GEKID PLUS Export Version 1.5

Anleitung

Anleitung Version 1.0

07.08.2014

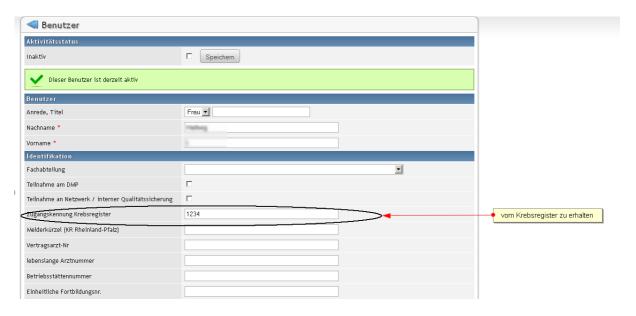
Inhalt

Voraussetzungen	3
Zugangskennung Krebsregister	3
Patientendaten	
Stammdaten	
Tumorstatus Formular	3
Meldung KR Formular	
Benötigte Formulare	
Der Export	5
Export starten	5
Export History	5
Listenansicht nach Start des Exports	6

Voraussetzungen

Zugangskennung Krebsregister

Jedem Melder, der einen Export durchführen will, muss eine Zugangskennung für das Krebsregister vorliegen. Diese erhalten Sie vom zuständigen Krebsregister. Tragen die die Kennung im entsprechenden Feld in den Vorlagen für den Benutzer ein:



Patientendaten

Um einen Patienten exportieren zu können müssen bestimmte Daten dokumentiert sein. Dies wird in den folgenden Abschnitten genauer beschrieben. Es muss mindestens eine "Erkrankung" unter einem Patienten angelegt werden. In dieser muss mindestens ein "Tumorstatus"-Formular und ein "Meldung KR"-Formular angelegt sein.

Stammdaten

In den Stammdaten müssen neben den Pflichtfeldern folgende Felder zusätzlich ausgefüllt sein:

- Geschlecht
- Adressdaten

Tumorstatus Formular

Im Tumorstatus Formular müssen neben den Pflichtfeldern folgende Felder zusätzlich ausgefüllt sein:

Morphologie

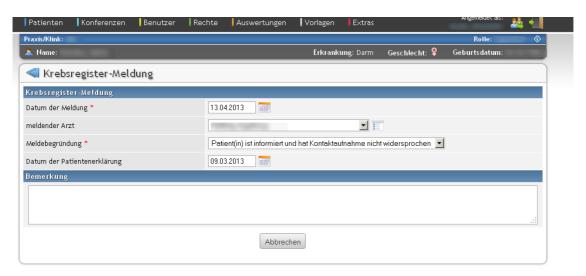
Es werden nur Fälle exportiert die eine Hauptdiagnose aus folgenden Bereichen haben:

C00.0 - C97.9 D00.0-D09.9 D32.0 - D33.9 D37.0 -D48.9 Q85.0 Z08.* Z51.1 / Z85.* Es werden des Weiteren nur Fälle exportiert, deren Morphologie-Code im Bereich 8000-9989 liegt und auf der /1, /2, /3, /6 oder 9 endet.

Es werden nur Fälle exportiert bei denen Anlass "Beurteilung Primärtumor" ist.

Meldung KR Formular

In jeder Erkrankung, die exportiert werden soll, muss mindestens ein Meldung KR Formular vollständig dokumentiert sein. Das Datum der Meldung wird beim Ausführen des Exportes berücksichtigt wenn der Datumsbereich ausgewählt wird.



Benötigte Formulare

Damit ein Fall überhaupt exportiert wird, müssen wie schon beschrieben, mindestens ein Tumorstatus- und Meldung KR Formular angelegt sein. Zur Datengewinnung für den Export werden noch weitere Formulare benutzt (sofern vorhanden):

Relevant für Abschnitt Melder

Hier werden die Daten aus dem Export-Formular herangezogen und die des meldenden Arztes.

Relevant für Abschnitt Patient

- Stammdaten

Relevant für Abschnitt Diagnose

- Tumorstatus

Relevant für Abschnitt Therapie

- Systemische Therapie
- Strahlentherapie
- Sonstige Therapie
- Eingriff Formular

Relevant für Todesdatum

- Abschluss

Der Export

Nachdem die Daten dokumentiert wurden, ist unter dem Reiter "Extras" am Abschnitt "Datenexport" der Button für den GEKID-Export aufzurufen:



Export starten

Hier muss der meldende Arzt sowie der Zeitraum des Exportes gewählt werden. Der gewählte Zeitraum bezieht sich auf das Datum der Meldung im Meldung KR Formular.



Export History

Hier sind alle in der Vergangenheit durchgeführten Exporte (seit Umstellung auf den neuen GEKID Plus Export mit AlcedisMED 4.0.31) aufgeführt.

Sie können alle Export-Dateien nochmals herunterladen durch Klicken auf den Button "Download".

Es besteht auch die Möglichkeit, den jeweils letzten Export komplett zu löschen.



Listenansicht nach Start des Exports

In der Listen-Ansicht werden alle exportierten und ggf. nicht exportierbaren Datensätze angezeigt.



Bei den nicht exportierbaren Datensätzen kann durch Klicken auf den Patientennamen die Fehlermeldung des Krebsregister-Schemafile bzw. der zusätzlichen Validierungen beim Export angezeigt werden. Ggf. muss also nach Korrekturen in der Dokumentation der Export erneut gestartet werden.

Nach Klicken auf "Exportieren" befindet sich die erstellte Export-Datei verlinkt zum Download. Diese ist ggf. zu verschlüsseln und auf dem vom Krebsregister vorgegebenen Wege dorthin zu übermitteln:



