# 3ème partie :

Récupérer les tables diag\_finale et anapath\_finale dans la base après traitement sur R

Elimination des lignes vides (sans codes) sur la table diag\_finale ( delete from where)

fusionner en une seule table qui contient les codes dans diag\_finale si pas d’anapath sinon les codes de anapath\_finale( à l’aide de procédures stockées sur phpMyAdmin)

## Pour chaque patient :

* Si cancer systémique (group\_morpho\_iacr 15 ) ou du système hematopoietique (groupes 8-14 ) => 1 seul cancer (table cancer)
* Sinon :
  + Si même morpho
    - Si même groupe topo => 1 seul cancer (table test)
      * Si diagnostiqué même jour on prend les codes dans table1 (remplacer un code) ( table test1)
      * Sinon On prend le code topo du 1er diagnostic (remplacer un code) (table test2)
    - Sinon on prend tout (table test3)
  + Si différente morpho :
    - Si même groupe morpho
      * + Si même topo

1 seul cancer avec le plus élevé code CIM03morpho (table test5)

* + - * + Sinon on prend tout (table test6)
    - Si différents groupes morpho on prend tout (table test4)

Ajouter test1,2,3,4,5,6 dans table cancer (insert into select distinct)

Remplacer le contenu de la table cancer par (distinct\* from cancer) à l’aide d’une table intermédiaire ( table test7)

# Sur la table cancer :

# Pour chaque patient :

* Si même topo :
  + - Si groupe morpho not in(5-14-17)
      * Effacer les 4-14 et 17
    - Si groupe morpho 5
      * Effacer 15 et 17
    - Si groupe morpho14
      * Effacer 17