

WDC- Export

Anleitung

Version 1.0

02.09.2013

Inhalt

Voraussetzungen	3
Patientendaten.....	3
Stammdaten	3
Tumorstatus Formular.....	3
Benötigte Formulare	3
Der Export.....	5
Export starten.....	5
Fehlerübersicht.....	5
Export löschen	6
Exportdatei erstellen	6

Voraussetzungen

Exportiert wird immer pro Patient und pro Darmkrebserkrankung ein Fall für einen primären Tumor.

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 „Darm“ unter einem Patienten angelegt werden. In dieser müssen mindestens ein „Tumorstatus“-Formular und ein „Histologie“-Formular angelegt sein.

Stammdaten

In den Stammdaten müssen neben den Pflichtfeldern keine Felder zusätzlich ausgefüllt sein.

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:

- C18 – C20
- D01.0 bis D01.2

Es werden nur Fälle exportiert bei denen Anlass „**Beurteilung Primärtumor**“ ist.

Fälle, die im Formular Tumorstatus eine der folgenden Checkboxen gesetzt haben werden **nicht** exportiert:

- Patient kommt nur zur Diagnosesicherung
- Patient kommt nur zur Zweitmeinung
- Behandlung erfolgt in einem anderen Zentrum

Benötigte Formulare

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

Relevant für Abschnitt Patient/Fall

- Stammdaten
- Anamnese
- Aufenthalt
- Abschluss

Relevant für Abschnitt Studie

- Studienteilnahme

Relevant für Abschnitt Tumorkonferenz

- Therapieplan

Relevant für Abschnitt Diagnose

- Eingriff
- Untersuchung
- Tumorstatus

Relevant für Abschnitt Operation

- Eingriff
- Therapieplan
- Therapieplanabweichung
- Histologie
- Komplikation

Relevant für Abschnitt Systemtherapie

- Therapieplan
- Systemische Therapie
- Therapieplanabweichung

Relevant für Abschnitt Strahlentherapie

- Therapieplan
- Strahlentherapie
- Therapieplanabweichung

Relevant für Abschnitt Nachsorge

- Nachsorge
- Tumorstatus
- Abschluss

Der Export

Es wird in zwei Stufen exportiert. Alle Daten werden gesammelt und überprüft. Das Ergebnis ist dann in der Fehlerübersicht zu sehen. Von hier aus kann dann, falls es fehlerfreie Datensätze gibt, die Exportdatei erstellt werden. Falls es zu Änderungen kommt, kann man den Export durch „Export löschen“ verwerfen.

Export starten

Hier muss der zu exportierende Zeitraum eingegeben werden. Bitte beachten Sie, dass grundsätzlich immer alle Daten ohne Zeitraumbegrenzung exportiert werden sollten. Nach Drücken des Buttons „Export starten“ erscheint das Fehlerübersichtsformular.

Impressum Mail an Support AlcedisMED - Copyright © 2003-2013 Alcedis GmbH

Abbildung 1: Export Formular

Fehlerübersicht

In der Fehlerübersicht werden alle nicht exportier-fähigen Datensätze in einer Listenansicht angezeigt. Es gibt zwei „Bearbeiten“ Knöpfe am Anfang jeder Zeile. Mit dem ersten Knopf gelangt man in die Erkrankung des Patienten, in der die Fehler aufgetreten sind.

Export	Name	Geburtsdatum	Erkrankung	Seite	Abschnitt	Gestartet am
1	Moser, Hanna	04.05.1963	Darm	-	histology	03.09.2013 16:09:22

Impressum Mail an Support AlcedisMED - Copyright © 2003-2013 Alcedis GmbH

Abbildung 2: Fehleransicht Formular

Mit dem zweiten Knopf wird ein Fenster geöffnet, in dem die Fehler aufgelistet werden. Hier sind genaue Meldetexte für die einzelnen Fehler zu finden.

Export löschen

Nach dem Starten eines Exports werden alle relevanten Daten, ob mit Fehlern oder fehlerfrei, zwischengespeichert. Diese werden dann in der Fehlerübersicht angezeigt. Um einen Export neu anzustoßen, muss vorher der alte Export gelöscht werden. Wie in der Fehlerübersicht zu sehen (Abb. 2), gibt es einen Knopf „Export löschen“. Dieser Knopf erscheint nur dann, wenn es Daten gibt die exportierbar sind. Hiermit werden die zwischengespeicherten Fälle gelöscht.

Exportdatei erstellen

In der Abb. 2 ist ein Knopf „Exportieren“. Mit diesem Knopf werden die zwischengespeicherten Daten, die exportierbar sind, dann in eine XML-Datei geschrieben.



Abbildung 3: Herunterladen Formular

Diese kann, über einen Link „Export Datei“, heruntergeladen werden und dann in geeigneter Form dem WDC übermittelt werden.

Ist der Knopf nicht vorhanden sind keine Fälle exportierbar.