		1		1		T				T
GEKID Plus Export v2.0										
GERID_Flus Export V2.0										
Zur Implementierung ist des Coheme Fi	ile mu beceletemilli									
Zur Implementierung ist das Schema-Fi Caption	gekid_plus	Version 2.1	1							
Format	xml	VOIGION E.								
	In der Preselection wird der meldende Arzt aus dem DD ausgewählt; das DD enthält alle User die in einem Formular Meldung KR als									
	das DD enthält alle User die in meldender Arzt dokumentiert s	einem Form	ular Meldung KR als							
	Es werden nur die Datensätze		ählten meldenden Arztes	:						
	exportiert (nur die Erkrankunge	n mit Formu	lar Meldung KR bei							
	denen der entsprechende Arzt	als meldend	ler Arzt dokumentiert ist)							
	'Datum der Meldung von bis.									
	Bezieht sich auf "Datum der M		kr-Formular							
Preselection										
	ja									
Helpfile	(gekid_plus_help_conf_app.pd									
Helpine	"									
Settings unter Konfiguration in der Anwendung müssen	gesetzt sein für Funktionalität d	es Exportes	3							
	Alla a. Farmulana airad irrana.			(4 4 4 4 4	and the state of t					
Hinweise	zugeordnet ist!	der aktueller	n Erkrankung zugeordnet	(a.n. aerjeni	gen, der auch das EKR-Formular					
	Formulare anderer Erkrankung	en werden ni	icht berücksichtigt.							
	Es werden nur Patienten der al-	tuellen Orga		en Users exp	ortiert.					
	Der Export erfolgt im XML-Forr				2.7					
Basiskriterien	Exportiert wird immer ein Dater Es werden nur Patienten beach			s vorhanden S	Seite.					
	La werden nut Fattenten Deach	itot die 10igel	nac Kinenen ettülleti.							
	'Gültiges ekr Formular muss vo	rhanden seir	n und							
	es gibt einen tumorstatus der									
	tumorstatus mit 'anlass' = 'p' tumorstatus mit 'tumorstatus.sid	horungegrad	1' = 'ond'							
	wenn das mehrfach vorkommt,			nesten Datum	n oder					
	wenn kein 'tumorstatus.sicheru	ngsgrad' = 'e	nd' vorhanden, dann							
	aus tumorstatus mit 'tumorstatu	s.sicherungs	grad' = 'vor' und							
	tumorstatus 'diagnose' = C00.0 - C97									
	D00.0 - D09.9									
	D32.0 - D33.9									
	D37.0 - D48.9									
	Q85.0 Z08.*									
	Z51.1									
	Z85.*									
Erklärung Farblegende	reine Pfadangaben, keine									
Erklarung Farbiegende	Felder im Export									
	nicht vorhanden in MED 4									
path	Feld	cardinality	Feldtyp	Feldlänge	Datenbereich	Herkunft Formular	Herkunft Feld	Bedingungen	Funktionalität	Validierungen beim Export
/GEKID /GEKID/Melder		11		-	-					
/GEKID/Melder/Meldende_Stelle	Meldende_Stelle	01	xs:string	-	-	user (Vorlagen - Arzt)	kr_kennung	des Meldeusers aus Meldung KR-Formular		
						org	name	der aktiven org	Es wird die Bezeichnung der Organisation (Klinik)	
/GEKID/Melder/KH_Abt_Station_Praxis	KH_Abt_Station_Praxis	01	xs:string	-	+	user (Vorlagen - Arzt)	fitel	des Meldeusers aus Meldung KR-Formular	exportiert CONCAT_WS(' ', titel, u.vorname, u.nachname)	
		1				user (voriageri - Arzt)	vorname	ues ivielueusers aus ivieldung KR-Formulaf	CONCAT_VVS(, titel, d.vorname, d.nachname)	
/GEKID/Melder/Arztname	Arztname	11	xs:string	-	-		nachname			
OF ME ALL MARKET						org	strasse	der aktiven org	strasse . " " . Hausnr	
/GEKID/Melder/Anschrift /GEKID/Melder/Postleitzahl	Anschrift Postleitzahl	01	xs:string xs:token	- 1 - n	- (\d{5})?	org	hausnr plz	der aktiven org	+	
/GEKID/Melder/Ort	Ort	01	xs:string	Ė	-	org	ort	der aktiven org		
		1		I	((0[1-9]) ([12]\d) (3[01]))\.((0[1- 9]) (1[0-2]))\.20((0[89]) ([1-9]\d))		NOW		es wird das Datum zum Zeitpunkt des Exportes	
/GEKID/Melder/Meldedatum /GEKID/Daten	Meldedatum	11	xs:token	1 - n	9J) (1[0-2]))\.20((0[89]) ([1-9]\d))				exportiert	
/GEKID/Daten /GEKID/Daten/Patient		11		-	-					
/GEKID/Daten/Patient/Person		11		<u> </u>	-					
/GEKID/Daten/Patient/Person/Titel	Titel	01	xs:string	-	-	patient	titel			
/GEKID/Daten/Patient/Person/Vornamen /GEKID/Daten/Patient/Person/Nachname	Vornamen Nachname	11	xs:string xs:string	-	<u>-</u>	patient patient	vorname nachname		+	
/GEKID/Daten/Patient/Person/Namenszusatz	Namenszusatz	01	xs:string	-	-	-	-	nicht in MED		
/GEKID/Daten/Patient/Person/Fruehere_Namen	Fruehere_Namen	01	xs:string	-	-	-	-	nicht in MED		
/GEKID/Daten/Patient/Person/Geburtsname	Geburtsname	01	xs:string	+	-	patient	geburtsname	1	Codionung I boois googhihi	
/GEKID/Daten/Patient/Person/Geschlecht	Geschlecht	11	xs:token	1 - n	[MWU]	patient	geschlecht		Codierung: I_basic.geschlecht wenn leer: "U"	
		1		T	1 -1	patient	geburtsdatum	Format: TT.MM.JJJJ		<= DIAGNOSEDATUM
		1	1							<= TODAY
					i contract of the contract of	1	1		1	<= MELDEDATUM
					((0[1-9]) ([12]\d) (3[01]))\ ((0[1-					
//GEKID/Daten/Patient/Person/Geburtsdatum	Geburtsdatum	11	xs:token	1 - n	((0[1-9]) ([12]\d) (3[01]))\.((0[1- 9]) (1[0-2]))\.(19 20)\d\d					<= TODESDATUM >= 01.01.1900
/GEKID/Daten/Patient/Person/Geburtsdatum	Geburtsdatum	11	xs:token	1 - n	((0[1-9]) ([12]\d) (3[01]))\.((0[1- 9]) (1[0-2]))\.(19 20)\d\d	patient	strasse		Wenn Straße, HausNr und Postfix beim Melder	
//GEKID/Daten/Patient/Person/Geburtsdatum	Geburtsdatum	11	xs:token	1 - n	((0[1-9]))([12]\d))(3[01]))\.((0[1- 9]))(1[0-2]))\.(19 20)\d\d		strasse		in ungetrennter Form vorliegen und auch nicht	
/GEKID/Daten/Patient/Person/Geburtsdatum	Geburtsdatum	11	xs:token	1 - n	((0[1-9]))([12]\d))(3[01]))\.((0[1- 9]))(1[0-2]))\.(19 20)\d\d	patient Seite 1 von 10	strasse		in ungetrennter Form vorliegen und auch nicht leicht getrennt werden können, ist in diesem Feld	
		11		1 - n	((0[1-9])((12]\d))(3[01]))\((0[1-9])(1[0-2]))\(19 20)\d\d		strasse		in ungetrennter Form vorliegen und auch nicht	
/GEKID/Daten/Patient/Person/Geburtsdatum /GEKID/Daten/Patient/Person/Strasse	Geburtsdatum Strasse	11	xs:token xs:string	1 - n	((0[1-9])((12]\d))(3[01]))\(((0[1-9])(1[0-2]))\((19]20)\d\d		strasse		in ungetrennter Form vorliegen und auch nicht leicht getrennt werden können, ist in diesem Feld die ungetrennte Zeichenkette einzutragen. Die	

