages originels dans ses documents PériCollect.

Cette traçabilité justifie de ne pas supprimer ces documents PériCollect du dossier de santé.

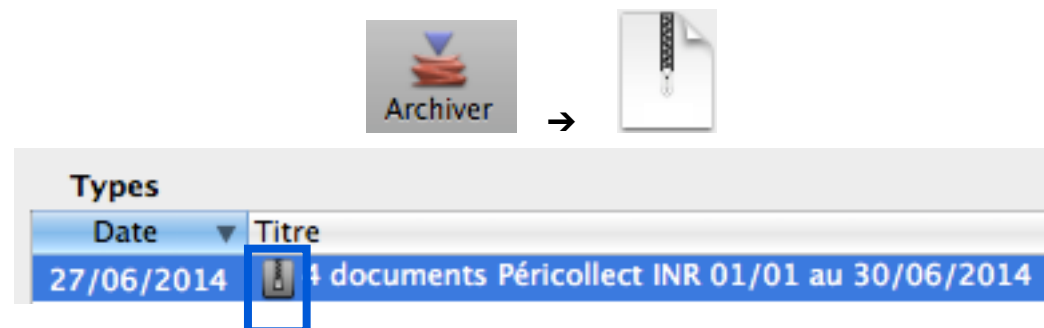
Aucune modification n'est possible :

- ni dans les libellés indiqués par le LABM
- ni dans les valeurs reçues et affichées.

La conservation du message original permet de rééditer la "version papier" du LABM si nécessaire.

Pour "alléger" la liste des documents, préférer directement dans le dossier de santé, la fonction "Archiver". La sélection sera regroupée dans un seul document "Archives" et donc une seule ligne. Le titrage de ce document est libre.

L'archivage est effectué à volonté et est réversible.



Si l'affichage se présente comme ci-dessous (HPRIM texte) : demander au LABM de bien vouloir envoyer les résultats au format :

HPRIM 2 ou 3 ou HPRIM-médecin

= HPRIM structuré.

Exprimer :

Seul le format HPRIM structuré permet la mise en forme pour assurer la bonne tenue du document Biométrie dans le dossier de santé.

Ainsi par la suite, permettre la réalisation des compilations, graphiques, turbo-recherches et recherches multicritères, indicateurs ROSP.

Date: 27/06/2014    Titre: LAM BENHAIM

Message "HPRIM (v1.0)", de "LAM BENHAIM", pour "C   ".

Exprimer :     Opérations

Examen(s) du: 27/06/14    Valeurs de ref.

HEMATOLOGIE

HEMOGRAMME		
HEMATIES	4,13 *M/mm3	4,30 a 5,60
Hemoglobine	13,1 g/100ml	13,0 a 17,0
Hematocrite	38 %	40 a 55
T.G.M.H.	32 * picoG	27 a 31
C.G.M.H.	34 %	31 a 36
V.G.M.	92 u3	83 a 95
LEUCOCYTES	5500 /mm3	4000 a 10000
Neutrophiles	56 %	
Eosinophiles	3080 /mm3	
	3 %	
Basophiles	165 "	
	0 %	
Lymphocytes	0 "	
	33 %	
Monocytes	1815 "	
	8 %	
PLAQUETTES	440 "	
	207.000 /mm3	150.000 a 400.000
VMP :	8,2 fl	6,5 a 10,0

3

## étape : document PériCollect dans le dossier de santé

Anatomie du document PériCollect : ici un résultat reçu d'un LABM

Liste des libellés des variables biométriques du LABM :

Liste des libellés des variables biométriques du fichier patients :

Valeurs de l'analyse fournies par le LABM :

Valeurs mini et maxi du LABM expéditeur :

✓	Libellé	Variable	Valeur	Unité	Min	Max
<input type="checkbox"/>	HEMATIES		4.13		4.30	5.60
<input type="checkbox"/>	Hemoglobine		13.1		13.0	17.0
<input type="checkbox"/>	Hematocrite		38		40	55
<input type="checkbox"/>	T.G.M.H		32		27	31
<input type="checkbox"/>	C.G.M.H		34		31	36
<input type="checkbox"/>	V.G.M		92		83	95
<input type="checkbox"/>	LEUCOCYTES		5500		4000	10000
<input type="checkbox"/>	Neutrophiles		56			
<input type="checkbox"/>	Eosinophiles		3			
<input type="checkbox"/>	Basophiles		0			
<input type="checkbox"/>	Lymphocytes		33			
<input type="checkbox"/>	Monocytes		8			
<input type="checkbox"/>	PLAQUETTES		207000		150000	400000
<input type="checkbox"/>	VMP :		8.2		6.5	10.0
<input type="checkbox"/>	1ere heure		15			

Les lignes en rouge indiquent les valeurs hors normes. Ces normes sont celles utilisées par le LABM emetteur.

Mais chaque LABM utilise "malheureusement" des intitulés différents et aussi des unités différentes.

et pourtant : que signifie HPRIM ?

→ Harmoniser et Promouvoir l'Informatique Médicale ; Harmoniser : un rêve !

<input type="checkbox"/>	LEUCOCYTES	5500	4000	10000
<input type="checkbox"/>	Neutrophiles	56		
<input type="checkbox"/>	Eosinophiles	3		
<input type="checkbox"/>	Basophiles	0		
<input type="checkbox"/>	Lymphocytes	33		
<input type="checkbox"/>	Monocytes	8		
<input type="checkbox"/>	PLAQUETTES	207000	150000	400000
<input type="checkbox"/>	VMP :	8.2	6.5	10.0
<input type="checkbox"/>	1ere heure	15		
<input type="checkbox"/>	2eme heure	36		

<input type="checkbox"/>	P.NEUTROPHYLES %	69	0	100
<input type="checkbox"/>	P.NEUTROPHILES /mm3	5313	1800	12000
<input type="checkbox"/>	P.EOSINOPHILES %	3	0	100
<input type="checkbox"/>	P.EOSINOPHILES /mm3	231	0	700
<input type="checkbox"/>	P.BASOPHILES %	0	0	100
<input type="checkbox"/>	P.BASOPHILES /mm3	0	0	100
<input type="checkbox"/>	LYMPHOCYTES %	26	0	100
<input type="checkbox"/>	LYMPHOCYTES /mm3	2002	100	4500
<input type="checkbox"/>	MONOCYTES %	2	0	100
<input type="checkbox"/>	MONOCYTES /mm3	154	0	1200
<input type="checkbox"/>	-CONTROLE 100%	100.00	100	100
<input type="checkbox"/>	PLAQUETTES giga/l	204	150	400
<input type="checkbox"/>	V.S. 1ERE HEURE mm	14	3	7
<input type="checkbox"/>	LEUCOCYTES GIGA/L	7.70	5	8