/dam/patient/pat_daten	geschlecht	patient,geschlecht					m = männlich w = weiblich x = unbekannt			wenn "leer" dann "x" exportieren
Den Block "verstorben" nur exportieren, wenn es ein Formular Abschluss mit abschluss_grund = "tot_gbt"										
/dam/patient/pat_daten/verstorben	todesdatum	abschluss.todesdatum					Datum im Bereich zwischen 01.01.1900 - 31.12.2050 Form: yyyy-mm-dd 1900-01-01 wird als "unbekant" gewertet			wenn "leer" dann "1900-01-01" exportieren
/dam/patient/pat_daten/verstorben	todesursache	abschluss.tod_tumorassoziation					Todesursache 1 = Todesursache tumorbedingt 2 = andere Todesursache 3 = fraglich 4 = unbekant			siehe l_basic.tod_tumorassoziation wenn leer: "4"
/dam/patient/fall	fall_id	tumorstatus.erkrankung_id					Eine nichtleere Zeichenkette mit maximal 200 Zeichen			
/dam/patient/fall	kostenträger	l_kst.name					Eine nichtleere Zeichenkette mit maximal 200 Zeichen			patient.kv_iknr -> l_kst.iknr
/dam/patient/fall	fall_beginn	siehe Datumsbezug					Eine nichtleere Zeichenkette mit maximal 200 Zeichen Datum im Bereich zwischen 01.01.1900 - 31.12.2050 Form: yyyy-mm-dd 1900-01-01 wird als "unbekant" gewertet			
/dam/patient/fall/studie	studienteilnehmer	studie					0 = nein 1 = ja [0, 1]			Fall 1: wenn mindestens ein Formular "Studienteilnahme" vorhanden, dann "1", Fall 2: wenn nicht dann "0" exportieren
/dam/patient/fall/studie	studien_name	vorfage_studie.bez					Eine nichtleere Zeichenkette mit maximal 200 Zeichen 0 = nein 1 = ja 2 = unbekant 3 = nicht zuretfend [0, 1, 2, 3]			Fall 2: wenn nicht dann "0" exportieren vorlage_studie_id -> vorlage_studie.bez
/dam/patient/fall/studie	studie_beendet	studie_ende					0 = nein 1 = ja 2 = unbekant 3 = nicht zuretfend [0, 1, 2, 3]			nur bei Fall 1 exportieren wenn studie_ende gefüllt: "1" wenn nicht gefüllt "2"
/dam/patient/fall/studie	datum_einschluss	studie_beginn oder studie_date					Datum im Bereich zwischen 01.01.1900 - 31.12.2050 Form: yyyy-mm-dd 1900-01-01 wird als "unbekant" gewertet			wenn "beginn" nicht gefüllt, dann das Datum aus "date" nehmen Wenn beides nicht gefüllt, dann "1900-01-01"
/dam/patient/fall/studie	datum_studierende	studie_ende					Datum im Bereich zwischen 01.01.1900 - 31.12.2050 Form: yyyy-mm-dd 1900-01-01 wird als "unbekant" gewertet			nur bei Fall 1 exportieren wenn nicht gefüllt, dann "1900-01-01" exportieren
Den Block "tumorkonferenz" dokumentiert ist Pro Therapieplan ein Block										
Therapieplan.datum										
/dam/patient/fall/tumorkonferenz	tumorkonferenz_datum						Datum im Bereich zwischen 01.01.1900 - 31.12.2050 Form: yyyy-mm-dd 1900-01-01 wird als "unbekant" gewertet			nur Therapiepläne mit "grundlage" = "tk" beschriften