	le		In the	e	ID / 1 11				- · · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	
path	Feld	cardinality	/ Feldtyp	Feldlänge	Datenbereich	Herkunft Formular	Herkunft Feld	Bedingungen	Funktionalität	Validierungen beim Export
						patient	hausnr		wenn nicht in der	
									Straße angegeben	
									numerischen Anteil aus hausnr verwenden	
									Beispiel: "24a" dokumentiert, dann wird hier "24"	
/GEKID/Daten/Patient/Person/Hausnummer	Hausnummer	11	xs:positiveInteger	1 - n	-				exportiert	
						patient	hausnr		Zeichen hinter der	
									Hausnummer.	
									Beispiel:	
									Bei "Teststr. 18-22 a-d" wird hier "-22 a-d"	
									eingetragen.	
									nicht-numerischen Anteil (nach der Zahl) aus	
									hausnr verwenden	
									Beispiel: Bei "Teststr. 18-22 a-d" wird hier "-22 a-	
/GEKID/Daten/Patient/Person/Postfix	Postfix	11	xs:string	1 - 10	-				d" eingetragen.	
/GEKID/Daten/Patient/Person/Postleitzahl	Postleitzahl	11		1 - 10	-	patient	plz			
/GEKID/Daten/Patient/Person/Ort	Ort	11	xs:string	-	-	patient	ort			
						abschluss	todesdatum	Format: TT.MM.JJJJ		> GEBURTSDATUM
										>= DIAGNOSEDATUM <= TODAY
										<= MELDEDATUM
/GEKID/Daten/Patient/Person/Todesdatum	Todesdatum	11	Datum_Tod_Typ	1 - n	-					>= 01.01.1985
					1	abschluss	tod_ursache		Beispiel:	
							tod_ursache_text		"I46.9: Sonstige Formen der Herzkrankheit:	
/GEKID/Daten/Patient/Person/Todesursache	Todesursache	01	xs:string	-	-	1			Herzstillstand, nicht näher bezeichnet"	
			1		1	ekr	meldebegruendung	je nach Bundesland unterschiedlich	keine Codierung notwendig, da MED die GEKID-	1
/CEVID/Datas/Batiant/Barnes/Mandahanasadara	Moldoboggu	1 1	waitakan	1 1	IADENAMI			(siehe I_basic.kr_meldetyp und Tabellenblatt	Codes verwendet	1
/GEKID/Daten/Patient/Person/Meldebegruendung /GEKID/Daten/Patient/Tumor	Meldebegruendung	11	xs:token	1 - 1	[ADEIVW]			Meldebegründungen)		
/GEKID/Daten/Patient/Tumor /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Referenznummer	Referenznummer	11	xs:string	- 1 - n		patient	patient_nr			
OEIND/Bacilli auche ramo//tererenzhammer	recenzation	11	A3.5tring	1 - 11		histologie ->	patient_ni	Format: TT	Es wird die früheste Histologie oder Zytologie	
			1		1	untersuchung/eingriff	datum		des Anlasses gesucht, als Diagnosedatum wird	1
			1		1			aus Datumsfeld in MED der Tag	dann das Datum der zugrundeliegenden	1
			1		1	zytologie ->			Untersuchung bzw. des zugrundeliegenden	1
						untersuchung/eingriff	datum		Eingriffes exportiert.	
						tumorstatus	datum_sicherung		Ist keine Histologie oder Zytologie bzw. keine	
									zugrundeliegende Untersuchung oder Eingriff dokumentiert, wird aus dem Feld "Datum der	
									Sicherung" des zeitlich frühesten Formulares	
									"Tumorstatus" des Anlasses das Datum als	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Diagnosetag	Diagnosetag	11	xs:nonNegativeInteger	1 - n	-				Diagnosedatum exportiert.	
						histologie ->		Format: MM	Es wird die früheste Histologie oder Zytologie	
						untersuchung/eingriff	datum		des Anlasses gesucht, als Diagnosedatum wird	
								aus Datumsfeld in MED der Monat	dann das Datum der zugrundeliegenden	
						zytologie ->			Untersuchung bzw. des zugrundeliegenden	
						untersuchung/eingriff	datum		Eingriffes exportiert.	
						tum oratatus	datum ajahanung		lat kojna Histologia adar 7 dalagia baw kojna	
						tumorstatus	datum_sicherung		Ist keine Histologie oder Zytologie bzw. keine zugrundeliegende Untersuchung oder Eingriff	
									dokumentiert, wird aus dem Feld "Datum der	
									Sicherung" des zeitlich frühesten Formulares	
									"Tumorstatus" des Anlasses das Datum als	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Diagnosemonat	Diagnosemonat	11	xs:nonNegativeInteger	1 - n	-				Diagnosedatum exportiert.	
			1		1	histologie ->	1	Format: JJJJ	Es wird die früheste Histologie oder Zytologie	>= Geburtsjahr
			1		1	untersuchung/eingriff	datum	aug Datumafald in MED des Jets	des Anlasses gesucht, als Diagnosedatum wird	<= Todesjahr
			1		1	zytologie ->		aus Datumsfeld in MED das Jahr	dann das Datum der zugrundeliegenden Untersuchung bzw. des zugrundeliegenden	<= Melde_Jahr >= 1985 -1990
						untersuchung/eingriff	datum		Eingriffes exportiert.	2- 1969- 1990
			1		1	a.norodonany/emyilli	GGGGIII		Engines experient.	1
			1		1	tumorstatus	datum_sicherung		Ist keine Histologie oder Zytologie bzw. keine	1
			1		1		_ ~		zugrundeliegende Untersuchung oder Eingriff	1
			1		1				dokumentiert, wird aus dem Feld "Datum der	1
	1		I		1	1			Sicherung" des zeitlich frühesten Formulares	1
/CEKID/Datas/Batiant/Tumor/Dii-h-	Diagnossish-	1 1	vo:positivo!-t	1 n	1				"Tumorstatus" des Anlasses das Datum als	1
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Diagnosejahr	Diagnosejahr	11	xs:positiveInteger	1 - n	- C00.0 - C97	tumorstatus	diagnose	BEDINGUNG 1: aus Tumorstatus mit Anlass	Diagnosedatum exportiert.	Feld muss ausgefüllt sein
					D00.0 - D09.9	tumorstatus	diagnose	"Beurteilung Primärtumor" mit Sicherungsgrad		reid muss ausgerum sem
			1		D32.0 - D33.9			"endgültig", falls nicht vorhanden zeitlich neuester m	t	1
	1		I		D37.0 - D48.9	1		Sicherungsgrad "vorläufig"		1
			1		Q85.0					1
			1		Z08.*					1
		1	1		Z51.1	1				1
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/ICD	ICD	11	xs:string	1 - n	Z85.*	 	1	DEDINGUIS 4		
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Diagnose_Freitext	Diagnose_Freitext	11	xs:string	1 - 254	-	tumorstatus	diagnose_text	BEDINGUNG 1		1
			1		1	tumorstatus	morphologie	BEDINGUNG 1		1
			1		1			Bitte beachten: auch Fälle ohne Morphologie werder	1	1
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Morphologie_Code	Morphologie_Code	01	xs:string	1 - 6	8000-9989; /0,/1,/2,/3,/6,/9	1		exportiert!		1
, -						tumorstatus	morphologie_text	BEDINGUNG 1		
			1		1		1			1
			1	l.	1			Bitte beachten: auch Fälle ohne Morphologie werder	ו	1
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Morphologie_Freitext	Morphologie_Freitext	11	xs:string	1 - n	-	1	1	exportiert!	I	
			1		1	tumorstatus	morphologie	BEDINGUNG 1	Die Ziffer, die rechts von "/" steht	
			1		1				Reionial: delaymentiad i-t #0000/01 "0"	1
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Dignitaet	Dignitaet	1 1	xs:string	1 - 1	0,1,2,3,/6,/9				Beispiel: dokumentiert ist "8099/2", dann "2" exportieren	1
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/ICD Auflage	ICD_Auflage	01	xs:string	-	-	+		10	immer "10" exportieren	1
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Topographie_Code	Topographie_Code	11		1 - 5	C00.0 - C80.9	Seite 2 von 10 tumorstatus	lokalisation	BEDINGUNG 1	falls leer: I_exp_diagnose to lokalisation	1
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/ICDO_Auflage	ICDO_Auflage	01	xs:string	-	-			3	immer "3" exportieren	†
atom atom ramonopo_natage	.000_1.01090	10			1			ΥI	пино о охронистон	1