**A) Nécessité de lier chaque variable fournie par le LABM à la variable conforme du fichier patients.**

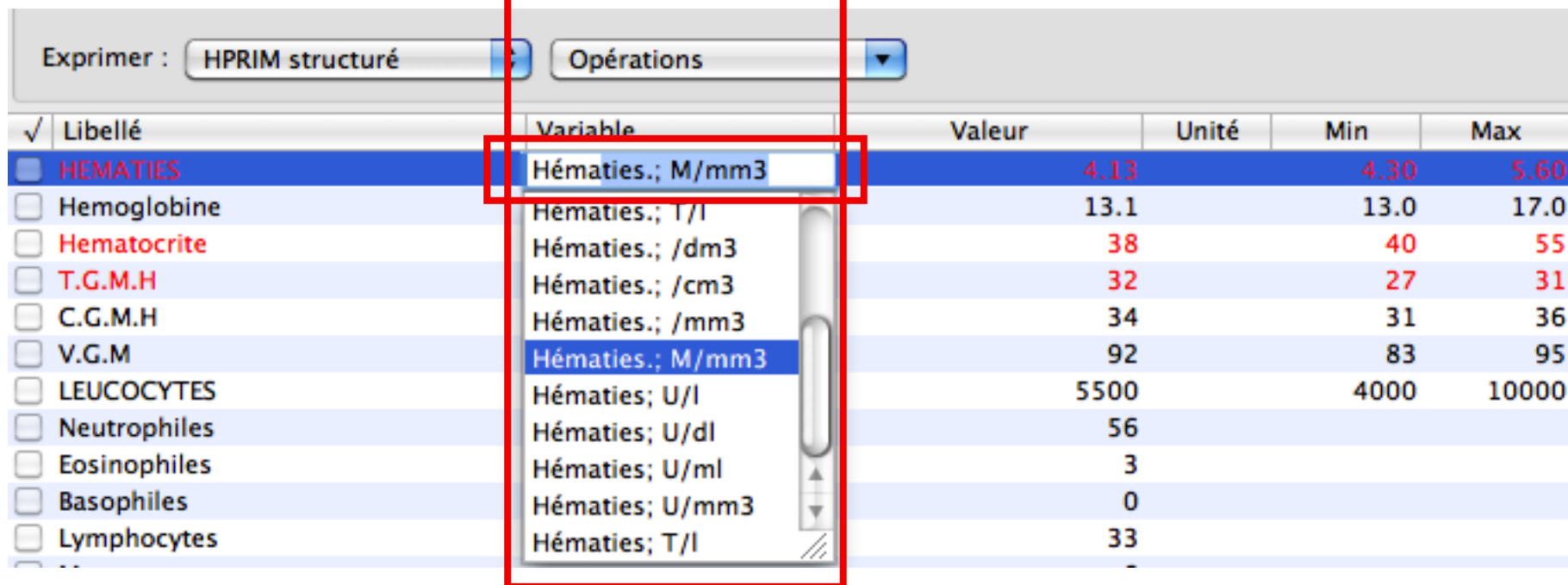
**B) Cette opération sera répétée pour chaque LABM correspondant.**

**C) A l'utilisation : le rapprochement s'appliquera par la suite quel que soit le patient.**

**Description à suivre de ce rapprochement.**

Liste des libellés des variables biométriques du LABM :

Rapprocher ici les variables :

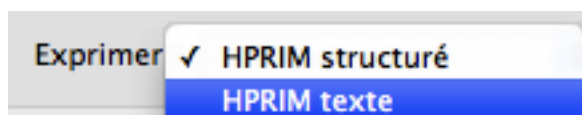


Libellé	Variable	Valeur	Unité	Min	Max
<input checked="" type="checkbox"/> HEMATIES	Hématies.; M/mm3	4.13		4.30	5.60
<input type="checkbox"/> Hemoglobine	Hématies.; T/l	13.1		13.0	17.0
<input type="checkbox"/> Hematocrite	Hématies.; /dm3	38		40	55
<input type="checkbox"/> T.G.M.H	Hématies.; /cm3	32		27	31
<input type="checkbox"/> C.G.M.H	Hématies.; /mm3	34		31	36
<input type="checkbox"/> V.G.M	Hématies.; M/mm3	92		83	95
<input type="checkbox"/> LEUCOCYTES	Hématies; U/l	5500		4000	10000
<input type="checkbox"/> Neutrophiles	Hématies; U/dl	56			
<input type="checkbox"/> Eosinophiles	Hématies; U/ml	3			
<input type="checkbox"/> Basophiles	Hématies; U/mm3	0			
<input type="checkbox"/> Lymphocytes	Hématies; T/l	33			

Un double-clic à l'intersection de la ligne du libellé et de la colonne "Variable" ouvre la zone puis :

- Taper le début de l'intitulé de la variable du fichier patients *exemple ici : Héma*
- liste affichée : ATTENTION choisir parfaitement l'unité de la valeur *exemple ici : U/mm3*  
ceci à cause des différences entre chaque LABM.

Si un doute apparaît : clic sur le bouton [Exprimer : HPRIM structuré] / choisir "HPRIM texte" : vérifier l'unité du LABM puis par [Exprimer : HPRIM texte] / revenir sur "HPRIM structuré" :



HEMATIES

4,13 \*M/mm3

- Valider le choix dans la liste par un double-clic.

Présentation de la variable liée et de l'unité désignée :

<input checked="" type="checkbox"/>	Libellé	Variable	Valeur	Unité	Min	Max
<input checked="" type="checkbox"/>	HEMATIES	Hématies	4.13	M/mm3	4.30	5.60
<input type="checkbox"/>	Hemoglobine		13.1		13.0	17.0
<input type="checkbox"/>	Hematocrite		38		40	55
<input type="checkbox"/>	T.G.M.H		32		27	31
<input type="checkbox"/>	C.G.M.H		34		31	36

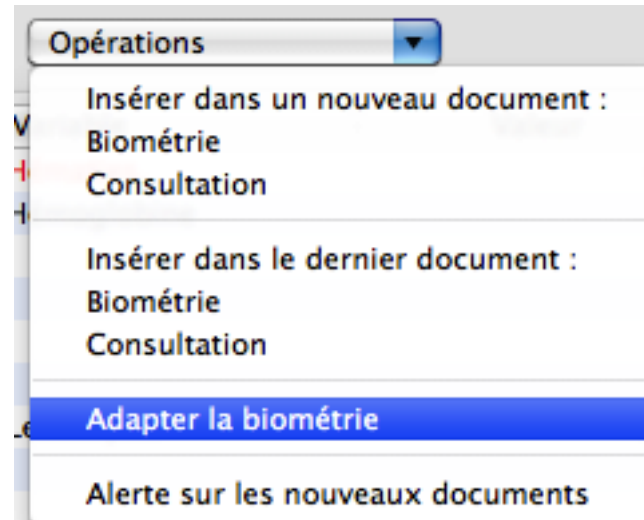
Autres exemples :

<input checked="" type="checkbox"/>	Libellé	Variable	Valeur	Unité	Min	Max
<input checked="" type="checkbox"/>	HEMATIES	Hématies	4.13	M/mm3	4.30	5.60
<input checked="" type="checkbox"/>	Hemoglobine	Hémoglobine	13.1		13.0	17.0
<input type="checkbox"/>	Hematocrite		38		40	55
<input type="checkbox"/>	T.G.M.H		32		27	31
<input type="checkbox"/>	C.G.M.H		34		31	36
<input type="checkbox"/>	V.G.M		92		83	95
<input checked="" type="checkbox"/>	LEUCOCYTES	Leucocytes	5500	U/mm3	4000	10000
<input type="checkbox"/>	Neutrophiles		56			
<input type="checkbox"/>	Eosinophiles		3			
<input type="checkbox"/>	Basophiles		0			
<input type="checkbox"/>	Lymphocytes		33			
<input type="checkbox"/>	Monocytes		8			
<input checked="" type="checkbox"/>	PLAQUETTES	Plaquettes	207000	U/mm3	150000	400000
<input type="checkbox"/>	VMP :		8.2		6.5	10.0
<input checked="" type="checkbox"/>	1ere heure	VS 1 <sup>o</sup> heure	15	mm		
<input checked="" type="checkbox"/>	2eme heure	VS 2	36	mm		





- Si la variable biométrique n'existe pas dans le fichier patients :
- clic sur le bouton [Opérations] et choisir "Adapter la biométrie" :



- Créer la variable biométrique avec le plus grand soin, en particulier bien choisir "la mesure" et procéder dès la création à sa conversion SI.

