

Ergebnisse der Diabetes-Surveillance 2015 - 2024

Robert Koch-Institut

Beitragende

Team der Nationalen Diabetes-Surveillance^{1,2}

¹ Robert Koch-Institut | Fachgebiet 24

² Robert Koch-Institut | Fachgebiet 25

Zitieren

Robert Koch-Institut. (2025). Ergebnisse der Diabetes-Surveillance 2015 - 2024 [Data set]. Zenodo.

<https://doi.org/10.5281/zenodo.14935276>

Zusammenfassung

Im Datensatz "Ergebnisse der Diabetes-Surveillance 2015 - 2024" des Robert Koch-Instituts werden Informationen zu Diabetes mellitus in Deutschland bereitgestellt. Im Rahmen des zugrundeliegenden Projekts "Diabetes-Surveillance" wurde ein indikatorbasiertes Surveillance-System für die zeitnahe und regelmäßige Berichterstattung zu Krankheitsdynamik, Versorgungsqualität, Determinanten und Folgeerkrankungen von Diabetes mellitus in Deutschland etabliert. Der Datensatz umfasst aggregierte Auswertungen zu 40 Indikatoren und Indikatorgruppen, strukturiert nach vier gesundheitsrelevanten Handlungsfeldern: Diabetesrisiko reduzieren, Diabetesfrüherkennung und -behandlung verbessern, Diabeteskomplikationen reduzieren sowie Krankheitslast und -kosten senken. Die Indikatoren basieren auf Primär- und Sekundärdaten (u.a. Gesundheitsbefragungen, amtliche Statistik, Krankenkassendaten) und wurden standardisiert nach Geschlecht, Alter, Region und Bildung aufbereitet. Zudem wird zwischen Kindern und Jugendlichen sowie Erwachsenen unterschieden. Der Ergebnisstand der Diabetes-Surveillance zum Projektende 2024 ist auf dem Publikationsserver des RKI veröffentlicht (<https://edoc.rki.de/handle/176904/12467>).

Inhaltsverzeichnis

- Informationen zum Datensatz und Entstehungskontext
- Administrative und organisatorische Angaben
- Entstehungskontext
- Daten und Datenaufbereitung
- Indikatoren

- Aufbau und Inhalt des Datensatzes
- Hinweise zur Nachnutzung der Daten

Inhaltsverzeichnis

Beispieltext

Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Aenean commodo ligula eget dolor. Aenean massa. Cum sociis natoque penatibus et magnis dis parturient montes, nascetur ridiculus mus. Donec quam felis, ultricies nec, pellentesque eu, pretium quis, sem.

Nulla consequat massa quis enim. Donec pede justo, fringilla vel, aliquet nec, vulputate eget, arcu. In enim justo, rhoncus ut, imperdiet a, venenatis vitae, justo. Nullam dictum felis eu pede mollis pretium. Integer tincidunt. Cras dapibus. Vivamus elementum semper nisi. Aenean vulputate eleifend tellus. Aenean leo ligula, porttitor eu, consequat vitae, eleifend ac, enim. Aliquam lorem ante, dapibus in, viverra quis, feugiat a,

Variablen und Werte

Die Datei [Sandbox_Data.tsv](#) enthält die in der folgenden Tabelle abgebildeten Variablen und deren Ausprägungen. Ein maschinenlesbares Datenschema ist im [Data Package Standard](#) in [tableschema_Sandbox_Data.json](#) hinterlegt:

[tableschema_Sandbox_Data.json](#)

Variable	Typ	Ausprägungen	Beschreibung
LINEAGE	string	Beispiel: BA.2	Zugewiesene Pangolin Lineage
WHO_LABEL	string	Beispiel: Omikron	Name der Virusvariante, der von der World Health Organisation vergeben wurde
CONTRIBUTING_LINEAGES	string	Beispiel: JN.13.1	Pangolin Lineages, die von der Lineage abstammen
COLOR	any		Veraltete Variable. Ist nicht mehr relevant und wird perspektivisch entfernt.
variant_category	string	Werte: voc , voi	WHO Einstufung der Variante als VOC (variant of concern) oder VOI (variant of interest)

Die Datei [Sandbox_Data_lfs.tsv](#) enthält die in der folgenden Tabelle abgebildeten Variablen und deren Ausprägungen. Ein maschinenlesbares Datenschema ist im [Data Package Standard](#) in [tableschema_Sandbox_Data_lfs.json](#) hinterlegt:

[tableschema_Sandbox_Data_lfs.json](#)

Variable	Typ	Ausprägungen	Beschreibung
igs_id	string	Beispiel: IGS-10099-CVDP-01A2C74B-54A8-47B1-B7E4-6562C6231234	Ein eindeutiger Identifikator der Sequenzdaten und Metadaten zusammenführt. Dieser Identifikator wird als