path										
Ī	Feld	cardinality	Feldtyp	Feldlänge	Datenbereich	Herkunft Formular	Herkunft Feld	Bedingungen		/alidierungen beim Export
					1=gut differenziert	tumorstatus	grading	BEDINGUNG 1	Codierung nur für G notwendig, siehe I_basic.g	
					2=mäßig differenziert					
					3=schlecht differenziert				wenn leer: "U" exportieren	
					4=undifferenziert/annapl.				· ·	
					X=nicht bestimmbar					
					L=low grade (G1 oder G2)					
					M=intermediate (G2 oder G3)					
					H=high grade (G3 oder G4)					
					G=Grenzfall bzw. Borderline					
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Grading	Grading	11	xs:string		1 U=unbekannt					
					T=T-Zell-Typ	tumorstatus	immun_phaenotyp	BEDINGUNG 1	keine Codierung notwendig, da MED die GEKID-	
					B=B-Zell-Typ				Codes verwendet	
					N=Null-Zell-Typ			Nur wenn Erkrankung "Sonstiger nicht solider		
					K=Natural-Killer-Zell-Typ			Tumor" oder "Lymphom"	wenn leer: "U" exportieren	
					X=nicht bestimmbar			Tamor Gadi Eyripilom	политови. С охронавтоп	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Zelltyp	Zelltyp	1 1	xs:string	1 1	U=unbekannt					
/GENID/Daten/Fatient/Turnor/Zentyp	Zeiityp	In I	xs.striig	1-1			1, ,,	DEDINOUNG 4		
					1=klinisch ohne spez. Diagnostik	tumorstatus	diagnosesicherung	BEDINGUNG 1	wenn Morphologie vorhanden und lokalisation ist	
					2=klinische Diagnostik		morphologie		nicht "C80.9" und Code endet auf /0 , /1, /2 oder	
					4=spez. Tumormaker		lokalisation	Codierung: siehe l_basic.diagnosesicherung	/3: "7"	
					5=Zytologie					
					6=Histologie Metastase			wenn diagnosesicherung nicht dokumentiert: siehe	wenn Morphologie vorhanden und lokalisation ist	
					7=Histologie Primärtumor			Funktionalität	"C80.9" und Code endet auf /3: "6"	
					8=Sonstige					
			1	1	9=Unbekannt	1	1		Land many state of the state of	
1			1	1		1	1		sonst: wenn mind. ein Formular Zytologie	
1			1	1		1	1		vorhanden: "5"	
1			1	1		1	1		[
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Diagnosesicherung	Diagnosesicherung	11	xs:string	1 - 1		1	1		sonst:" 9"	
					E=Eigenuntersuchung	anamnese	entdeckung	aus zeitlich ältestem Anamnese-Formular im	Codierung: siehe I_basic.entdeckung	
			1	1	(Selbstuntersuchung)	1		Zeitraum des Anlasses Primärtumor	3	
1				1	F=gesetzl. Früherkennung	1	1	aun doo, madood / minartamor	wenn leer: "U" exportieren	
1			1	1		1	1		монност. О съронетен	
1				1	V=nicht gesetzl Vorsorge	1	1		į l	
1				1	A=Anamnese	1	1		į l	
1			1	1	N=Nachsorge	1	1		į l	
1			1	1	T=Tumorsymptomatik	1	1		į l	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Diagnoseanlass	Diagnoseanlass	11	xs:string	1 - 1	U=Unbekannt	<u> </u>	<u> </u>		<u> </u>	
· ·			i	1	(L=links	tumorstatus	lokalisation_seite	BEDINGUNG 1	keine Codierung notwendig, da MED die GEKID-	
1			1	1	R=rechts				Codes verwendet	
							di		Codes verwender	
					B=beidseits		diagnose_seite	wenn lokalisation_seite nicht gefüllt, dann beachte		
					T=Trifft nicht zu			diagnose_seite	wenn lokalisation dokumentiert, aber	
					U=unbekannt				lokalisation_seite leer: "T"	
1			1	1		1	1		į l	
1				1		1	1		wenn lokalisation und lokalisation_seite nicht	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Seitenlokalisation	Seitenlokalisation	11	xs:string	1 - 1		1	1		dokumentiert: "U"	
			1	+	I=in situ	tumorstatus	tumorausbreitung	BEDINGUNG 1	wenn leer: "U" exportieren	
1			1	1	L=lokal	tariiorotatuo	aorausorciturig	52511001101		
1			1	1		1		0 5 1 16 5	1	
1			1	1	R=regional	1		Codierung: siehe Kodierungsreferenz	[
1			1	1	F=Fernmetastasen	1			[
					S=Systemerkrankung					
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Grobstadium	Grobstadium	11 1	xs:string	1 - 1						
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/y		La. I			U=unbekannt					
	у	11	xs:string	1 - 1	y = nach Therapie	tumorstatus	tnm_praefix	BEDINGUNG 1	wenn "y" oder "yr" dokumentiert: "y"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y r	11	xs:string	1 - 1						
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y r a		xs:string xs:string		y = nach Therapie r = Rezidiv	tumorstatus	tnm_praefix	BEDINGUNG 1	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r"	
	y r a	11	xs:string	1 - 1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch	tumorstatus tumorstatus		BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y r a	11	xs:string xs:string	1 - 1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische	tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y r a	11	xs:string xs:string	1 - 1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation	tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y r a	11	xs:string xs:string	1 - 1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y r a	11	xs:string xs:string	1 - 1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation	tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y r a	11	xs:string xs:string	1 - 1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus Imm_praefix	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y r a	11	xs:string xs:string	1 - 1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y a a	11	xs:string xs:string	1 - 1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus Imm_praefix	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y r a	11	xs:string xs:string	1 - 1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "yr" oder "ir" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y a	11	xs:string xs:string	1 - 1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tum praefix incht mit "y", "y" oder "r"	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y r a	11	xs:string xs:string	1 - 1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix nicht mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y c a	11	xs:string xs:string	1 - 1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tum praefix incht mit "y", "y" oder "r"	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y r a	11	xs:string xs:string	1 - 1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix incht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden).	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y c a	11	xs:string xs:string	1 - 1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix nicht mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel:	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y r a	11	xs:string xs:string	1 - 1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus Imm_praefix mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem Imm_praefix incht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0"	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y c a	11	xs:string xs:string	1 - 1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix nicht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y r a	11	xs:string xs:string	1 - 1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus Imm_praefix mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem Imm_praefix incht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0"	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y r a	11	xs:string xs:string	1 - 1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix nicht mit "y", "y" oder "" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y r a	11	xs:string xs:string	1 - 1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm. praefix incht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne tnm_praefix)	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p"	
(GEKID/Daten/Patient/Tumor/r (GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	y r a a a a a a a a a a a a a a a a a a	11	xs:string xs:string xs:string	1-1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix nicht mit "y", "y" oder "" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r	y r a	11	xs:string xs:string	1 - 1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix int mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne tnm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T)	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	y r a a a a a a a a a a a a a a a a a a	11	xs:string xs:string xs:string	1-1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm. praefix incht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne tnm_praefix)	wenn "yr" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	y r a la l	11	xs:string xs:string xs:string	1-1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus Imm_praefix mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tum praefix incht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne tnm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c"	
(GEKID/Daten/Patient/Tumor/r (GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	y r a la l	11	xs:string xs:string xs:string	1-1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm. praefix incht mit "y", "y" oder t" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "CT1" dokumentiert (ohne tmn_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	y r a a a a a a a a a a a a a a a a a a	11	xs:string xs:string xs:string	1-1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix nicht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne tnm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" obkumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c" Codierung: _basic.ct, _basic.pt	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	y r a la l	11	xs:string xs:string xs:string	1-1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix nicht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne tnm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" obkumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c" Codierung: _basic.ct, _basic.pt	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	y r a a a a a a a a a a a a a a a a a a	11	xs:string xs:string xs:string	1-1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondem zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix incht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne tnm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus condem zeitlich neuester davor	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" obkumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c" Codierung: _basic.ct, _basic.pt	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	y r a la l	11	xs:string xs:string xs:string	1-1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix nicht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "CT1" dokumentiert (ohne tnm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix int mit "y", "y" oder "r"	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" obkumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c" Codierung: _basic.ct, _basic.pt	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	y r a a a a a a a a a a a a a a a a a a	11	xs:string xs:string xs:string	1-1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm praefix incht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne tnm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix nicht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix nicht mit "y", "y" oder "dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" obkumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c" Codierung: _basic.ct, _basic.pt	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	y r a la l	11	xs:string xs:string xs:string xs:string	1-1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix nicht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "CT1" dokumentiert (ohne tnm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix int mit "y", "y" oder "r"	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" obkumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c" Codierung: _basic.ct, _basic.pt	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	Praefix_TNM	11	xs:string xs:string xs:string	1-1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus tumorstatus	Inm praefix t tm_praefix t tm_praefix	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus Imm_praefix mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tum praefix incht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne tnm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix nicht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden).	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c" wenn t mit "p" wen	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	y r a a a a a a a a a a a a a a a a a a	11	xs:string xs:string xs:string xs:string	1-1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus tumorstatus	tnm_praefix tnm_praefix t	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm praefix incht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne tnm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix nicht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix nicht mit "y", "y" oder "dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" obkumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c" Codierung: _basic.ct, _basic.pt	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	Т	11	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1-1 1-1 1-1	y = nach Therapie f = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassfikation p=postoperative histopathologische Klassfikation	tumorstatus tumorstatus tumorstatus	Inm praefix t tm_praefix t tm_praefix	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus Imm_praefix mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tum praefix incht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne tnm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix nicht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden).	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c" wenn t mit "p" wen	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	y r a a a a a a a a a a a a a a a a a a	11	xs:string xs:string xs:string xs:string	1-1	y = nach Therapie r = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassifikation p=postoperative histopathologische	tumorstatus tumorstatus tumorstatus	Inm praefix t tm_praefix t tm_praefix	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus Imm_praefix mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tum praefix incht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne tnm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix nicht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden).	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c" wenn t mit "p" wen	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	Т	11	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1-1 1-1 1-1	y = nach Therapie f = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassfikation p=postoperative histopathologische Klassfikation	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	Inm praefix t tm_praefix t tm_praefix	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Turnorstatus Inm_praefix mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Turnorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tum praefix nicht nit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Turnorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Turnorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne tnm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Turnorstatus Inm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Turnorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix nicht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). BEDINGUNG 1	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c" wenn t mit "c" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	Т	11	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1-1 1-1 1-1	y = nach Therapie f = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassfikation p=postoperative histopathologische Klassfikation	tumorstatus tumorstatus tumorstatus	Inm praefix t tm_praefix t tm_praefix	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus Imm_praefix mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tum praefix incht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne tnm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix nicht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden).	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	Т	11	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1-1 1-1 1-1	y = nach Therapie f = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassfikation p=postoperative histopathologische Klassfikation	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	Inm praefix t tm_praefix t tm_praefix	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus Imm_praefix mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem Imm_praefix incht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne Imm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus Imm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert davor in dem Imm_praefix nicht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). BEDINGUNG 1	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c" wenn t mit "c" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	Т	11	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1-1 1-1 1-1	y = nach Therapie f = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassfikation p=postoperative histopathologische Klassfikation	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	Inm praefix t tm_praefix t tm_praefix	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix incht mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne tnm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c" wenn t mit "c" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	Т	11	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1-1 1-1 1-1	y = nach Therapie f = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassfikation p=postoperative histopathologische Klassfikation	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	Inm praefix t tm_praefix t tm_praefix	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus Imm_praefix mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem trmm_praefix incht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne tmm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tmm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondem zeitlich neuester davor in dem tnm. praefix incht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). BEDINGUNG 1 Wenn im zeitllich neuesten Tumorstatus tmm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c" wenn t mit "c" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	Т	11	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1-1 1-1 1-1	y = nach Therapie f = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassfikation p=postoperative histopathologische Klassfikation	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	Inm praefix t tm_praefix t tm_praefix	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus Imm_praefix nicht it;", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tum praefix nicht mit;", "yr" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "p pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne nm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus Imm_praefix diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem 1 mm_praefix nicht mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus Imm_praefix mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem ty", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem ty", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in tiet vij", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in in icht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in icht diesen Tumorstatus sondern zeitlich neuester davor in icht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in icht diesen Tumorstatus sondern zeitlich neuester davor in dem in icht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem in icht diesen Tumorstatus, sondern zeitl	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c" wenn t mit "c" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	Т	11	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1-1 1-1 1-1	y = nach Therapie f = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassfikation p=postoperative histopathologische Klassfikation	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	Inm praefix t tm_praefix t tm_praefix	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus Imm_praefix mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem trmm_praefix incht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne tmm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tmm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondem zeitlich neuester davor in dem tnm. praefix incht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). BEDINGUNG 1 Wenn im zeitllich neuesten Tumorstatus tmm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c" wenn t mit "c" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	Т	11	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1-1 1-1 1-1	y = nach Therapie f = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassfikation p=postoperative histopathologische Klassfikation	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	Inm praefix t tm_praefix t tm_praefix	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm praefix nicht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "y pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne tnm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix int mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix mit "y", "y" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tnm_praefix incht mit "y", "y" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden).	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c" wenn t mit "c" beginnt: "p"	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/r /GEKID/Daten/Patient/Tumor/a	Т	11	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1-1 1-1 1-1	y = nach Therapie f = Rezidiv a = autoptisch c=prätherapeutische klinische Klassfikation p=postoperative histopathologische Klassfikation	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	Inm praefix t tm_praefix t tm_praefix	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Nur exportieren wenn ein Wert bei T dokumentiert Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus Imm_praefix nicht it;", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem tum praefix nicht mit;", "yr" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). Beispiel: Tumorstatus vom 12.05.2013 ist "p pT0" dokumentiert Tumorstatus vom 01.02.2013 ist "cT1" dokumentiert (ohne nm_praefix) dann exportiere: "c" (und "1" bei dem Feld T) BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus Imm_praefix diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem 1 mm_praefix nicht mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert und in dem t dokumentiert ist (wenn vorhanden). BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus Imm_praefix mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem ty", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem ty", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in tiet vij", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in in icht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in icht diesen Tumorstatus sondern zeitlich neuester davor in icht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in icht diesen Tumorstatus sondern zeitlich neuester davor in dem in icht diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor in dem in icht diesen Tumorstatus, sondern zeitl	wenn "y" oder "r" dokumentiert: "r" wenn "a" dokumentiert: "a" wenn t mit "p" beginnt: "p" wenn t mit "c" beginnt: "c" wenn t mit "c" beginnt: "p"	