*cf autre pas à pas intitulé : "Nettoyer la biométrie de MédiStory : 2° épisode : le coup de balai" à partir de la page 7*

-  Les coches bleues indiquent que la liaison existe entre le libellé du LABM et celui du fichier patients.

✓	Libellé	Variable
<input checked="" type="checkbox"/>	HEMATIES	Hématies
<input checked="" type="checkbox"/>	Hémoglobine	Hémoglobine
<input type="checkbox"/>	Hématocrite	
<input type="checkbox"/>	T.G.M.H	
<input type="checkbox"/>	C.G.M.H	

Ces coches bleues sont importantes. Le sujet sera développé plus loin au § "Les bons plans de PériCollect"

Ci-dessous le même résultat PériCollect complètement renseigné des liaisons avec la biométrie du fichier des dossiers de santé.

A noter cependant que les 3 lignes "T.G.M.H.", "C.G.M.H." et "VMP :" ne sont pas liées. C'est un choix délibéré : ces valeurs ne seront jamais reportées dans le document de biométrie tant que leur liaisons ne sont pas établies.

▲▼ @ PériCollect, Non classé

Date: 27/06/2014    Titre: LAM BENHAIM

Message "HPRIM (v2.0)", de "LAM BENHAIM", pour "G   ".

Exprimer : HPRIM structuré    Opérations

✓	Libellé	Variable	Valeur	Unité	Min	Max
<input checked="" type="checkbox"/>	HEMATIES	Hématies	4.13	M/mm3	4.30	5.60
<input checked="" type="checkbox"/>	Hemoglobine	Hémoglobine	13.1	g/dl	13.0	17.0
<input checked="" type="checkbox"/>	Hematocrite	Hématocrite	38	%	40	55
<input type="checkbox"/>	T.G.M.H		32		27	31
<input type="checkbox"/>	C.G.M.H		34		31	36
<input checked="" type="checkbox"/>	V.G.M	VGM	92	fg/l	83	95
<input checked="" type="checkbox"/>	LEUCOCYTES	Leucocytes	5500	U/mm3	4000	10000
<input checked="" type="checkbox"/>	Neutrophiles	Neutrophiles %	56	%		
<input checked="" type="checkbox"/>	Eosinophiles	Eosinophiles %	3	%		
<input checked="" type="checkbox"/>	Basophiles	Basophiles %	0	%		
<input checked="" type="checkbox"/>	Lymphocytes	Lymphocytes %	33	%		
<input checked="" type="checkbox"/>	Monocytes	Monocytes %	8	%		
<input checked="" type="checkbox"/>	PLAQUETTES	Plaquettes	207000	U/mm3	150000	400000
<input type="checkbox"/>	VMP :		8.2		6.5	10.0
<input checked="" type="checkbox"/>	1ere heure	VS 1	15	mm		
<input checked="" type="checkbox"/>	2eme heure	VS 2	36	mm		



## étape : Insertion dans un document Biométrie

Le document PériCollect laissé ainsi est passif.

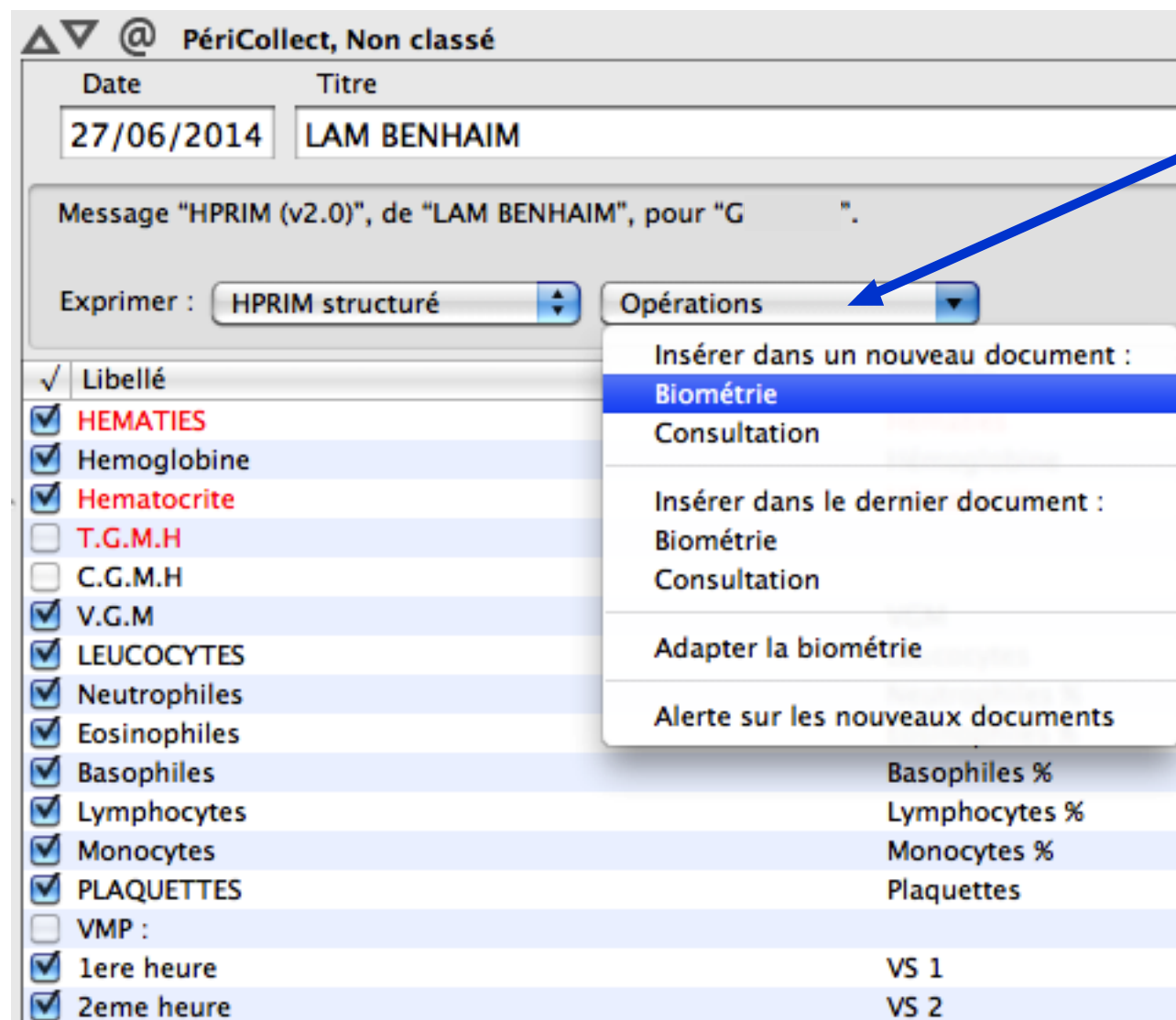


Pourquoi **l'insertion** dans un document de biométrie est-elle **OBLIGATOIRE** ?

- pour rendre la **biométrie dynamique** :  
et ainsi favoriser l'accès aux :  
calculs de formules, compilations, graphes,  
reports, recherches multicritères, ROSP, etc.
- **pallier** aux éventuels **changements d'unités** imposés  
par les LABM.



 L'insertion s'effectue ainsi :



The screenshot shows the PériCollect software interface. At the top, there is a header with a triangle icon, an '@' symbol, and the text "PériCollect, Non classé". Below this, there are two input fields: "Date" with the value "27/06/2014" and "Titre" with the value "LAM BENHAIM". A message preview below reads: "Message 'HPRIM (v2.0)', de 'LAM BENHAIM', pour 'G'".