/dam/patient/fall/tumorkonferenz	empfehlung	"1"					0 = nein 1 = ja 2 = unbekant 3 = nicht zuretfend [0, 1, 2, 3]			immer "1"
/dam/patient/fall/tumorkonferenz	postoperativ	therapieplan.zeitpunkt					0 = nein 1 = ja 2 = unbekant 3 = nicht zuretfend [0, 1, 2, 3]			wenn "post": "1" sonst: "0"
/dam/patient/fall/tumorkonferenz	praetherapeutisch	therapieplan.zeitpunkt					0 = nein 1 = ja 2 = unbekant 3 = nicht zuretfend [0, 1, 2, 3]			wenn "pra": "1" sonst: "0"
/dam/patient/fall/anamnese	rezidiv	"0"					Primär- oder Rezidivtherapie stattgefallen? 0 = Primärtherapie 1 = Rezidivtherapie			es wird immer "0" exportiert
/dam/patient/fall/anamnese	erstdiag_datum	histologie_datum					Datum im Bereich zwischen 01.01.1900 - 31.12.2050 Form: yyyy-mm-dd 1900-01-01 wird als "unbekant" gewertet			Exportiert wird das Datum der frühesten Histologie
/dam/patient/fall/anamnese	familie_pos	anamnese_familie.karzinom					0 = nein 1 = ja 2 = unbekant 3 = nicht zuretfend [0, 1, 2, 3]			wenn "d" oder "kore" dokumentiert, dann "1" sonst: "2"
/dam/patient/fall/diagnose	tumor	tumorstatus.diagnose					1 = Kolonkarzinom 2 = Karzinom des Kolo-Rektalen Übergangs 3 = Rektumkarzinom, Benchmarking			wenn C18: "0" oder "D01.0" dokumentiert, dann "1" wenn C19: "0" oder "D01.1" dokumentiert, dann "2" wenn "C20:" oder "D01.2" dokumentiert, dann "3"
/dam/patient/fall/diagnose	anocutanlinie	tumorstatus.hoehe								Wert (in cm) exportieren
/dam/patient/fall/diagnose	rezidiv	tumorstatus.anlass					0 = nein 1 = ja [0, 1]			aus zeitlich neuestem Tumorstatus mit Anlass vorhanden, dann "1" sonst: "0"
/dam/patient/fall/diagnose	datum_diagnose	tumorstatus.datum_sicherung					Datum im Bereich zwischen 01.01.1900 - 31.12.2050 Form: yyyy-mm-dd 1900-01-01 wird als "unbekant" gewertet			aus zeitlich frühestem Tumorstatus mit Anlass
/dam/patient/fall/diagnose/icd	icd_code	tumorstatus.diagnose					Eine nichtleere Zeichenkette mit maximal 200 Zeichen			den dokumentierten ICD-10 Code exportieren
/dam/patient/fall/diagnose/icd	icd_text	tumorstatus.diagnose_text					Eine nichtleere Zeichenkette mit maximal 200 Zeichen			den Text exportieren
/dam/patient/fall/diagnose/icd	icd_version	ICD-10-GM					versionsnummer des zur Erstellung gültigen ICD (derzeit ICD-10-GM)			immer "405" exportieren
/dam/patient/fall/diagnose/icd	t	tumorstatus.t					Tumor (t) bezeichnet die Ausdehnung des Primärtumors: x/X = Tx = Primärtumor kann nicht beurteilt werden 0 = T0 = Kein Anhalt für Primärtumor is=Tis = Carcinoma in situ 1 = T1 = Tumor infiltriert Submukosa 2 = T2 = Tumor infiltriert Muscularis propri 4a, 4b			siehe l_basic.ct Beispiele: "ct1a" wird exportiert als "1" "ct14a" wird exportiert als "4a"