			1=	1	T=	Ta	T	T		
path	Feld	cardinality	y Feldtyp	Feidlange	Datenbereich	Herkunft Formular tumorstatus	Herkunft Feld	BEDINGUNG 1	Funktionalität Codierung: I_basic.cm, I_basic.pm	Validierungen beim Export
						turnorstatus	""	BEDINGONG I	Codierung. I_basic.cm, I_basic.pm	
								Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix		
								mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht		
								diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor		
								in dem tnm_praefix nicht mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert und in dem m dokumentiert ist (wenn		
								vorhanden).		
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/M	М	11	xs:string	1 - n	-			1-		
					RX; R0; R1; R2	tumorstatus	r	BEDINGUNG 1	Codierung: I_basic.r	
IOFICID ID-4 ID-4ID		1 1		1 - n						
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/R	R	11	xs:string	1 - n	+	tumorstatus	uicc	BEDINGUNG 1	Codierung: I_basic.uicc	
						tumorstatus	uico	BEDINGONG 1	Oddiciang. I_basic.dicc	
								Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix		
								mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht		
					0; 0A, 0IS; I; IA; IA1; IA2; IB; IB1; IB2; IC: IIA: IIA1; IIA2; IIB; IIC; III;			diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor		
					IIIA; IIIB; IIIC; IIIC1; IIIC2; IV; IVA;			in dem tnm_praefix nicht mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert und in dem uicc dokumentiert ist (wenn		
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/UICC_Stadium	UICC Stadium	11	xs:string	1 - n	IVB; IVC			vorhanden).		
_							6 oder 7: siehe Funktionalität	nur exportieren wenn mindestens t oder n oder m	Für alle Formulare mit "Datum der Sicherung" bis	
								gefüllt ist	einschließlich 31.12.2009: "6" exportieren	
									E/a alla E-annidana anti IIDatana dan Ciatana anti at	
									Für alle Formulare mit "Datum der Sicherung" ab 01.01.2010: "7" exportieren	
					1				o	
									Formular bezieht sich auf das Formular	
	L				1				Tumorstatus, aus dem auch das Feld T geholt	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/TNM_Auflage	TNM_Auflage	01	xs:string	-	+	ttt-	<u> </u>	DEDINOUNO 4	wird.	
					1	tumorstatus	groesse_x	BEDINGUNG 1	den größten dokumentierten Wert exportieren	
					1		groesse_y groesse_z	Wenn im zeitlich neuesten Tumorstatus tnm_praefix	Beispiel: "3x6x5" dokumentiert: "6" exportieren	
					1		5. 2 3000_2	mit "y", "yr" oder "r" dokumentiert, dann nimm nicht	donamonate o expenseren	
					1			diesen Tumorstatus, sondern zeitlich neuester davor		
					1			in dem tnm_praefix nicht mit "y", "yr" oder "r"		
					1			dokumentiert und in dem mind eine groesse_* dokumentiert ist (wenn vorhanden).		
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Tumorgroesse	Tumorgroesse	11	xs:string	1 - n	<u> </u> -			donamentiert ist (werin vollfalluell).		
			1	T	1	histologie_einzel	tumordicke		Wenn mehrere Einzelhistologien im Zeitraum des	
	L .		1	1.	1	1			Anlasses mit einem Wert: höchsten Wert	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Breslow	Breslow	11	xs:string	1 - n	+	tum orototu-	alegaent	PEDINCUNC 4	nehmen	
					1	tumorstatus	gleason1 gleason2	BEDINGUNG 1	tumorstatus.gleason1 + tumorstatus.gleason2 Beispiel:	
					1		9.0000112		3b + 4 wird zu "7b" im Export	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Gleason_Score	Gleason_Score	11	xs:string	1 - n	-					
						tumorstatus	wenn ann_arbor_stadium nicht leer:	BEDINGUNG 1	Keine Leerzeichen zwischen den Codierungen!	
		1				turriorstatus				
						tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium,		Bei ann_arbor nur die Hauptstadien I bis IV	
						tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad,		exportieren, ohne "/" und alles was nach "/"	
						tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch)		exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt!	
						tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad,		exportieren, ohne "/" und alles was nach "/"	
						tanoistates	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cll_rai falls nicht leer sonst cll_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer		exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen:	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Andere_Klassifikation	Andere_Klassifikation	11	xs:string	1 - n	- NG a slott boolingst		CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cll_rai falls nicht leer sonst cll_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer		exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hiniter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon	
/GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Andere_Klassifikation	Andere_Klassifikation	11	xs:string	1 - n	- NB = nicht bestimmt	tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cll_rai falls nicht leer sonst cll_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer	BEDINGUNG 1	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hiniter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70")	Wert darf nicht über 100 liegen
	Andere_Klassifikation Oestrogen_Status	11	xs:string	1 - n			CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cll_rai falls nicht leer sonst cll_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer		exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hiniter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon	Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Andere_Klassifikation /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ		01			positiv negativ 0-100		CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cll_rai falls nicht leer sonst cll_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer		exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hiniter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70")	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status	Oestrogen_Status	01	xs:string	1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt	tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cll_raif falls nicht leer sonst cll_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer	BEDINGUNG 1	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70")	
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ	Oestrogen_Status Oestrogen_pos_TZ	01	xs:string xs:string	1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv	tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binef falls nicht leer sonst durie salmon falls nicht leer sonst durie salmon falls nicht leer estro_urteil	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70")	Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status	Oestrogen_Status	11 01 01	xs:string	1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt	tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binef falls nicht leer sonst durie salmon falls nicht leer sonst durie salmon falls nicht leer estro_urteil	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren	Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Oestrogen_pos_TZ /GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Progesteron_Status	Oestrogen_Status Oestrogen_pos_TZ Progesteron_Status	01	xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ	tumorstatus tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cll_raif falls nicht leer sonst cll_binet falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer estro_urteil	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Oestrogen_pos_TZ /GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Progesteron_Status	Oestrogen_Status Oestrogen_pos_TZ Progesteron_Status	01	xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer estro_urteil	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") codierung: I_basic.her2	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Oestrogen_pos_TZ /GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Progesteron_Status	Oestrogen_Status Oestrogen_pos_TZ Progesteron_Status	01	xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer estro_urteil	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hiniter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70")	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_pos_TZ	Oestrogen Status Oestrogen pos TZ Progesteron Status Progesteron_pos_TZ	01	xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer estro_urteil	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") codierung: I_basic.her2	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Oestrogen_pos_TZ /GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Progesteron_Status	Oestrogen_Status Oestrogen_pos_TZ Progesteron_Status	01	xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer estro_urteil	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") codierung: I_basic.her2	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Oestrogen_pos_TZ /GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Progesteron_Status /GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Progesteron_pos_TZ /GEKID/Daten/Patienl/Tumor/HER2_Status	Oestrogen_Status Oestrogen_pos_TZ Progesteron_Status Progesteron_pos_TZ HER2_Status	01	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt 0 1+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt positiv	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer estro_urteil	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") codierung: I_basic.her2	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_pos_TZ	Oestrogen Status Oestrogen pos TZ Progesteron Status Progesteron_pos_TZ	01	xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt 0 1+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt positiv negativ	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer estro_urteil	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") Codierung: L'basic.her2 wenn leer: "NB"	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Oestrogen_pos_TZ /GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Progesteron_Status /GEKID/Daten/Patienl/Tumor/Progesteron_pos_TZ /GEKID/Daten/Patienl/Tumor/HER2_Status	Oestrogen_Status Oestrogen_pos_TZ Progesteron_Status Progesteron_pos_TZ HER2_Status	01	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt 0 -100 1+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt positiv negativ J= Ja	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer estro_urteil	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 nicht in MED nur Eingriffe im Zeitraum des Anlasses beachten, bei	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") Codierung:basic.her2 wenn leer: "NB" wenn mind. 1 Datensatz vorhanden: "J"	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/HER2_Status	Oestrogen_Status Oestrogen_pos_TZ Progesteron_Status Progesteron_pos_TZ HER2_Status ISH_Analyse	01	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt 0 1+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt positiv negativ under the testimmt Under the testimmt Under the test	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer estro_urteil	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 nicht in MED nur Eingriffe im Zeitraum des Anlasses beachten, bei denen	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") Codierung: L'basic.her2 wenn leer: "NB"	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/HER2_Status	Oestrogen_Status Oestrogen_pos_TZ Progesteron_Status Progesteron_pos_TZ HER2_Status	01	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt 0 -100 1+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt positiv negativ J= Ja	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer estro_urteil	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 nicht in MED nur Eingriffe im Zeitraum des Anlasses beachten, bei	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") Codierung:basic.her2 wenn leer: "NB" wenn mind. 1 Datensatz vorhanden: "J"	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/HER2_Status	Oestrogen_Status Oestrogen_pos_TZ Progesteron_Status Progesteron_pos_TZ HER2_Status ISH_Analyse	01	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt 0 11+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt positiv negativ U-Ja Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer estro_urteil estro_prog_urteil prog_urteil	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Dicht in MED Inicht in MED In	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bep.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") Codierung: [_basic.her2 wenn leer: "NB" wenn mind. 1 Datensatz vorhanden: "J" sonst: "N" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J"	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/HER2_Status	Oestrogen_Status Oestrogen_pos_TZ Progesteron_Status Progesteron_pos_TZ HER2_Status ISH_Analyse	01	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt 0 1+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt positiv negativ 1= Ja N-Nein J= Ja N-Nein J= Ja	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_akthvitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst duie salmon falls nicht leer sonst durie salmon falls nicht leer estro_urteil estro prog_urteil prog her2 vorlage_therapie_id ->	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 nicht in MED nur Eingriffe im Zeitraum des Anlasses beachten, bei denen art primaertumor = 1 oder art. metastasen = 1 nur Strahlentherapien und systemische Therapien beachten die im Zeitraum des Anlasses liegen und	exportieren, ohne "" und alles was nach "" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") Codierung: L_basic.her2 wenn leer: "NB" wenn mind. 1 Datensatz vorhanden: "J" sonst: "N" min. 1 Strahlentherapie oder systemische	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/HER2_Status	Oestrogen_Status Oestrogen_pos_TZ Progesteron_Status Progesteron_pos_TZ HER2_Status ISH_Analyse	01	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt 0 11+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt positiv negativ U-Ja Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_akthvitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst duie salmon falls nicht leer sonst durie salmon falls nicht leer estro_urteil estro prog_urteil prog her2 vorlage_therapie_id ->	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Inicht in MED Ini	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bep.