			Teil der FASTA ID in den Sequenzdaten genutzt.
date_of_sampling	date	Format: YYYY-MM-DDTHH:MM:SS	Datum der Probeentnahme im ISO 8601 Format ohne Zeitzone
sequencing_platform	string	Beispiel: ILLUMINA	Die verwendete Sequenzierungs-Plattform auf Basis der von ENA zugelassenen Ontologie (siehe ena).
sequencing_reason	string	Werte: random, requested, clinical, other	Grund für die Durchführung der Sequenzierung random : Die Probe wurde randomisiert genommen. requested : Die Probe wurde aufgrund von Bedenken/Verdacht auf eine neue Variante oder Vergleichbares genommen. clinical : Die Probe kommt aus einem klinischem Umfeld. other : Der Grund ist keiner der oben genannten.
isolation_source	string	Beispiel: Nasopharyngeal swab (specimen)	DEMIS Vokabular
lab_sequence_id	string	Beispiel: 873a7cc28d29e3f17b0544ea6e9e8436defe32f6d60649159ee8ac78d4147ac9	Vom Labor genutzte FASTA ID in verschlüsselter Form
date_of_submission	date	Format: YYYY-MM-DDTHH:MM:SS	Datum des Eingangs des Genoms am RKI im ISO 8601 Format ohne Zeitzone
version	integer	Werte: ≥0	Version der Sequenz startend mit 0
prime_diagnostic_lab.demis_lab_id	string	Beispiel: DEMIS-10099	Identifikationsnummer des primärdiagnostischen Labors
prime_diagnostic_lab.postal_			Postleitzahl des

code	string	Beispiel: 50858	primärdiagnostischen Labors
sequencing_lab.demis_lab_id	string	Beispiel: DEMIS-10099	Identifikationsnummer des sequenzierenden Labors
sequencing_lab.postal_code	string	Beispiel: 50858	Postleitzahl des sequenzierenden Labors
lineages	string	Beispiele: [{ 'method': 'PANGOLIN_LATEST', 'classification_version': 'PUSHER-v1.28.1', 'tool_version': '4.3', 'lineage': 'BA.2', '@qc_notes': 'Ambiguous_content:0.02', '@is_designated': False, '@qc_status': 'pass', '@conflict': 0.0, '@note': 'Usher placements: BA.2(1/1)'}]	Pangolin Zuordnung im JSON-Format

Metadaten

Zur Erhöhung der Auffindbarkeit sind die bereitgestellten Daten mit Metadaten beschrieben. Über GitHub Actions werden Metadaten an die entsprechenden Plattformen verteilt. Für jede Plattform existiert eine spezifische Metadatendatei, diese sind im Metadatenordner hinterlegt:

Metadaten/

Versionierung und DOI-Vergabe erfolgt über [Zenodo.org](https://zenodo.org/). Die für den Import in Zenodo bereitgestellten Metadaten sind in der [zenodo.json](#) hinterlegt. Die Dokumentation der einzelnen Metadatenvariablen ist unter <https://developers.zenodo.org/#representation> nachlesbar.

Metadaten/zenodo.json

In der zenodo.json ist neben dem Publikationsdatum ("publication_date") auch der Datenstand in folgendem Format enthalten (Beispiel):

```
"dates": [
  {
    "start": "2023-09-11T15:00:21+02:00",
    "end": "2023-09-11T15:00:21+02:00",
    "type": "Collected",
    "description": "Date when the Dataset was created"
  }
],
```

Hinweise zur Nachnutzung der Daten

Offene Forschungsdaten des RKI werden auf [Zenodo.org](https://zenodo.org), [GitHub.com](https://github.com), [OpenCoDE](https://opencode.de) und [Edoc.rki.de](https://edoc.rki.de) bereitgestellt:

- <https://zenodo.org/communities/robertkochinstitut>
- <https://github.com/robert-koch-institut>
- <https://gitlab.opencode.de/robert-koch-institut>
- <https://edoc.rki.de/>

Lizenz

Der Datensatz "Open Data Sandbox" ist lizenziert unter der [Creative Commons Namensnennung 4.0 International Public License | CC-BY 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/).

Die im Datensatz bereitgestellten Daten sind, unter Bedingung der Namensnennung des Robert Koch-Instituts als Quelle, frei verfügbar. Das bedeutet, jede Person hat das Recht die Daten zu verarbeiten und zu verändern, Derivate des Datensatzes zu erstellen und sie für kommerzielle und nicht kommerzielle Zwecke zu nutzen. Weitere Informationen zur Lizenz finden sich in der [LICENSE](#) bzw. [LIZENZ](#) Datei des Datensatzes.

Appendix

Dies ist ein Beispiel-Appendix .