

Benutzerhandbuch SmICS

Use Case Leitung: Simone Scheithauer, Michael Marschollek
Technische Leitung SmICS: Pascal Biermann, Antje Wulff

Infection Control Study Group: Simone Scheithauer¹; Martin Kaase¹; Nicolas Reinoso-Schiller¹; Sabine Rey²; Markus Suhr²; Dirk Schlüter³; Claas Baier³; Michael Marschollek⁴; Antje Wulff^{4,5}; Sarah Ballout⁴; Pascal Biermann⁴; Vanessa M. Eichel⁶; Nico T. Mutters^{6,7}; Klaus Heeg⁸; Angela Merzweiler⁹; Petra Gastmeier¹⁰; Michael Behnke¹⁰; Luis Alberto Peña Diaz¹⁰; Sylvia Thun^{11,12}; Roland Eils¹¹; Alexander Mellmann¹⁴; Hauke Tönnies¹⁴; Martin Dugas¹⁵; Michael Storck¹⁵; Tom Baumgartl^{16,17}; Tatiana von Landesberger¹⁷; Eric Windler¹⁶; Felix Müller¹⁶; Cora Drenkhahn¹⁸; Benjamin Gebel¹⁹; Thorsten Klingen²⁰; Stephan Glöckner²⁰; Benedikt Zacher²¹; Tim Eckmanns²¹; Timo Sztyler²²; Brandon Malone²²

¹*Institute of Infection Control and Infectious Diseases, University Medical Center Göttingen (UMG), Georg-August University Göttingen, Göttingen, Germany.*

²*Institute of Medical Informatics, University Medical Center Göttingen (UMG), Georg-August University Göttingen, Göttingen, Germany*

³*Institute for Medical Microbiology and Hospital Epidemiology, Hannover Medical School, Hannover, Germany*

⁴*Peter L. Reichertz Institute for Medical Informatics of TU Braunschweig and Hannover Medical School, Hannover, Germany*

⁵*Big Data in Medicine, Department of Health Services Research, School of Medicine and Health Sciences, Carl von Ossietzky University Oldenburg, Oldenburg, Germany*

⁶*Section for Hospital Hygiene and Environmental Health, Centre of Infectious Diseases, Heidelberg University Hospital, Heidelberg, Germany*

⁷*Institute for Hygiene and Public Health, University Hospital Bonn, Bonn, Germany.*

⁸*Medical Microbiology and Hygiene, Department of Infectious Diseases, Heidelberg University Hospital, Heidelberg, Germany*

⁹*Department MIS, Heidelberg University Hospital, Heidelberg, Germany.*

¹⁰*Charité-Universitätsmedizin Berlin, corporate member of Freie Universität Berlin, Humboldt-Universität zu Berlin, and Berlin Institute of Health, Institute of Hygiene and Environmental Medicine, Germany; National Reference Centre for Surveillance of Nosocomial Infections*

¹¹*Berlin Institute of Health (BIH), Berlin, Germany*

¹²*Charité - Universitätsmedizin Berlin*

¹⁴*Institute of Hygiene, University Hospital Muenster, Muenster, Germany*

¹⁵*Institute of Medical Informatics, University of Muenster, Muenster, Germany.*

¹⁶*Technical University of Darmstadt, Darmstadt, Germany.*

¹⁷*University of Köln, Köln, Germany.*

¹⁸*IT Center for Clinical Research (ITCR-L) and Institute of Medical Informatics (IMI), University of Lübeck, Lübeck, Germany*

¹⁹*Department of Infectious Diseases and Microbiology, University Medical Center Schleswig-Holstein, Luebeck, Germany*

²⁰*Helmholtz Centre for Infection Research (HZI), Braunschweig, Germany.*

²¹*Robert Koch Institute, Berlin, Germany.*

²²*NEC Laboratories Europe GmbH, Heidelberg, Germany.*

Historie / Änderungsverlauf

Version	Datum	Beschreibung
0.9	24.03.2021	Initialer Entwurf
1.0	31.03.2021	Erste Version Benutzerhandbuch CoSurvSmlCS V0.8 (Test)
1.1	15.06.2021	Überarbeitung Benutzerhandbuch CoSurvSmlCS V0.8 (Test)
2.0	20.09.2021	Erste Version Benutzerhandbuch CoSurvSmlCS V0.9
2.1	25.10.2021	Überarbeitung Version Benutzerhandbuch CoSurvSmlCS V0.9
3.0	05.11.2021	Erste Version Benutzerhandbuch CoSurvSmlCS V1.0
4.0	04.05.2022	Erste Version Benutzerhandbuch SmlCS