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") Codierung: [_basic.her2 wenn leer: "NB" wenn mind. 1 Datensatz vorhanden: "J" sonst: "N" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J"	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/HER2_Status	Oestrogen_Status Oestrogen_pos_TZ Progesteron_Status Progesteron_pos_TZ HER2_Status ISH_Analyse	01	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt 0 11+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt positiv negativ U-Ja Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_akthvitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst duie salmon falls nicht leer sonst durie salmon falls nicht leer estro_urteil estro prog_urteil prog her2 vorlage_therapie_id ->	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 nicht in MED nur Eingriffe im Zeitraum des Anlasses beachten, bei denen art, primaertumor = 1 oder art, metastasen = 1 nur Strahlentherapien und systemische Therapien beachten die im Zeitraum des Anlasses liegen und bei denen vorlage, therapie, art ist "Alleinige Strahlentherapie (st)", "Chemo-/Immuntherapie (ci)", "Chemo-/Radiotherapie (sci)", "Immun-	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bep.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") Codierung: [_basic.her2 wenn leer: "NB" wenn mind. 1 Datensatz vorhanden: "J" sonst: "N" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J"	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ //GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_Status //GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_pos_TZ //GEKID/Daten/Patient/Tumor/HER2_Status //GEKID/Daten/Patient/Tumor/ISH_Analyse //GEKID/Daten/Patient/Tumor/Operation	Oestrogen Status Oestrogen pos TZ Progesteron Status Progesteron pos TZ HER2 Status ISH Analyse Operation	01	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt 0 11+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt positiv negativ U-Ja Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_akthvitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst duie salmon falls nicht leer sonst durie salmon falls nicht leer estro_urteil estro prog_urteil prog her2 vorlage_therapie_id ->	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Inicht in MED Ini	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bep.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") Codierung: [_basic.her2 wenn leer: "NB" wenn mind. 1 Datensatz vorhanden: "J" sonst: "N" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J"	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/HER2_Status	Oestrogen_Status Oestrogen_pos_TZ Progesteron_Status Progesteron_pos_TZ HER2_Status ISH_Analyse	01	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt 0 11+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt positiv negativ J= Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst dume salmon falls nicht leer estro_urteil estro prog_urteil prog her2 vorlage_therapie_id -> vorlage_therapie_art	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Inicht in MED I	exportieren, ohne "" und alles was nach "" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") Codierung: L_basic.her2 wenn leer: "NB" wenn mind. 1 Datensatz vorhanden: "J" sonst: "N" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J" sonst: "N"	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ //GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_Status //GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_pos_TZ //GEKID/Daten/Patient/Tumor/HER2_Status //GEKID/Daten/Patient/Tumor/ISH_Analyse //GEKID/Daten/Patient/Tumor/Operation	Oestrogen Status Oestrogen pos TZ Progesteron Status Progesteron pos TZ HER2 Status ISH Analyse Operation	01	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt 0 1+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt positiv negativ J= Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer estro_urteil estro prog_urteil prog her2 vorlage_therapie_id -> vorlage_therapie_art	BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 BEDINGUNG 1 Inicht in MED Ini	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer: "NB" dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer: "NB" wenn mind. 1 Datensatz vorhanden: "J" sonst: "N" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J" sonst: "N"	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ //GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_Status //GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_pos_TZ //GEKID/Daten/Patient/Tumor/HER2_Status //GEKID/Daten/Patient/Tumor/ISH_Analyse //GEKID/Daten/Patient/Tumor/Operation	Oestrogen Status Oestrogen pos TZ Progesteron Status Progesteron pos TZ HER2 Status ISH Analyse Operation	01	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt 0 1-10 1+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt 0 1+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt positiv negativ J= Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst dume salmon falls nicht leer estro_urteil estro prog_urteil prog her2 vorlage_therapie_id -> vorlage_therapie_art	BEDINGUNG 1 Inicht in MED Inich	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bep.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") Codierung:basic.her2 wenn leer: "NB" wenn mind. 1 Datensatz vorhanden: "J" sonst: "N" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J"	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ //GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_Status //GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_pos_TZ //GEKID/Daten/Patient/Tumor/HER2_Status //GEKID/Daten/Patient/Tumor/ISH_Analyse //GEKID/Daten/Patient/Tumor/Operation	Oestrogen Status Oestrogen pos TZ Progesteron Status Progesteron pos TZ HER2 Status ISH Analyse Operation	01	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt 0 1+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt positiv negativ J= Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer estro_urteil estro prog_urteil prog her2 vorlage_therapie_id -> vorlage_therapie_art	BEDINGUNG 1 Inicht in MED Inur Eingriffe im Zeitraum des Anlasses beachten, bei denen art, primaertumor = 1 oder art, metastasen = 1 nur Strahlentherapien und systemische Therapien beachten die im Zeitraum des Anlasses liegen und bei denen vorlage _therapie_ art ist "Alleinige Strahlentherapie (st)", "Chemo-/Immunherapie (ci)", "Chemo-/Radiotherapie (st)", "Cristrahlentherapie mit antohormoneller Therapie (ahst)" nur systemische Therapien und Strahlentherapien im Zeitraum des Anlasses betrachten, bei denen vorlage, therapie, art ist "Chemo-/Immunherapie	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer: "NB" dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer: "NB" wenn mind. 1 Datensatz vorhanden: "J" sonst: "N" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J" sonst: "N"	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ //GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_Status //GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_pos_TZ //GEKID/Daten/Patient/Tumor/HER2_Status //GEKID/Daten/Patient/Tumor/ISH_Analyse //GEKID/Daten/Patient/Tumor/Operation	Oestrogen Status Oestrogen pos TZ Progesteron Status Progesteron pos TZ HER2 Status ISH Analyse Operation	01	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt 0 1-10 1+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt 0 1+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt positiv negativ J= Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer sonst durie_salmon falls nicht leer estro_urteil estro prog_urteil prog her2 vorlage_therapie_id -> vorlage_therapie_art	BEDINGUNG 1 Inicht in MED Inich	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bep.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") Codierung:basic.her2 wenn leer: "NB" wenn mind. 1 Datensatz vorhanden: "J" sonst: "N" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J"	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/HER2_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/ISH_Analyse /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Operation	Oestrogen Status Oestrogen pos TZ Progesteron Status Progesteron pos TZ HER2_Status ISH_Analyse Operation Strahlentherapie	01	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt 0 11+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt positiv negativ U=Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus eingriff strahlentherapie therapie_systemisch	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cll_rai falls nicht leer sonst cll_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst dume salmon falls nicht leer sonst dume salmon falls nicht leer estro_urteil estro prog_urteil prog her2 vorlage_therapie_id -> vorlage_therapie_art vorlage_therapie_art	BEDINGUNG 1 Incit in MED	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer: "NB" wenn mind. 1 Datensatz vorhanden: "J" sonst: "N" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J" sonst: "N" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J" sonst: "N"	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/HER2_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/ISH_Analyse /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Operation	Oestrogen Status Oestrogen pos TZ Progesteron Status Progesteron pos TZ HER2_Status ISH_Analyse Operation Strahlentherapie	01	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt 0 1+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt positiv negativ J= Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt	tumorstatus	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_akthvitaetsgrad, ann_arbor_akthvitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cil_rai falls nicht leer sonst cil_binet falls nicht leer sonst ami_fab falls nicht leer sonst dume salmon falls nicht leer sonst dume salmon falls nicht leer estro_urteil estro prog_urteil prog her2 vorlage_therapie_id -> vorlage_therapie_art vorlage_therapie_art	BEDINGUNG 1 Inicht in MED Inicht in MED	exportieren, ohne "" und alles was nach "" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") Codierung: I_basic.her2 wenn leer: "NB" wenn mind. 1 Datensatz vorhanden: "J" sonst: "N" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J" sonst: "N" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J" sonst: "N"	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/HER2_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/ISH_Analyse /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Operation	Oestrogen Status Oestrogen pos TZ Progesteron Status Progesteron pos TZ HER2_Status ISH_Analyse Operation Strahlentherapie	01	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt 0 11+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt positiv negativ U=Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus eingriff strahlentherapie therapie_systemisch	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cll_rai falls nicht leer sonst cll_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst dume salmon falls nicht leer sonst dume salmon falls nicht leer estro_urteil estro prog_urteil prog her2 vorlage_therapie_id -> vorlage_therapie_art vorlage_therapie_art	BEDINGUNG 1 Inicht in MED Inicht in	exportieren, ohne "/" und alles was nach "/" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer: "NB" wenn mind. 1 Datensatz vorhanden: "J" sonst: "N" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J" sonst: "N" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J" sonst: "N"	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/HER2_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/ISH_Analyse /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Operation	Oestrogen Status Oestrogen pos TZ Progesteron Status Progesteron pos TZ HER2_Status ISH_Analyse Operation Strahlentherapie	01	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt 0 1+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt positiv negativ J= Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus eingriff strahlentherapie therapie_systemisch	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cll_rai falls nicht leer sonst cll_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst dume salmon falls nicht leer sonst dume salmon falls nicht leer estro_urteil estro prog_urteil prog her2 vorlage_therapie_id -> vorlage_therapie_art vorlage_therapie_art	BEDINGUNG 1 Inicht in MED Inicht in	exportieren, ohne "" und alles was nach "" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") Codierung: I_basic.her2 wenn leer: "NB" wenn mind. 1 Datensatz vorhanden: "J" sonst: "N" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J" sonst: "N" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J" sonst: "N"	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen
/GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Oestrogen_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Progesteron_pos_TZ /GEKID/Daten/Patient/Tumor/HER2_Status /GEKID/Daten/Patient/Tumor/ISH_Analyse /GEKID/Daten/Patient/Tumor/Operation	Oestrogen Status Oestrogen pos TZ Progesteron Status Progesteron pos TZ HER2_Status ISH_Analyse Operation Strahlentherapie	01	xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string xs:string	1 - n 1 - n 1 - n 1 - n	positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt positiv negativ 0-100 NB = nicht bestimmt 0 1+ 2+ 3+ NB = nicht bestimmt positiv negativ J= Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt J= Ja N=Nein U=Unbekannt	tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus tumorstatus strahlentherapie therapie_systemisch strahlentherapie therapie_systemisch	CONCAT_WS(", ann_arbor_stadium, ann_arbor_aktivitaetsgrad, ann_arbor_extralymphatisch) sonst cll_rai falls nicht leer sonst cll_binet falls nicht leer sonst aml_fab falls nicht leer sonst dume salmon falls nicht leer sonst dume salmon falls nicht leer estro_urteil estro prog_urteil prog her2 vorlage_therapie_id -> vorlage_therapie_art vorlage_therapie_art	BEDINGUNG 1 Inicht in MED Inicht in	exportieren, ohne "" und alles was nach "" kommt! Bitte hinter der Klassifikation das Label anzeigen: Ann Arbor, CLL Rai, CLL Binet, AML FAB, Durie Salmon dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") dokumentierten Wert exportieren (Bsp.: "70") wenn leer, dann "NB" exportieren (Bsp.: "70") Codierung: I_basic.her2 wenn leer: "NB" wenn mind. 1 Datensatz vorhanden: "J" sonst: "N" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J" sonst: "N" min. 1 Strahlentherapie oder systemische Therapie laut Bedingung vorhanden: "J" sonst: "N"	Wert darf nicht über 100 liegen Wert darf nicht über 100 liegen