Below the message, there are two dropdown menus. The first is labeled "Exprimer :" and is set to "HPRIM structuré". The second is labeled "Opérations" and is open, showing a list of options. A blue arrow points to the "Opérations" dropdown menu.

The "Opérations" dropdown menu contains the following options:

- Insérer dans un nouveau document :
  - Biométrie**
  - Consultation
- Insérer dans le dernier document :
  - Biométrie
  - Consultation
- Adapter la biométrie
- Alerte sur les nouveaux documents

## Le document Biométrie se présente ainsi :

• Par défaut :

- c'est la date d'analyse fournie par la LABM qui est retenue (et non la date du jour de création du document)

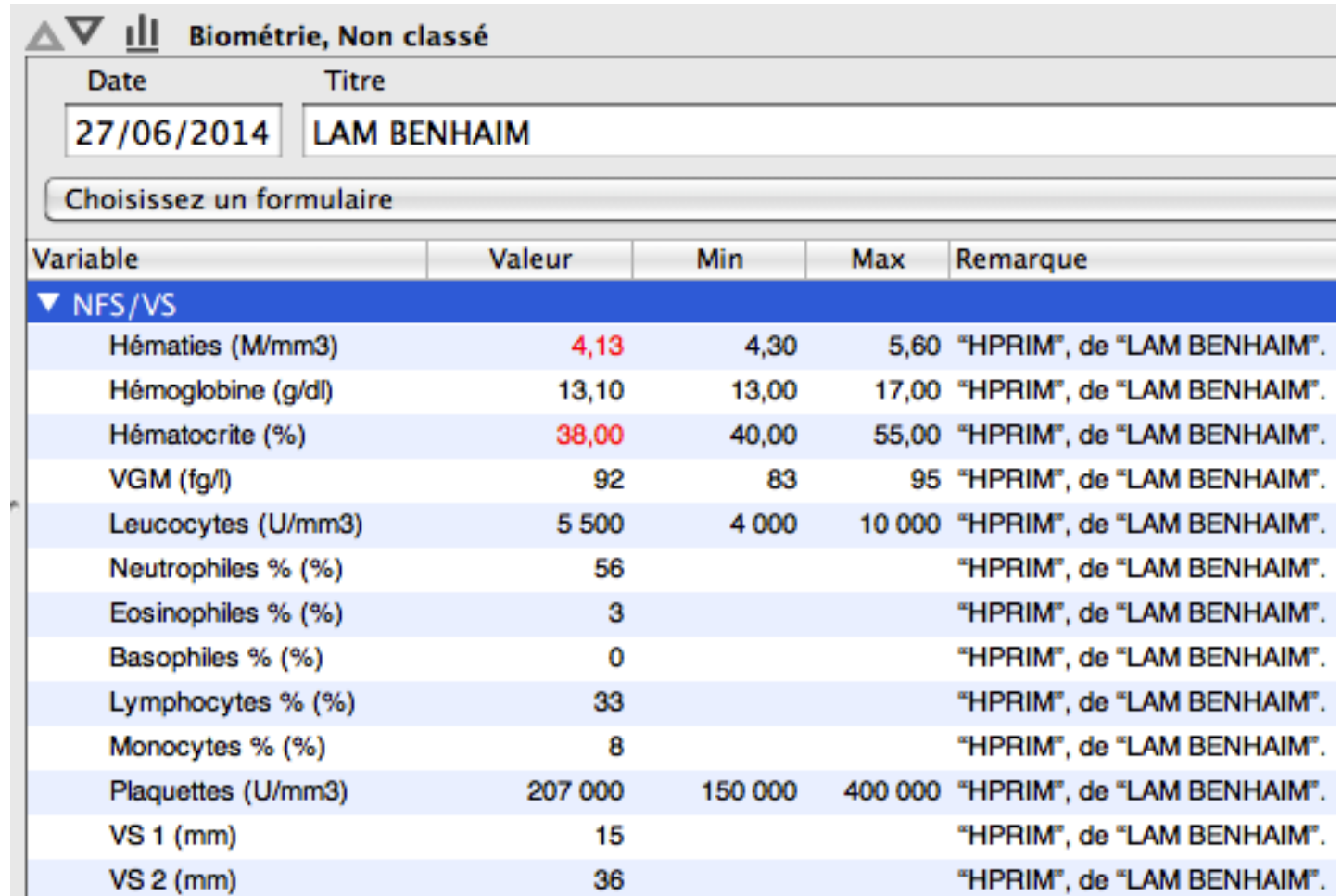
- le titre du document contient le nom du LABM émetteur. Il est modifiable.

• Si besoin, les valeurs indiquées sont maintenant accessibles (!!!).

• La présentation de la liste des variables peut être ordonnancée par la construction d'un formulaire dans la biométrie

*cf autre pas à pas intitulé : "Anatomie de la biométrie"*

• Les variables décochées du document PériCollect n'ont pas été transmises.



The screenshot shows a software interface for a hematology report. At the top, there are fields for 'Date' (27/06/2014) and 'Titre' (LAM BENHAIM). Below these is a dropdown menu labeled 'Choisissez un formulaire'. The main part of the interface is a table with columns: Variable, Valeur, Min, Max, and Remarque. The table is titled 'NFS/VS' and lists various blood parameters with their measured values and reference ranges. The value for 'Hématocrite (%)' is highlighted in red.

Variable	Valeur	Min	Max	Remarque
▼ NFS/VS				
Hématies (M/mm3)	4,13	4,30	5,60	"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
Hémoglobine (g/dl)	13,10	13,00	17,00	"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
Hématocrite (%)	38,00	40,00	55,00	"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
VGM (fg/l)	92	83	95	"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
Leucocytes (U/mm3)	5 500	4 000	10 000	"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
Neutrophiles % (%)	56			"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
Eosinophiles % (%)	3			"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
Basophiles % (%)	0			"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
Lymphocytes % (%)	33			"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
Monocytes % (%)	8			"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
Plaquettes (U/mm3)	207 000	150 000	400 000	"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
VS 1 (mm)	15			"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
VS 2 (mm)	36			"HPRIM", de "LAM BENHAIM".

**Les valeurs sont maintenant dynamiques.**

# Insérer : l'autre raison fondamentale !

En ce qui concerne la biométrie, il y a une autre raison **FONDAMENTALE** d'insérer le document Péricollect dans un "document Biométrie" (ou "document consultation") : **les changements d'unités !**

Voici l'explication :

1°) Un LABM envoie ses résultats contenant des variables exprimées dans certaines unités  
exemple : Glycémie en g/l (liée à la biométrie du fichier à Glycémie g/l) = OK

<input checked="" type="checkbox"/> Glycémie	Glycémie	1.08 g/l
--	----------	----------

2°) Ce même LABM, un beau jour, change ses unités. Dorénavant, il envoie la glycémie en mmol/l.

3°) 2 possibilités se présentent pour les réglages dans le document PériCollect des dossiers de santé :



**le libellé du LABM est modifié** : il suffit de lier ce nouveau libellé à la même variable du fichier mais dans la nouvelle unité. Aucune incidence future et compilations correctes.