Inhalt

Historie / Änderungsverlauf	2
Abbildungsverzeichnis	4
1. Vorbemerkungen	5
1.1. Fachliche Hintergrundinformation	5
1.2. Technische Hintergrundinformation	5
2. Einrichtung	6
2.1. Erstinstallation	6
2.2. Aufruf am Arbeitsplatz	6
2.2.1. Einrichtung und Starten am Arbeitsplatz	6
2.2.2. Anmeldung	6
2.2.3. Startseite	6
3. Aufbau und Funktionen	8
3.1. Grundlegender Aufbau	8
3.2. Patienten-Historie	11
3.2.1. Patientenaufenthalte und Befunde	11
3.2.2. Patienten-Detailansicht mit Symptomen und Impfstatus (COVID-19)	13
3.3. Epidemiologische Kurve	15
3.4. Detektionsalgorithmus	16
3.4.1. Funktionsweise des Algorithmus	16
3.4.2. Konfiguration von Berechnungsregeln für den Algorithmus	16
3.4.3. Visualisierung der Ergebnisse	20
3.5. Kontaktnetzwerk	21
3.6. Stationsansicht	23
3.7. Patientenansicht	24
3.8. Patientenkontakte	24
3.9. Kontaktvergleich	25
3.10. Formulare zur Erfassung von Kontakten des klinischen Personals (Prototyp)	26
3.10.1. Ansicht und Wahl der Formulare	26
3.10.2. Bericht zur Kontaktverfolgung	27
3.10.3. Personeninformationen zur Infektionskontrolle	27
3.10.4. Personeninformationen	27

4.	Anlagen	28
4.1.	Anlage 1 – Datenhandbuch.....	28
4.1.	Anlage 2 – ETL Hinweise.....	31
4.1.	Anlage 3 – Kurzanleitung zur SmlCS-Benutzung am Beispiel möglicher Aufgaben aus der Krankenhaushygiene 32	

Hinweis: In dieser Dokumentation wird das generische Maskulinum verwendet. Weibliche und diverse Geschlechteridentitäten sind dabei ausdrücklich eingeschlossen.

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: SmICS - Startseite.....	7
Abbildung 2: Statistikmodul - Buttons	7
Abbildung 3: SmICS Visualisierung – Startansicht (leer)	8
Abbildung 4: SmICS Visualisierung - Eingabefelder	9
Abbildung 5: SmICS Visualisierung - Startansicht nach Eingabe der Parameter und initialem Laden	9
Abbildung 6: SmICS Visualisierung - Veränderte Größe der Tabs.....	10
Abbildung 7: Patienten-Historie mit Anzeige der Patienten-IDs (Mouse Over)	11
Abbildung 8: Patienten-Historie - Mouse Over Befund	12
Abbildung 9: Patienten-Historie - Mouse Over Bewegung	12
Abbildung 10: Patienten-Historie - Scrollbalken	12
Abbildung 11: Patienten-Detailansicht - Darstellung quantitatives Ergebnis (ct-Wert)	13
Abbildung 12: Patienten-Detailansicht - Impfsymbol in den Zeilen	14
Abbildung 13: Patienten-Detailansicht - Impfsymbol am linken Rand der Zeilen	14
Abbildung 14: Patienten-Detailansicht - Symptome	14
Abbildung 15: Epidemiologische Kurve – Tagesaktuelle Fallzahl	15
Abbildung 16: Epidemiologische Kurve – Einschränken der Ansicht.....	15
Abbildung 17: Detektionsalgorithmus – SmICS-Startseite mit Link zu RKI Konfigurationen.	16
Abbildung 18: Detektionsalgorithmus – Layout des Konfigurationsmoduls.	17
Abbildung 19: Detektionsalgorithmus – Wahl einer Station	17
Abbildung 20: Detektionsalgorithmus – Wahl eines Erregers.	18
Abbildung 21: Detektionsalgorithmus – Wahl des Lookback-Zeitraums.....	18
Abbildung 22: Detektionsalgorithmus – Wahl einer retrospektiven Analyse.....	19
Abbildung 23: Detektionsalgorithmus – Übernehmen der Konfigurationen.....	19
Abbildung 24: Detektionsalgorithmus – Visualisierung der Ergebnisse	20
Abbildung 25: Kontaktnetzwerk.....	21
Abbildung 26: Kontaktnetzwerk – Mouse-Over Patient.....	22
Abbildung 27: Kontaktnetzwerk – Mouse-Over Verbindungslinie	22
Abbildung 28: Stationsansicht.....	24
Abbildung 29: Patientenansicht	24
Abbildung 30: Patientenkontakte.....	25
Abbildung 31: Kontaktvergleich	26
Abbildung 32: Übersicht zur Kontakterfassung klinischen Personals (Prototyp)	27

1. Vorbemerkungen

Das **Smart Infection Control System** (SmlCS) ist ein klinisches Anwendungssystem, das es erlaubt, Patientendaten, stationäre Patientenaufenthalte und Laborbefunddaten räumlich und zeitlich aufgelöst interaktiv zu visualisieren. Durch eine algorithmische Auswertung von Patientenbewegungen im Klinikum und Erregernachweisen im zeitlich-räumlichen Kontext soll die Anwendung bei der Detektion, Analyse und Surveillance von Erregern, Erregerclustern und noskomialen Ausbrüchen unterstützen.