path	Feld	cardinality	Feldtyp	Feldlänge	Datenbereich	Herkunft Formular	Herkunft Feld	Bedingungen	Funktionalität	Validierungen beim Export
					J= Ja	strahlentherapie	vorlage_therapie_id ->	nur systemische Therapien und Strahlentherapien im	min. 1 Strahlentherapie oder systemische	
					N=Nein	therapie_systemisch	vorlage_therapie_art	Zeitraum des Anlasses betrachten, bei denen	Therapie laut Bedingung vorhanden: "J"	
					U=Unbekannt		g	vorlage therapie art ist "Chemo-/Immuntherapie	sonst: "N"	
					o onbokanik			(ci)", "Immun-/Radiotherapie (ist)" oder	55151. 11	
GEKID/Daten/Patient/Tumor/Immuntherapie	Immuntherapie	1 1	xs:string	1 - 1				"Immuntherapie (i)"		
3END/Daten/Fatient/Tumor/immunitierapie	iiiiiidiiiieiapie	11	AS.Stillig	1 - 1	J= Ja	-::		nur Eingriffe im Zeitraum des Anlasses beachten, be	i min 4 Finneill In 4 Podinaran dela mandiada II II	_
						eingriff	art_transplantation_autolog			
					N=Nein		art_transplantation_allogen_v	denen mindestens eines der Felder	sonst: "N"	
					U=Unbekannt		art_transplantation_allogen_nv	art_transplantation_* = 1		
GEKID/Daten/Patient/Tumor/Knochenmarktransplantation	Knochenmarktransplantation	11	xs:string	1 - 1			art_transplantation_syngen			
					J= Ja	therapie_systemisch		nur systemische Therapien im Anlass betrachten, be	mindestens eine Therapie laut Bedingung	
					N=Nein	sonstige therapie		denen vorlage therapie art ist "andere systemische	dokumentiert: "J"	
					U=Unbekannt	V = .		Therapie (son)" oder "andere systemische Therapie	sonst: "N"	
								Radiotherapie (sonstr)"		
								Bei den sonstigen Therapien alle Therapien im		
								Anlass beachten		
GEKID/Daten/Patient/Tumor/Sonstige Therapie	Sonstige Therapie	1 1	xs:string	1 - 1				Arilass beachteri		
GEKID/Daten/Patient/Tumor/Sonstige_Therapie		11	xs:string xs:string						T	
GEKID/Daten/Patient/Tumor/Bemerkungen	Bemerkungen	11	xs:string	1 - n	-	ekr	bem		Text exportieren wenn dokumentiert	
105141D/D 1 /D 1: 1/D 11 1										
/GEKID/Daten/Patient/Pathologe										
aus zeitlich neuester Histologie im Zeitraum des										
Anlasses, in der das Feld Pathologe dokumentiert ist.										
Venn keine Histologie mit Pathologe vorhanden, dann										
aus Zytologieformular entnehmen (auch hier das neueste										
nehmen, in dem ein Pathologe eingetragen ist).										
st sowohl Histologie als auch Zytologie vorhanden, wird										
die Histologiee priorisiert betrachtet.		0.4								
ile Histologioe priorisiert betrachtet.		01			-					
						histologie	user_id -> vorlage_arzt.org		Die dokumentierte Organisation/Praxis	
GEKID/Daten/Patient/Pathologe/KH_Abt_Station_Praxis	KH_Abt_Station_Praxis	01	xs:string	-	-	zytologie			exportieren	
						histologie	user_id -> vorlage_arzt		CONCAT_WS(' ', anrede u titel, u.vorname,	
						zytologie			u.nachname)	
GEKID/Daten/Patient/Pathologe/Name Pathologe	Name Pathologe	01	xs:string	-	-		1		Beispiel: "Herr Dr. Bernd Schulz"	1
		Î .	Ť			histologie	user id -> vorlage arzt		Format: Straße. Hausnummer	
GEKID/Daten/Patient/Pathologe/Anschrift	Anschrift	01	xs:string	l-	_	zytologie				1
				+		histologie	user id -> vorlage arzt.plz		Postleitzahl exportieren	+
GEKID/Daten/Patient/Pathologe/Postleitzahl	Postleitzahl	1 1	xs:token	1 - n	01001 - 99999		user_iu -> voriage_arzt.piz		r osucitzani exponicien	1
GENIDIDAGNIF AUCTIVE AUTOTOGE/FOSUCIZATII	r vəucitzdi ii	Lo. I	AS.IUREII	0.50	01001-99999	zytologie	+		0.1	
		L .	1	1		histologie	user_id -> vorlage_arzt.ort		Ort exportieren	1
/GEKID/Daten/Patient/Pathologe/Ort	Ort	01	xs:string	-	I-	zytologie				1