/dam/patient/fail/diagnose/klinischer_tm	n					tumorstatus.n	0..1 none				Nodes (N) beschreibt das Vorhandensein bzw. das Fehlen von regionalen Lymphknotenmetastasen: x/X = Nx = Regionale Lymphknoten können nicht beurteilt werden 0 = N0 = Keine regionalen Lymphknotenmetastasen 1 = N1 = Metastasen in 1-3 regionalen Lymphknoten 1 Metastasen (M) bezeichnet das Vorhandensein bzw. das Fehlen von hämatogenen Fernmetastasen: x/X = MX = Fernmetastasen können nicht beurteilt werden 0 = M0 = Keine Fernmetastasen 1 = M1 = Fernmetastasen 1a = M1a = Metastase(n) auf ein Organ beschränkt (Leb	aus zeitlich neuestem Tumorstatus mit Anlass "Beurteilung Primärtumor", in dem cN dokumentiert ist	siehe_l_basic.cn
/dam/patient/fail/diagnose/klinischer_tm	m					tumorstatus.m	0..1 none				Metastasen (M) bezeichnet das Vorhandensein bzw. das Fehlen von hämatogenen Fernmetastasen: x/X = MX = Fernmetastasen können nicht beurteilt werden 0 = M0 = Keine Fernmetastasen 1 = M1 = Fernmetastasen 1a = M1a = Metastase(n) auf ein Organ beschränkt (Leb	aus zeitlich neuestem Tumorstatus mit Anlass "Beurteilung Primärtumor", in dem cM dokumentiert ist	siehe_l_basic.cm
/dam/patient/fail/diagnose/klinischer_tm	y					tumorstatus.tm_prefix	1..1 nonNegativeInteger			[0..1]	Grading, Angabe, wie differenziert das Tumorgewebe ist. x/X = Gx (Differenzierungsgrad kann nicht bestimmt werden) 0 = G0 (Grading nicht vorgesehen) 1 = G1 (gut differenziert) 2 = G2 (mäßig differenziert) 3 = G3 (schlecht differenziert) 4 = G4 (undiffere	aus zeitlich neuestem Tumorstatus mit Anlass "Beurteilung Primärtumor", in dem cT, cN oder cM, aber nicht pT, pN oder pM dokumentiert ist UND in dem tm_prefix dokumentiert ist	siehe_l_basic.tm_prefix wenn kein Wert vorhanden, dann auch "0"
/dam/patient/fail/diagnose/klinischer_tm	g					tumorstatus.g	0..1 none				Auflage des TNM-Systems (derzeit 7. Auflage) 501 = 5. Auflage der TNM-Klassifikation von 1997 502 = 6. Auflage der TNM-Klassifikation von 2002, gültig ab 01.01.2003 503 = 7. Auflage der TNM-Klassifikation von 2009, gültig ab 01.01.2010	immer "503" exportieren	
/dam/patient/fail/diagnose/klinischer_tm	tm_version					503 0..1 none						Min. ein OPS-Code aus dem Bereich 5-452.2*, 5-452.5*, 5-482.*1, 5-482.*2, 1-650.* oder 1-652.1 dokumentiert	Summe bilden aus allen Untersuchungen und Eingriffen bei denen min. einer dieser OPS-Codes dokumentiert ist
/dam/patient/fail/diagnose/koloskopie	ges_koloskopie					eingriff.ops UND untersuchung.art	nonNegativeInteger					Min. ein OPS-Code aus dem Bereich 5-452.2*, 5-452.5*, 5-482.*1, 5-482.*2, 1-650.* oder 1-652.1 dokumentiert	Summe aus allen Untersuchungen bei denen koloskopie_vollstaendig = "1" und allen Eingriffen bei denen ther_koloskopie_vollstaendig = "1"
/dam/patient/fail/diagnose/koloskopie	tot_koloskopie					ther_koloskopie_vollstaendig koloskopie_vollstaendig	nonNegativeInteger					Min. ein OPS-Code aus dem Bereich 5-452.2*, 5-452.5*, 5-482.*1, 5-482.*2, 1-650.* oder 1-652.1 dokumentiert	Summe aller Untersuchungen bei denen koloskopie_vollstaendig = "1" und allen Eingriffen bei denen ther_koloskopie_vollstaendig = "1"
/dam/patient/fail/diagnose/koloskopie	ther_koloskopie					eingriff_ops	1..1 nonNegativeInteger			[0..1, 2, 3]	0 = nein 1 = ja 2 = unbekannt 3 = nicht zureifend	Komplikation ist einem Eingriff zugeordnet, der bei "ther_koloskopie gezählt wird"	wenn mind. ein Eingriff mit entspr. OPS-Code dokumentiert: "1", sonst: "0"
/dam/patient/fail/diagnose/koloskopie	ther_koloskopie_kompl					komplikation.eingriff_id eingriff.ther_koloskopie_vollstaendig UND untersuchung.koloskopie_vollstaend	1..1 nonNegativeInteger			[0..1, 2, 3]	0 = nein 1 = ja 2 = unbekannt 3 = nicht zureifend	Summe aller Eingriffe und Untersuchungen die bei "ges_koloskopie" gezählt werden und die den Wert erfüllen	Summe aller Eingriffe die bei "ges_koloskopie" gezählt werden und die den Wert erfüllen
/dam/patient/fail/diagnose/koloskopie	unv_stenosierende_koloskopie					untersuchung.koloskopie_vollstaend	nonNegativeInteger					wenn polypen = "1"	Summe aller Eingriffe die bei "ges_koloskopie" gezählt werden und die den Wert erfüllen
/dam/patient/fail/diagnose/koloskopie	polyp_nachweis					eingriff.polypen	nonNegativeInteger					wenn mind. Ein OPS-Code 5-452.21 oder 5-452.22 dokumentiert ist	Summe aller Eingriffe die bei "ges_koloskopie" gezählt werden und die den Wert erfüllen
/dam/patient/fail/diagnose/koloskopie	polypektomie					eingriff_ops	nonNegativeInteger					wenn polypen_op_areal = "1" UND kein OPS-Code 5-452.21 oder 5-452.22 dokumentiert ist	Summe aller Eingriffe, die bei "ges_koloskopie" gezählt werden und die die Bedingung erfüllen
/dam/patient/fail/diagnose/koloskopie	polyp_op_gebiet					eingriff.polypen UND eingriff_ops	nonNegativeInteger					wenn polypen = "1" UND polypen_op_areal = "0"	Summe aller Eingriffe, die bei "ges_koloskopie" gezählt werden und die die Bedingung erfüllen
/dam/patient/fail/diagnose/koloskopie	polypektomie_polyp					eingriff.polypen UND polypen_op_areal	nonNegativeInteger						Summe aller Eingriffe, die bei "ges_koloskopie" gezählt werden und die die Bedingung erfüllen