Ancien libellé	→	<input checked="" type="checkbox"/> Glycémie	Glycémie	1.08 g/l
----------------	---	--	----------	----------

Nouveau libellé	→	<input checked="" type="checkbox"/> Glycémie Fluo	Glycémie	5,39 mmol/l
			même variable	nouvelle unité



**le libellé du LABM est inchangé** : le document PériCollect doit être modifié.  
La liaison doit être adaptée au profit de la nouvelle unité

Pour comprendre : exemple chronologique en 5 étapes : la glycémie



**glycémie ancienne unité** : de janvier à février les résultats sont reçus en g/l :

le 21/01	<input checked="" type="checkbox"/> Glycemie	Glycémie	1.01 g/l
le 05/02	<input checked="" type="checkbox"/> Glycemie	Glycémie	1.30 g/l
le 22/02	<input checked="" type="checkbox"/> Glycemie	Glycémie	1.56 g/l



**en avril, CE LABM change l'unité de la glycémie** : l'affichage est de ce fait erroné ...

le 29/04	<input checked="" type="checkbox"/> Glycemie	Glycémie	5,39 g/l
----------	--	----------	----------



**le changement dans PériCollect s'impose** :

le 29/04	<input checked="" type="checkbox"/> Glycemie	Glycémie; mmol/l
----------	--	------------------



**les résultats suivants pour CE LABM sont indiqués dorénavant correctement en mmol/l** :

le 20/08	<input checked="" type="checkbox"/> Glycemie	Glycémie	7,12 mmol/l
le 02/05	<input checked="" type="checkbox"/> Glycemie	Glycémie	4,73 mmol/l
le 29/04	<input checked="" type="checkbox"/> Glycemie	Glycémie	5,39 mmol/l

5

Le réglage de la biométrie indiquant l'affichage préféré de la glycémie en g/l :

Unité préférée :

la compilation affiche correctement les résultats qui ont été transférés en biométrie :

Date ▲	Glycémie(g/l)
21/01/2013	1,01
05/02/2014	1,30
22/02/2014	1,56
29/04/2014	0,97
02/05/2014	0,85
29/07/2014	1,28



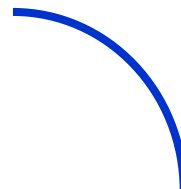
## MAIS ATTENTION ...

Pour **ce** LABM et **quel que soit le patient** toutes les glycémies déjà **reçues par PériCollect et intégrées** dans des documents de biométrie **resteront** correctement transcrites comme valeurs en g/l.

Mais par contre tous les anciens résultats :

- soit encore en attente dans PériCollect et qui seront intégrés plus tard dans MS
- soit intégrés au dossier de santé mais **non insérés dans un document de biométrie** se verront affectés d'une erreur d'unité.

*Exemple des erreurs page suivante*





- **Sur TOUS les documents Péricollect** : les glycémies gardent leurs valeurs initiales mais à tort en mmol/l

le 21/01/2013	<input checked="" type="checkbox"/> Glycémie	Glycémie	1.01 mmol/l
le 05/09/2012	<input checked="" type="checkbox"/> Glycémie	Glycémie	0.85 mmol/l

- Une insertion après la changement d'unité d'un ancien document PériCollect génère une erreur dans les compilations et les graphiques:

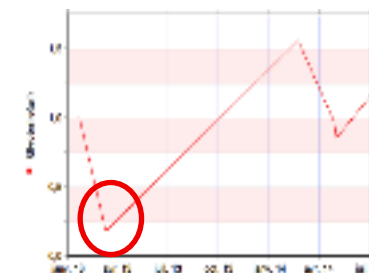
exemple : - ancien document PériCollect contenant glycémie et non inséré en son temps : le 11/03/2013

le 11/03/2013	<input checked="" type="checkbox"/> Glycémie	Glycémie	0.97 mmol/l
---------------	--	----------	-------------

- l'insertion après changement d'unité en g/l dû à l'affichage préféré occasionne une erreur :

▼ Valeurs relevées	
Glycémie (g/l)	0,17

Date	Glycémie(g/l)
29/07/2014	1,28
02/05/2014	0,85
29/04/2014	0,97
22/02/2014	1,56
11/03/2013	0,17
21/01/2013	1,01







**MORALITE =**

**l'insertion systématique évitera de futurs déboires problématiques !**

# Cas ambigus :

Quelques sujets de réflexion :

-  Intitulés ténébreux des variables des LABM
-  Variables sanguines ou urinaires ?
-  Comment différencier : Sérodiagnostic toxoplasmose et rubéole ?
-  Des caractères dans une variable nombre







 les intitulés des LABM qui peuvent poser problèmes :

exemple ci-dessous : les valeurs de la NFS sont affichées uniquement en % :

<input checked="" type="checkbox"/>	LEUCOCYTES	Leucocytes	5500 U/mm3	4000	10000
<input type="checkbox"/>	Neutrophiles		56		
<input type="checkbox"/>	Eosinophiles		3		
<input type="checkbox"/>	Basophiles		0		
<input type="checkbox"/>	Lymphocytes		33		
<input type="checkbox"/>	Monocytes		8		

L'ordre des variables précisément pour CE LABM est ainsi ordonnancé en format texte :

- affichage en % et libellé identifiable
- suivi sur une autre ligne de la valeur numérique, **mais sans intitulé** = report impossible :

	LEUCOCYTES	5500	/mm3	4000 a 10000
	Neutrophiles	56	%	
	Eosinophiles	3080	/mm3	
	Basophiles	3	%	
		165	"	
	Basophiles	0	%	
		0	"	
	Lymphocytes	33	%	
		1815	"	
	Monocytes	8	%	
		440	"	

la liaison se fera donc uniquement avec l'unité "%" comme le montre la copie d'écran :

<input checked="" type="checkbox"/>	LEUCOCYTES	Leucocytes	5500 U/mm3	4000	10000
<input checked="" type="checkbox"/>	Neutrophiles	Neutrophiles %	56 %		
<input checked="" type="checkbox"/>	Eosinophiles	Eosinophiles %	3 %		
<input checked="" type="checkbox"/>	Basophiles	Basophiles %	0 %		
<input checked="" type="checkbox"/>	Lymphocytes	Lymphocytes %	33 %		
<input checked="" type="checkbox"/>	Monocytes	Monocytes %	8 %		

et le report dans le "document Biométrie" se présente ainsi :



Leucocytes (U/mm3)	5 500	4 000	10 000	"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
Neutrophiles % (%)	56			"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
Eosinophiles % (%)	3			"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
Basophiles % (%)	0			"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
Lymphocytes % (%)	33			"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
Monocytes % (%)	8			"HPRIM", de "LAM BENHAIM".

Dans le dossier de santé l'affichage des valeurs encadrées ci-dessus est par conséquent en "%".

Si la préférence de lecture est plutôt en "/mm3" (et non en "%"), il faudra créer une variable "formule" par adapter la biométrie.

- Créer une formule ainsi rédigée pour chaque ligne concernée (Neutrophiles, Eosinophiles, Basophiles, etc.)  
 nb : clic dans zone "Expression" puis passer par le bouton à droite [Variables] pour retrouver les variables propres au fichier patients.