CLINICAL RESEARCH - 11 SOLUTIONS	Alcedis GmbH						
Alcedis MED 4 - GEKID_PLUS-Export - Codierungsreferenz							
klasse	code_med	code_gekid_plus					
tumorausbreitung	lokal	L					
tumorausbreitung	lk	R					
tumorausbreitung	konausdehnung	S					
tumorausbreitung	fernmetastasen	F					

Bundesland	Ausprägung	Beschreibung	Referenz
	I	Patientin / Patient wurde informiert und hat nicht widersprochen	§5 (2), Satz 1 BayKRG
Bayern	A	Ausnahme: Patientenunterrichtung entfallen wegen möglicher gesundheitlicher Nachteile	§5 (2), Satz 5 BayKRG
	D	Meldung von Ärzten ohne unmittelbaren Patientenkontakt (mit Sperrvermerk)	§5 (2), Satz 2 BayKRG
Berlin	Datensatz nic	ht zur Entgegennahme geeignet, es besteht eine eigene abgestimmte Schnittstelle für elektronische N	Meldungen
Brandenburg	Datensatz nic	ht zur Entgegennahme geeignet, es besteht eine eigene abgestimmte Schnittstelle für elektronische N	Meldungen
	I	Patientin / Patient wurde informiert und hat nicht widersprochen	§2 (2) BremKRG
Bremen	A	Ausnahme: Patientenunterrichtung entfallen wegen möglicher gesundheitlicher Nachteile	§2 (4) BremKRG
Diemen	D	Meldung von diagnostisch tätigen Ärzten ohne unmittelbaren Patientenkontakt	§2 (3) BremKRG
V	V	Verstorben	§2 (6) BremKRG
	E	Einwilligung	§2 (1) HMBkrebsRG
Hamburg	A	Ausnahme	§2 (2) HMBkrebsRG
	V	Verstorben	§2 (3) HMBkrebsRG
Mecklenburg- Vorpommern	Datensatz nic	ht zur Entgegennahme geeignet, es besteht eine eigene abgestimmte Schnittstelle für elektronische M	Meldungen
	I	Patientin / Patient wurde informiert und hat nicht widersprochen	§3 (1) GEKN
Niedersachsen	Α	Ausnahme: Patientenunterrichtung entfallen wegen möglicher gesundheitlicher Nachteile	§4 (3) Satz 4 GEKN
	W	Patientin / Patient hat der dauerhaften Speicherung seiner Identitätsdaten widersprochen	§4 (1) GEKN
	I	Patientin / Patient wurde über die pseudonymisierte Meldung an das Krebsregister informiert	§4(4) EKR-NRW
NRW	Α	Patientin / Patient wurde über die pseudonymisierte Meldung an das Krebsregister nicht informiert	
	W	Patientin / Patient hat einer Kontaktaufnahme gemäß § 10(3) widersprochen	§10(3) EKR-NRW
	I	Patientin / Patient unterrichtet	§5(2) SKRG
Saarland	Α	Patientin / Patient nicht unterrichtet (Grund liegt vor)	§5(2) SKRG
	D	Meldung durch diagnostisch tätige/n Arzt/Ärztin	§5(3) SKRG
Sachsen- Anhalt	Datensatz nic	ht zur Entgegennahme geeignet, es besteht eine eigene abgestimmte Schnittstelle für elektronische M	Meldungen
Sachsen	Datensatz nic	ht zur Entgegennahme geeignet, es besteht eine eigene abgestimmte Schnittstelle für elektronische N	Meldungen
Thüringen	Datensatz nic	ht zur Entgegennahme geeignet, es besteht eine eigene abgestimmte Schnittstelle für elektronische N	Meldungen