Den Block "histologie" nur exportieren, wenn es den Block "patho_histo_klassifikation" gibt

/dam/patient/fall/histologie	msi		histologie.msi					0 = nein 1 = ja 2 = unbekannt 3 = nicht zureifend				wenn mindestens eine Histologie mit msi = "1" dokumentiert: "1" wenn msi = "0" : "0" wenn msi = "leer" : "2"
/dam/patient/fall/histologie	kras_wildtyp		histologie.kras					0 = nein 1 = ja 2 = unbekannt				wenn kras = "wild" : "1" wenn kras = "mut" : "0" wenn kras "leer": "2"
/dam/patient/fall/histologie/patho_histo_klassifikation	morpho_code		tumorstatus.morphologie				(1, 200)	1 = string				aus zeitlich neuester Histologie, in der kras gefüllt
/dam/patient/fall/histologie/patho_histo_klassifikation	morpho_text		tumorstatus.morphologie_text				(1, 200)	1 = string				den dokumentierten Morphologie-Code exportieren
/dam/patient/fall/histologie/patho_histo_klassifikation	topologie_code		tumorstatus.lokalisation				(1, 200)	1 = string				den dokumentierten Text exportieren.
/dam/patient/fall/histologie/patho_histo_klassifikation	topologie_text		tumorstatus.lokalisation_text				(1, 200)	1 = string				Falls nicht dokumentiert, dann "exp_diagnose" zu lokalisation
/dam/patient/fall/histologie/patho_histo_klassifikation	histo_datum		histologie.datum				(0, N)	1 = date				zeitlich neueste Histologie
/dam/patient/fall/histologie/patho_histo_klassifikation	icdo_version					301	0, 1	none				immer "301" exportieren
/dam/patient/fall/histologie/patho_histo_klassifikation	t		tumorstatus.t					0 = 1	none			aus zeitlich neuestem Tumorstatus, in dem pT dokumentiert ist
/dam/patient/fall/histologie/patho_histo_klassifikation	n		tumorstatus.n					0 = 1	none			aus zeitlich neuestem Tumorstatus, in dem pN dokumentiert ist
/dam/patient/fall/histologie/patho_histo_klassifikation	m		tumorstatus.m					0 = 1	none			aus zeitlich neuestem Tumorstatus, in dem pM dokumentiert ist
/dam/patient/fall/histologie/patho_histo_klassifikation	y		tumorstatus.mn_praefix				(0, 1)	1 = 1	nonNegativInteger			wenn tmn_praefix = "y" oder "yr": "1" sonst: "0"
/dam/patient/fall/histologie/patho_histo_klassifikation	g		tumorstatus.g					0 = 1	none			siehe _basic.g
/dam/patient/fall/histologie/patho_histo_klassifikation	r		tumorstatus.r					0 = 1	none			siehe _basic.r
/dam/patient/fall/histologie/patho_histo_klassifikation	l		tumorstatus.l					0 = 1	none			keine Codierung notwendig, MED-Codierung entspricht der WDC-Codierung
/dam/patient/fall/histologie/patho_histo_klassifikation	v		tumorstatus.v					0 = 1	none			keine Codierung notwendig, MED-Codierung entspricht der WDC-Codierung
/dam/patient/fall/histologie/patho_histo_klassifikation	ppn		tumorstatus.ppn					0 = 1	none			siehe _basic.ppn
/dam/patient/fall/histologie/patho_histo_klassifikation	tmn_version					503	0, 1	none				immer "503" exportieren
/dam/patient/fall/histologie/patho_histo_klassifikation	metastasen_or		tumorstatus.metastasen.lokalisation					0, 1	none			aus zeitlich neuestem Tumorstatus im Anlss, in dem metastasen.lokalisation dokumentiert ist siehe Codierungstabelle WDC

/dam/patient/fall/histologie/patho_histo_klassifikation																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																														
---	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