Formule :  Couleur :

Norme mini :  Maxi :  Décimales :

Borne mini :  Maxi :

Mesure :  Unité :

Unité préférée :

Conversion SI : coefficient :  (traditionnel/SI)

Fonctions

Expression :

afin d'obtenir l'affichage suivant : "%" et nombres en "U/mm3"

Leucocytes	5 500	4 000	10 000	"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
Neutrophiles %	56			"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
Neutrophiles- (U/mm3)	3 080			
Eosinophiles %	3			"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
Eosinophiles- (U/mm3)	165			
Basophiles %	0			"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
Basophiles- (U/mm3)	0			
Lymphocytes % (%)	33			"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
Lymphocytes- (U/mm3)	1 815			
Monocytes % (%)	8			"HPRIM", de "LAM BENHAIM".
Monocytes- (U/mm3)	440			

Certains LABM proposent l'affichage suivant :

<input type="checkbox"/>	P.NEUTROPHYLES	%	69
<input type="checkbox"/>	P.NEUTROPHILES	/mm3	5313
<input type="checkbox"/>	P.EOSINOPHILES	%	3
<input type="checkbox"/>	P.EOSINOPHILES	/mm3	231
<input type="checkbox"/>	P.BASOPHILES	%	0
<input type="checkbox"/>	P.BASOPHILES	/mm3	0
<input type="checkbox"/>	LYMPHOCYTES	%	26
<input type="checkbox"/>	LYMPHOCYTES	/mm3	2002
<input type="checkbox"/>	MONOCYTES	%	2
<input type="checkbox"/>	MONOCYTES	/mm3	154

Les solutions :

- Utiliser la méthode décrite précédemment avec application d'une formule
- ou créer 2 variables différentes de biométrie afin de lier les valeurs efficacement :
  - une en "%" (libellée ci-dessous : Neutrophiles %)
  - l'autre avec l'unité "U/mm3" (libellée ci-dessous : Neutrophiles U/mm3)

<input checked="" type="checkbox"/>	P.NEUTROPHYLES	%	Neutrophiles %	69 %	0	100
<input checked="" type="checkbox"/>	P.NEUTROPHILES	/mm3	Neutrophiles; U/mm3	5313	1800	12000
<input type="checkbox"/>	P.EOSINOPHILES	%	Neutrophiles %; %	3	0	100
<input type="checkbox"/>	P.EOSINOPHILES	/mm3	Neutrophiles %; ‰	231	0	700
<input type="checkbox"/>	P.BASOPHILES	%	Neutrophiles; U/l	0	0	100
<input type="checkbox"/>	P.BASOPHILES	/mm3	Neutrophiles; U/dl	0	0	100
<input type="checkbox"/>	LYMPHOCYTES	%	Neutrophiles; U/ml	26	0	100
<input type="checkbox"/>	LYMPHOCYTES	/mm3	Neutrophiles; U/mm3	2002	100	4500
<input type="checkbox"/>	MONOCYTES	%	Neutrophiles; T/l	2	0	100
<input type="checkbox"/>	MONOCYTES	/mm3	Neutrophiles U/mm3	154	0	1200
<input type="checkbox"/>	-CONTROLE 100%		Neutrophiles U/mm3	100.00	100	100
<input type="checkbox"/>	PLAQUETTES	giga/l	Neutrophiles U/mm3	204	150	400



Résultat reçu du LABM → autre affichage possible :

en “%” par défaut et “/mm3” en seconde ligne avec un libellé unique : “Soit”

→ le rapprochement est impossible car le même libellé “Soit” désigne des variables différentes.  
Pas d'autre solution que celle précisée plus haut → la variable formule.

Lignée leucocytaire

Leucocytes :	6.600 /mm3	(4.000-10.000)
Poly. Neutrophiles :	67.8 %	-
→ Soit:	4475 /mm <sup>≥</sup>	(1800-7500)
Poly. Eosinophiles :	3.9 %	-
→ Soit:	257 /mm <sup>≥</sup>	(100-400)
Poly. Basophiles :	0.0 %	-
→ Soit:	0 /mm <sup>≥</sup>	(<200)
Lymphocytes :	19.0 %	-
→ Soit:	1254 /mm <sup>≥</sup>	(1000-4500)
Monocytes :	9.3 %	-
→ Soit:	614 /mm <sup>≥</sup>	(200-1000)
PLAQUETTES :	170 000/mm3	(150-400)
Plaquettes :	170 000/mm3	(150-400)

△▽ @ PériCollect, Non classé

Date: 24/07/2014    Titre: labo.coton

Message "HPRIM (v2.0)", de "labo.coton", pour "Bi" .

Exprimer : HPRIM structuré    Opérations

Libellé	Variable
<input checked="" type="checkbox"/> Hématies :	Hématies
<input checked="" type="checkbox"/> Hémoglobine :	Hémoglobine
<input checked="" type="checkbox"/> Hématocrite :	Hématocrite
<input checked="" type="checkbox"/> VGM :	VGM
<input type="checkbox"/> TCMH :	
<input checked="" type="checkbox"/> CCMH :	CCMH
<input checked="" type="checkbox"/> Leucocytes :	Leucocytes
<input checked="" type="checkbox"/> Poly. Neutrophiles :	Polynucléaires Neutrophiles
<input type="checkbox"/> Soit:	
<input checked="" type="checkbox"/> Poly. Eosinophiles :	Polynucléaires Eosinophiles
<input type="checkbox"/> Soit:	
<input checked="" type="checkbox"/> Poly. Basophiles :	Polynucléaires Basophiles
<input type="checkbox"/> Soit:	
<input checked="" type="checkbox"/> Lymphocytes :	Lymphocytes
<input type="checkbox"/> Soit:	
<input checked="" type="checkbox"/> Monocytes :	Monocytes
<input type="checkbox"/> Soit:	





## Variables sanguines ou urinaires : exemple ici pour les hématies urinaires

### EXAMEN CYTOLOGIQUE DES URINES

Aspect macroscopique.....	Trouble
Leucocytes.....	
aspect morpholoaigue.....	Leucocytes alteres
Hematies.....	< 1000 /ml
Cellules vesicales.....	Quelques cellules vesicales
Cellules renales.....	Absence de cellules renales
Cylindres.....	Absence de cylindres
Cristaux.....	Absence de cristaux
Germes.....	Quelques germes
Levures.....	Absence de levure

Le LABM indique le libellé "Hematies" dans l'examen cytologique des urines, sans le différencier du libellé des hématies sanguines.

Si la liaison est faite avec la variable du fichier patient "Hématies" = erreur puisque ce libellé indique déjà les hématies sanguines.

Ci-dessous : bien entendu on comprend aisément qu'il s'agit ici d'un examen urinaire. Mais le report présenté dans le document de biométrie génère des prises en compte dans les compilations et/ou recherches dans les hématies sanguines. Attention donc aux liaisons !

Exprimer :

<input checked="" type="checkbox"/>	Libellé	Variable	Valeur	Unité
<input type="checkbox"/>		Groupe Sanguin		
<input checked="" type="checkbox"/>	Aspect macroscopique	Aspect des Urines	Trouble	/
<input checked="" type="checkbox"/>	Leucocytes	Leucocytes		/ 1000/mm
<input checked="" type="checkbox"/>	aspect morphologique	Aspect leucocytes Urinaires	Leucocytes alteres	/
<input checked="" type="checkbox"/>	Hematies	Hématies	< 1000 /ml	/ M/mm3
<input checked="" type="checkbox"/>	Cellules vesicales	Cellules vésicales	Quelques cellules vesicales	/
<input checked="" type="checkbox"/>	Cellules renales	Cellules rénales	Absence de cellules renales	/
<input checked="" type="checkbox"/>	Cylindres	Cylindres	Absence de cylindres	/
<input checked="" type="checkbox"/>	Cristaux	Cristaux	Absence de cristaux	/
<input checked="" type="checkbox"/>	Germes	Flore microbienne	Quelques germes	/
<input checked="" type="checkbox"/>	Levures	Levures	Absence de levure	/



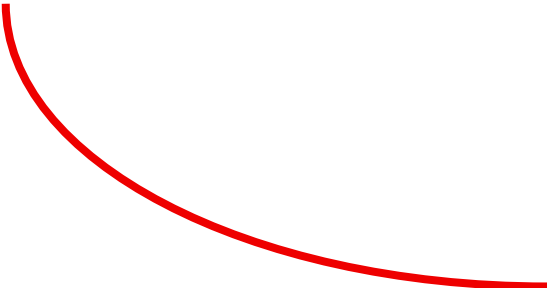


## Comment différencier ici : Sérodiagnostic toxoplasmose et rubéole ?

*peut se produire aussi avec sérologie VIH et VHC*

### \* SERODIAGNOSTIC DE TOXOPLASMOSE \*

Taux des IgG : <0.1 UI/mL (<3.0)  
Taux des IgM : <0.10 S/CO (<0.60)



✓ Libellé	Variable
<input checked="" type="checkbox"/> Plaquettes :	Plaquettes x1000/mm3
<input checked="" type="checkbox"/> Taux des IgG :	Toxoplasmose IgG
<input checked="" type="checkbox"/> Taux des IgM :	Toxoplasmose IgM indice

S'il s'agit d'une rubéole, la LABM conservera les libellés identiques : "Taux des IgG" et "Taux des IgM".