/dam/patient/fall/therapie/operation/op_komplikation	op_komplikationsgrad	komplikation.komplikation komplikation.revisionoperation	1..1 none					Grad der OP-Komplikation: Wenn op_komplikationsart ungleich 0, dann Pflichtfeld 1 = nicht revisionsbedürftig 2 = operative Revision 3 = Tod 4 = unbekannt 5 = nicht aufgetreten	aus der Komplikation die dem Eingriff zugeordnet ist	wenn komplikation = "tod": "3" wenn revisionsoperation = "1": "2" wenn revisionoperation "0": "1" sonst: "4"
/dam/patient/fall/therapie/operation/op_komplikation	op_komplikationsart	komplikation.komplikation	1..1 none					Art der OP-Komplikation: 0 = keine 1 = Wundinfektion 2 = Wundheilungsstörung 3 = Blutung 4 = Anastomosensuffizienz 5 = sonstige, Benchmarking	aus der Komplikation die dem Eingriff zugeordnet ist	siehe Codierungstabelle WDC
/dam/patient/fall/therapie/operation	mesorektumexstirpation	eingriff.me eingriff.pme						Mesorektumexstirpation 0 = keine 1 = TME 2 = PME 3 = nicht zutreffend, Benchmarking		wenn tme = "1": "1" wenn pme = "1": "2" sonst: "0"
/dam/patient/fall/therapie/operation/stoma	kuenstl_darmausgang	eingriff_ops	1..1 none					Künstlicher Darmausgang? 0 = nein 1 = ja 2 = nicht zutreffend		wenn einer der folgenden OPS Codes dokumentiert ist 5-455.* und an der 6. Stelle eine 2, 3, 4, oder 6 5-456.* und an der 6. Stelle eine 0 oder 7 5-458.* und an der 6. Stelle eine 2, 3 oder 4 (Code aus 2012) 5-460* bis einschl. 5-463* 5-e03.y, 5-e04.y, 5-e05.y, 5-e06.y oder 5-e07.y 5-484.* und an der 6. Stelle eine 2 oder 6 dann "1" exportieren sonst: "0"
/dam/patient/fall/therapie/operation/stoma	stoma_protektiv	eingriff_ops	1..1 nonNegativeInteger	[0, 1]				wenn mindestens ein OPS-Code aus dem Bereich 5-462* dokumentiert ist: "1" sonst: "0"		wenn mindestens ein OPS-Code aus dem Bereich 5-462* dokumentiert ist: "1" sonst: "0"
/dam/patient/fall/therapie/operation/lymphknoten	lymphknoten_extirpation	eingriff_ops	1..1 none					Regionäre Lymphknotenexstirpation vorgenommen? 0 = nein 1 = ja 2 = nicht zutreffend, Benchmarking		wenn min. ein OPS-Code aus dem Bereich 5-400*: 5-401*, 5-402*, 5-406*, 5-407.2*, 5-407.3*, 5- 407.4*, 5-407.x*, 5-407.y*, 5-408.5*, 5-455.4*, 5- 455.6*, 5-458.0*, 5-458.1*, 5-458.5* dokumentiert ist: "1" sonst: "0"
/dam/patient/fall/therapie/operation/lymphknoten	anz_entf_lymphknoten_histo	histologie.lk_entf	1..1 none					Anzahl entfernter regionärer Lymphknoten, die histologisch untersucht wurden -1 = nicht zutreffend ->= 0 Anzahl LK, Benchmarking	aus der Histologie, die dem Eingriff zugeordnet ist	Anzahl exportieren wenn leer: "1"
/dam/patient/fall/therapie/operation/lymphknoten	anz_entf_lymphknoten_pos	histologie.lk_bef						Anzahl entfernter hist. positiver Lymphknoten	aus der Histologie, die dem Eingriff zugeordnet ist	Anzahl exportieren
/dam/patient/fall/therapie/operation	regionale_operationsverfahren	eingriff_ops	1..1 none					0 = keine 1 = TEM 2 = Mucosektomie 3 = sonstiges 4 = nicht zutreffend, Benchmarking		wenn min. ein OPS-Code aus dem Bereich 5- 452.2*, 5-452.5* dokumentiert ist: "1". sonst wenn min. ein OPS-Code aus dem Bereich 5- 456.2* dokumentiert ist: "2", sonst: "4"
/dam/patient/fall/therapie/operation	mercury	histologie.mercury	1..1 none					Beurteilung der Qualität der Meso-Rektumexstirpation ("Mercury- Grad") 0 = unbekannt 1 = Grad 1 (good) 2 = Grad 2 (moderate) 3 = Grad 3 (poor) 4 = trifft nicht zu, Benchmarking	aus der Histologie, die dem Eingriff zugeordnet ist	keine Codierung notwendig, MED-Codierung entspricht der WDC-Codierung wenn leer: "0"
/dam/patient/fall/therapie/operation	leberresektion	eingriff therapie_systemisch	0..1 none					Primäre oder sekundäre Leberresektion durchgeführt? 1 = ja, primäre Leberresektion 2 = ja, sekundäre Leberresektion 3 = trifft nicht zu, Benchmarking		wenn mindestens ein OPS-Code aus dem Bereich 5-501*, 5-502*, 5-509* dokumentiert ist und keine Therapie mit einem Medikament der Gruppe "Chemotherapie" mit Beginn vor dem Datum des Eingriffs dokumentiert ist: "1" wenn mindestens ein OPS-Code aus dem Bereich 5-501*, 5-502*, 5-509* dokumentiert ist und mindestens eine Therapie mit einem Medikament aus der Gruppe "Chemotherapie" mit Beginn vor dem Datum des Eingriffs dokumentiert ist: "2" sonst: "3"

/dam/patient/fall/therapie/operation	ohne_anastomose	eingriff_ops								0= nein 1= ja	wenn mindestens einer der folgenden OPS-Codes dokumentiert ist: OPS Code beginnt mit 5-455 und an der 6. Stelle ist ein 1, 4 oder 5 (z.B 5-455.41) oder OPS Code beginnt mit 5-456 und an der 6. Stelle ist eine 1, 2, 3, 4, 5, oder 6 oder OPS Code beginnt mit 5-458 und an der 6. Stelle ist eine 1, 4, oder 5 oder OPS Code beginnt mit 5-484 und an der 6. Stelle ist eine 1 oder 5 oder OPS Code 5-459.2 oder 5-459.3 ist dokumentiert OPS-Code 5-e00.y OPS-Code 5-e01.y OPS-Code 5-e02.y, dann : '0' sonst: "1"
Der Block "systemtherapie" wird in folgenden 2 Fällen, jeweils für jede Therapie bzw. Therapieplanabweichung ein Block, exportiert: 1. Dokumentierte Systemische Therapie 2. Therapieplanabweichung "Chemotherapie", "Immuntherapie", "Antihormonelle Therapie", "andere systemische Therapie"											
											Fall 1: siehe l_basic.therapieart Fall 2: wenn therapieplanabweichung mit bezug.chemo, bezug.immun, bezug.ah oder bezug.andere: '0' Fall 1: die dokumentierte Bezeichnung exportieren Fall 2: kann nicht angegeben werden
/dam/patient/fall/therapie/systemtherapie	systemtherapie_therapieplan_abweichung_bezug_therapieplan_abweichung_bezug_therapie.art	therapie_systemisch -> vorlage_therapie.art	1..1	none						aus der in der Therapie dokumentierten Vorlage	0= keine 1= Chemotherapie 2= Antikörper / Immuntherapie 3= Chemotherapie + Antikörper / Immuntherapie 4= additiv, Benchmarking
/dam/patient/fall/therapie/systemtherapie	protokoll	therapie_systemisch -> vorlage_therapie.bez	1..1	string	(1, 200)					Eine nichtlere Zeichenkette mit maximal 200 Zeichen	Intention der Systemtherapie: 1= neoadjuvant 2= adjuvant 3= kurativ 4= palliativ 5= palliativ + adjuvant, Benchmarking
/dam/patient/fall/therapie/systemtherapie	systemtherapie_intention	therapieplan.chemo_intention therapieplan.immun_intention therapieplan.ah_intention therapieplan.andere_intention	0..1	none						Fall 1: siehe l_basic.intention Fall 2: Intention des referenzierten Therapieplanes angeben. Codierung siehe l_basic.intention	
/dam/patient/fall/therapie/systemtherapie	systemtherapie_beg_datum	therapie_systemisch.beginn	1..1	date	(0, N)					Fall 1: Datum exportieren Fall 2: kann nicht angegeben werden	
/dam/patient/fall/therapie/systemtherapie	systemtherapie_ende_datum	therapie_systemisch.ende	1..1	date	(0, N)					Fall 1: wenn nicht dokumentiert, dann "1900-01-01" exportieren Fall 2: kann nicht angegeben werden	
/dam/patient/fall/therapie/systemtherapie	systemtherapie_ergebnis	therapie_systemisch.endstatus therapie_systemisch.endstatus_grund	1..1	positivellneger	(1, 2, 3, 4, 5, 6)					Fall 1: wenn endstatus = "plan" oder "abw": "1" "hn" oder "nhn": "2" wenn endstatus = "abbr" und endstatus_grund ist "od": "3" wenn endstatus = "abbr" und endstatus_grund ist "patw": "4" wenn endstatus "leer": "5" Fall 2: "6"	
/dam/patient/fall/therapie/systemtherapie	systemtherapie_erfolg	therapie_systemisch.best_response	0..1	none						Fall 1: wenn "CR": "1" wenn "PR": "2" wenn "SD": "3" wenn "PD": "4" wenn "NED": "6" wenn leer: "6" Fall 2: "5"	
/dam/patient/fall/therapie/systemtherapie	keine_systemtherapie	therapieplan_abweichung_grund	1..1	positivellneger	(1, 2, 3, 4, 5, 6, 7)					Fall 1: kann nicht angegeben werden Fall 2: Codierung siehe l_basic.therapieplan_abweichung_grund	
Der Block "strahlentherapie" wird in folgenden 2 Fällen, jeweils für jede Therapie bzw. Therapieplanabweichung ein Block, exportiert: 1. Dokumentierte Strahlentherapie 2. Therapieplanabweichung "Strahlentherapie"											
/dam/patient/fall/therapie/strahlentherapie	strahlentherapie_therapieplan_abweichung_bezug_strahlen	strahlentherapie	1..1	nonNegativellneger	(0, 1)					Für Fall 1: "1" Fall 2: wenn Therapieplanabweichung mit bezug.strahlen = "1"; "0"	
/dam/patient/fall/therapie/strahlentherapie	strahlentherapie_intention	strahlentherapie_intention therapieplan.strahlen_intention	0..1	none						Fall 1: siehe l_basic.intention Fall 2: Intention des referenzierten Therapieplans exportieren. Codierung siehe l_basic.intention	