Or, la liaison se fait avec un libellé "Toxoplasmose ...".



**En cas d'inattention et de report du résultat = Erreur !**

Il est obligatoire ici de décocher les 2 lignes et de saisir au clavier directement dans le document de biométrie: dans des variables créées avec les intitulés "Toxoplasmose IgG" et "Toxoplasmose IgM" d'une part et "Rubéole IgG" et "Rubéole IgM" d'autre part.

## Des caractères dans une variable nombre

Bonne nouvelle : depuis la version 3.3  
les variables "nombre" peuvent contenir ...

- du texte : exemples :



variable "nombre" : Albuminurie

Albuminurie (g)	0,09
-----------------	------

Albuminurie (g)	traces
-----------------	--------

Albuminurie (g)	néant
-----------------	-------

- des symboles mathématiques comme ">", "<" : exemples :

variable "nombre" : Hématies urinaires :

Hématies urinaires	< 1 000
--------------------	---------

variable "nombre" : Toxoplasmone : IgC / IgM :

Toxo : Taux des IgC	< 0,10
---------------------	--------

Toxo : Taux des IgM	< 0,10
---------------------	--------

**Bien entendu, ces valeurs seront affichées dans les compilations, mais pas dans les graphes.**

# Les bons plans du document ...



PériCollect

# Les coches bleues

Les coches bleues indiquent que la liaison existe entre le libellé de CE LABM émetteur et celui du fichier patients.

Toutes les lignes cochées seront basculées lors de l'insertion dans le "document Biométrie".

Il est parfois souhaitable de ne pas intégrer certains résultats dans la biométrie :

*exemple : résultat sans relation directe avec la pathologie.*

Pour ce : décocher la (les) ligne(s).

nb : la liaison avec la variable n'est pas perdue. L'action n'est appliquée que sur le document en cours.

✓	Libellé	Variable	Valeur	Unité
<input checked="" type="checkbox"/>	1ere heure	VS 1	15	mm
<input checked="" type="checkbox"/>	2eme heure	VS 2	36	mm
<input checked="" type="checkbox"/>	CREATININE	Créatininémie	8.3	mg/l
<input type="checkbox"/>	Clairance selon formule MDRD:		92.7	
<input checked="" type="checkbox"/>	UREE	Urée	0.32	g/l
<input checked="" type="checkbox"/>	GLYCEMIE A JEUN (tube fluore)	Glycémie	0.88	g/l
<input checked="" type="checkbox"/>	ACIDE URIQUE	Uricémie	49.0	mg/l
<input checked="" type="checkbox"/>	SODIUM	Natrémie	143	mmol/l
<input checked="" type="checkbox"/>	POTASSIUM	Kaliémie	3.8	mmol/l
<input checked="" type="checkbox"/>	PROTEINE C-REACTIVE (CRP)	CRP	0.30	mg/l
<input checked="" type="checkbox"/>	CHOLESTEROL TOTAL	Cholestérol	2.10	g/l
<input checked="" type="checkbox"/>	TRIGLYCERIDES	Triglycérides.	1.23	g/l
<input checked="" type="checkbox"/>	HDL CHOLESTEROL	HDL	0.53	g/l
<input type="checkbox"/>	Rapport TOTAL C/HDL		3.96	
<input checked="" type="checkbox"/>	LDL CHOLESTEROL		1.32	g/l
<input checked="" type="checkbox"/>	ASPECT DU SERUM		limpide	

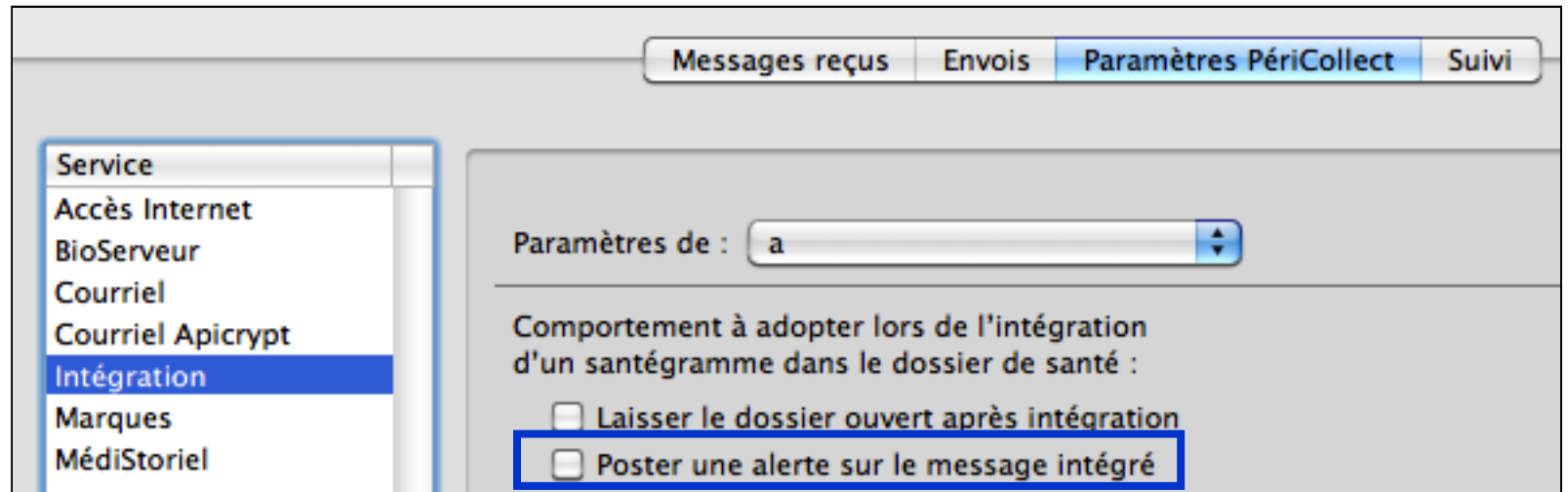
  

<input type="checkbox"/>	1ere heure
<input type="checkbox"/>	2eme heure
<input checked="" type="checkbox"/>	CREATININE
<input type="checkbox"/>	Clairance selon formule MDRD:
<input checked="" type="checkbox"/>	UREE
<input checked="" type="checkbox"/>	GLYCEMIE A JEUN (tube fluore)
<input checked="" type="checkbox"/>	ACIDE URIQUE
<input checked="" type="checkbox"/>	SODIUM
<input checked="" type="checkbox"/>	POTASSIUM
<input checked="" type="checkbox"/>	PROTEINE C-REACTIVE (CRP)
<input checked="" type="checkbox"/>	CHOLESTEROL TOTAL
<input checked="" type="checkbox"/>	TRIGLYCERIDES
<input checked="" type="checkbox"/>	HDL CHOLESTEROL
<input type="checkbox"/>	Rapport TOTAL C/HDL
<input checked="" type="checkbox"/>	LDL CHOLESTEROL
<input type="checkbox"/>	ASPECT DU SERUM