/dam/patient/fall/therapie/strahlentherapie	strahlentherapie_beg_datum	strahlentherapie_beginn	1..1 date	(0, N)		Datum im Bereich zwischen 01.01.1900 - 31.12.2050 Form: yyyy-mm-dd 1900-01-01 wird als "unbekannt" gewertet	Fall 1: Datum exportieren Fall 2: kann nicht angegeben werden
/dam/patient/fall/therapie/strahlentherapie	strahlentherapie_ende_datum	strahlentherapie_ende	1..1 date	(0, N)		Datum im Bereich zwischen 01.01.1900 - 31.12.2050 Form: yyyy-mm-dd 1900-01-01 wird als "unbekannt" gewertet	Fall 1: Datum exportieren wenn nicht dokumentiert, dann "1900-01-01" exportieren Fall 2: kann nicht angegeben werden
/dam/patient/fall/therapie/strahlentherapie	strahlentherapie_ergebnis	strahlentherapie_endstatus_grund	1..1 positiv/einzeiger		[1, 2, 3, 4, 5, 6]	1 = abgeschlossen / regulär beendet 2 = abgebrochen wegen Nebenwirkungen 3 = Pat. verstorben 4 = Pat. verweigert weitere Therapie 5 = unbekannt 6 = nicht zuretfend	Fall 1: wenn endstatus = "plan" oder "abw": "1" wenn endstatus = "abbr" und endstatus_grund ist "he" oder "rht": "2" wenn endstatus = "abbr" und endstatus_grund ist "tod": "3" wenn endstatus = "abbr" und endstatus_grund ist "patw": "4" wenn endstatus "leer": "5" Fall 2: kann nicht angegeben werden
/dam/patient/fall/therapie/strahlentherapie						1 = Begleiterkrankung 2 = Multimorbidität 3 = Wunsch des Patienten 4 = Kontraindikation 5 = sonstige Faktoren 6 = nicht indiziert 7 = nicht zuretfend	Fall 1: kann nicht angegeben werden Fall 2: Codierung siehe _basic.therapieplan_abweichung_grund
/dam/patient/fall/therapie/strahlentherapie	keine_strahlentherapie	therapieplan_abweichung_grund	1..1 positiv/einzeiger		[1, 2, 3, 4, 5, 6, 7]	Gesamtdosis in Gray (Gy)	Fall 1: Wert exportieren
/dam/patient/fall/therapie/strahlentherapie	gesamtosis	strahlentherapie_gesamtdosis	0..1 none			Boost in Gray (Gy)	Fall 1: Wert exportieren
/dam/patient/fall/therapie/strahlentherapie	boost	strahlentherapie_boostosis	0..1 none			Carcinoembryonales Antigen (CEA) in mikrocyl, Benchmarking	Fall 2: kann nicht angegeben werden
/dam/patient/fall/therapie/strahlentherapie	cea	labor_wert	1..1 none			Datum im Bereich zwischen 01.01.1900 - 31.12.2050 Form: yyyy-mm-dd 1900-01-01 wird als "unbekannt" gewertet	parameter = "cea" Laborformular, aus dem cea gezogen wird
/dam/patient/fall/labor/cea	cea_datum	labor_datum	1..1 date	(0, N)		Datum im Bereich zwischen 01.01.1900 - 31.12.2050 Form: yyyy-mm-dd 1900-01-01 wird als "unbekannt" gewertet	Datum exportieren
Der Block "nachsorge" wird für jedes Formular "Nachsorge einmal exportiert"							
/dam/patient/fall/nachsorge	nachsorge_datum	nachsorge_datum	1..1 date	(0, N)		Datum im Bereich zwischen 01.01.1900 - 31.12.2050 Form: yyyy-mm-dd 1900-01-01 wird als "unbekannt" gewertet	wenn abschluss_grund = "lost": "1" sonst: "0"
/dam/patient/fall/follow_up	lost_follow_up	abschluss_abschluss_grund	1..1 nonNegativ/einzeiger		[0, 1]	0 = nein 1 = ja	wenn abschluss_grund = "tot" undtod_tumorassoziation = "tot": 1 ...tod_tumorassoziation = "totn" oder "totmt": 0 ...tod_tumorassoziation = "totnb" oder "leer": "2"
/dam/patient/fall/follow_up	overall_survival	abschluss_abschluss_grund abschluss_tod_tumorassoziation	1..1 nonNegativ/einzeiger		[0, 1, 2]	0 = nein 1 = ja 2 = unbekannt	Zeitdiffrenz zwischen o.g. Bezugsdatum und dem zeitlich frühesten datum_sicherung eines tumorstatus mit anlass = "r"
/dam/patient/fall/follow_up	disease_free_survival	tumorstatus_datum_sicherung	nonNegativ/einzeiger			Anzahl in Monaten	Angabe in Monaten

Übersetzung TNM - UICC-Stadium bei Kolon und Rektum Tumoren

Falls Lokalisation nicht dokumentiert, **dann:** Mapping von ICD-10 Diagnose auf ICD-O

[illegible]