# Si alertes automatiques ...

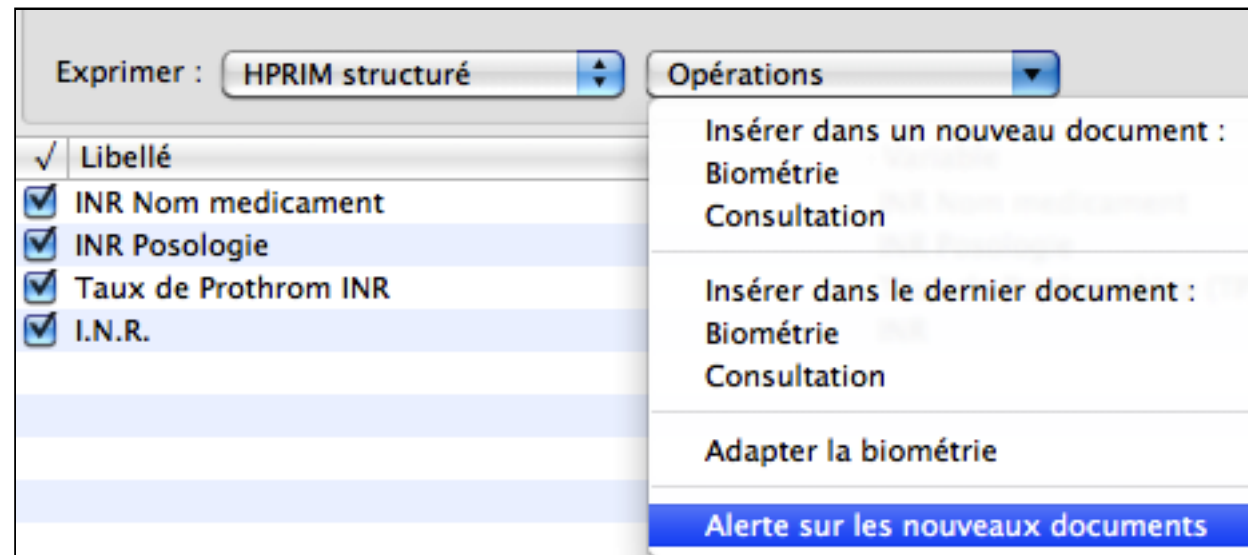
Les alertes systématiques dans le dossier de santé,  
peuvent être souhaitées ou refusées : cocher ou décocher en fonction du choix de l'action :

• Alerte sur le document PériCollect dans le dossier de santé : agir directement dans le logiciel PériCollect® proprement dit.



• Alerte sur le document Biométrie dans le dossier de santé : agir par le bouton [Opérations] du "document Péricollect" de MS

→ le choix s'applique pour tous les dossiers de santé.



# Navigation dans le dossier de santé

La liaison entre le "document Biométrie" et "son document PériCollect initial" est **permanente**.

La recherche est donc simplifiée :

exemples : nécessité de retrouver l'original envoyé par le LABM car le contenu du "document Biométrie" n'est pas complet ou pour une vérification des unités :



Sélectionner par un clic le "document Biométrie"

Dans la liste [Vision par ...] clic sur la ligne PériCollect

à droite = affichage automatique du document PériCollect initial *exemple ici : 31/10/2011*

Types/Biométrie	
Date	Titre
07/11/2011	bio nepno
03/11/2011	LABM.PG
31/10/2011	LABM.PG
28/10/2011	LABM.PG
24/10/2011	INR=1,70

Vision par...	
Type	Count
Types (1149)	
Annexe (29)	
Archive	
Audiogramme	
Biométrie (106)	
Consultation (375)	
Courrier (123)	
ECC	
Image	
Imprimé (20)	
Numérisation (88)	
Ordonnance (307)	
<b>PériCollect (101)</b>	

Types/PériCollect	
Date	Titre
07/11/2011	@LABM.PG
07/11/2011	@LABM.PG
03/11/2011	@LABM.PG
31/10/2011	@LABM.PG
28/10/2011	@LABM.PG

@ PériCollect, Non classé

Date	Titre
31/10/2011	LABM.PG



Cette navigation fonctionne aussi à l'inverse, c'est-à-dire "doc PériCollect" vers "doc Biométrie"



# Exemple de compilation

Date	Titre	
06/12/2011	LABM.PG	
Message "HPRIM (v2.0)", de "LABM.PG", pour "G"		
Exprimer : HPRIM structuré Opérations		
✓ Libellé	Variable	Valeur
✓ INR Nom médicament	INR Nom médicament	Coumadine 2 mg
✓ INR Posologie	INR Posologie	1/2 - 1/4....
✓ Taux de Prothrom INR	Taux de Prothrombine (TP)	29
✓ I.N.R.	INR	2.8

Date	Titre	
29/11/2011	LABM.PG	
Message "HPRIM (v2.0)", de "LABM.PG", pour "I"		
Exprimer : HPRIM structuré Opérations		
✓ Libellé	Variable	Valeur
✓ INR Nom médicament	INR Nom médicament	Coumadine 2 mg
✓ INR Posologie	INR Posologie	1/2 comprimé par jour
✓ Taux de Prothrom INR	Taux de Prothrombine (TP)	35
✓ I.N.R.	INR	2.3



Ces compilations sont impossibles si le document PériCollect n'est pas intégré dans un document Biométrie ... *Domage non ?*

Date	INR	INR Posologie	INR Nom médicament
06/12/2011	2,80	1/2 - 1/4....	Coumadine 2 mg
29/11/2011	2,30	1/2 comprimé par jour	Coumadine 2 mg
24/11/2011	2,10	0.50/0.50/0.25	Coumadine 2 mg
21/11/2011	2,00	1/2 - 1/2 - 1/4	Coumadine 2 mg
17/11/2011	2,00	0.50/0.50/0.25	Coumadine 2 mg
14/11/2011	1,80	0.50/0.50/0.25	Coumadine 2 mg
10/11/2011	1,90	0.50/0.50/0.25	Coumadine 2 mg
11/11/2011	1,70	0.50/0.50/0.25	Coumadine 2 mg
11/11/2011	1,60	0.25/0.50/0.50	Préviscan
11/11/2011	1,60	0.25/0.5	Coumadine
11/11/2011	1,60	0.50/0.25	Coumadine 2 mg
11/11/2011	1,70	0.25/0.5	Coumadine 2 mg
11/11/2011	1,50	0.50/0.25	Coumadine 2 mg
11/11/2011	1,50	1/4 de comprimé par jour	Coumadine
11/11/2011	1,40	0,50mg = 1/4 CP DE 2 mg	Coumadine
11/11/2011	2,00	0,50 mg	Non communiqué

Date	Titre	
24/11/2011	LABM.PG	
Message "HPRIM (v2.0)", de "LABM.PG", pour "I"		
Exprimer : HPRIM structuré Opérations		
✓ Libellé	Variable	Valeur
✓ INR Nom médicament	INR Nom médicament	Coumadine 2 mg
✓ INR Posologie	INR Posologie	0.50/0.50/0.25
✓ Taux de Prothrom INR	Taux de Prothrombine (TP)	39
✓ I.N.R.	INR	2.1



Citation du jour :

**l'insertion systématique  
évitera de futurs déboires problématiques !**

*Le sage de service.*



**Encore merci  
aux correcteurs**



**Dr Pierre Blavier  
76**



**Dr Guillaume  
Grivelet  
80**



**Dr Gérard Hamonic  
35**



**Dr Sylvie Richard  
44**