Initial im HiGHmed-Projekt der Medizininformatik-Initiative entworfen und entwickelt für mikrobiologische Erreger, wird das SmlCS als Kernkomponente des im Rahmen des Projektes B-FAST (Netzwerk Universitätsmedizin) zu entwickelnden Systems Co-Surv zur COVID-19 Surveillance auf virologische Erreger angepasst, um Funktionen erweitert und bereitgestellt; es trägt daher folgend das Präfix Co-Surv (Co-Surv-SmlCS). Die hier beschriebene Version fokussiert nun wieder die ursprüngliche Fragestellung nach mikrobiologischen Erregern aus dem HiGHmed-Kontext (**SmlCS**).

1.1. Fachliche Hintergrundinformation

B-FAST - Bundesweites Forschungsnetz Angewandte Surveillance und Testung

B-FAST ist ein Projekt aus dem Netzwerk Universitätsmedizin (NUM). Ziel des Netzwerks Universitätsmedizin ist es, gemeinsam mit anderen Akteuren des Gesundheitssystems die Corona-Pandemie zu bewältigen. Das Netzwerk Universitätsmedizin will bestmöglich evidenzbasierte Erkenntnisse liefern, wie man das Infektionsrisiko senken kann und welche Frühwarn- und Überwachungssysteme lokale Infektionsausbrüche schnell erkennen lassen. Vernetzt erhobene Daten sollen helfen, die Bedingungen und Abläufe in den Krankenhäusern sowie die Versorgung der an COVID-19 erkrankten Patient*innen in den Regionen zu verbessern. Informationen zu Daten, Erkenntnisse, Maßnahmenpläne, Diagnostik- und Behandlungsstrategien aller Universitätskliniken und ggf. weiterer Akteure werden im Sinne einer Bereitschaftsplanung für eine Pandemie („Pandemic Preparedness“) zusammengeführt und ausgewertet, um so bestmöglich auf die komplexen Anforderungen in einer Pandemie vorbereitet zu sein. Dabei werden zwischen allen Universitätskliniken nachhaltige Strukturen der Zusammenarbeit geschaffen, die auch für andere Pandemie-Situationen oder Gesundheitskrisen als Blaupause dienen können. Es gibt derzeit im Rahmen des NUM dreizehn bundesweit klinikübergreifende Forschungsprojekte. Infos zu den einzelnen Projekten finden Sie hier: <https://www.netzwerk-universitaetsmedizin.de/projekte>

Im Rahmen von B-FAST ist das Co-Surv-SmlCS entstanden, eine Adaption des SmlCS aus dem HiGHmed Projekt.

HiGHmed Infection Control

Informationen zum HiGHmed Infection Control Use Case finden Sie [hier](#).

1.2. Technische Hintergrundinformation

Das SmlCS ist als offene, auf dem Interoperabilitätsstandard *openEHR* basierende, Anwendung konzipiert, die die Verfügbarkeit einer openEHR-basierten Datenplattform am Standort voraussetzt. Des Weiteren müssen die für das SmlCS erforderlichen Daten als Instanzen der im Projekt und/oder national abgestimmten Datenmodelle (so genannte Archetypen und Templates) vorliegen, um die Funktionsfähigkeit der Anwendung zu gewährleisten. Eine Übersicht über die für die SmlCS erforderlichen Daten und die zu nutzenden Datenmodelle findet sich in Anlage 1 (Datenhandbuch).

Dieses Benutzerhandbuch beschreibt die Funktionen des SmlCS aus der Endbenutzer-Perspektive.

Hinweis: Das SmlCS ist aktuell nicht auf Performance optimiert. Das Laden dauert unter Umständen sehr lange. Wenn Sie ein kreisendes Ladesymbol sehen, lädt die Anwendung die aufgerufenen Module.

2. Einrichtung

2.1. Erstinstallation

Die Erstinstallation der Anwendung übernehmen die standorteigenen Administratoren. Technische Komponenten von SmlCS und Anforderungen an Server und Arbeitsplatz sowie eine Anleitung zur Erstinstallation sind in der Anlage 2 enthalten.

2.2. Aufruf am Arbeitsplatz

2.2.1. Einrichtung und Starten am Arbeitsplatz

Die Einrichtung der Anwendung am Arbeitsplatz obliegt den standorteigenen Administratoren. Je nach Ausgestaltung am Standort kann sich das Starten der Anwendung unterscheiden (z. B. über ein Icon auf dem Desktop oder als Link in einem anderen Anwendungssystem). In jedem Fall müssen sie sich für das Starten an ihrem Arbeitsplatz und im Netz ihres Standortes befinden. Die SmlCS wird zudem als Web-Anwendung erscheinen, d.h. über einen Browser (technische Voraussetzungen für den Arbeitsplatz siehe Anlage 2), aufrufbar sein.

2.2.2. Anmeldung

SmlCS enthält keine Nutzer-Authentifizierungskomponente und damit auch keine Login-Maske.

2.2.3. Startseite

Die Startseite ist Workflow-bedingt. Es kann entweder direkt auf den lokalen Port für die Visualisierung (3231 [without_auth]) oder den lokalen Port für die Startseite (Standard-HTTP(S)-Port 80[without_auth]) zugegriffen werden.

Die Startseite (80[without_auth]) begrüßt den User und enthält Informationen zum Smart Infection Control System (SmlCS). Sie enthält auch einen Link zum Benutzerhandbuch.

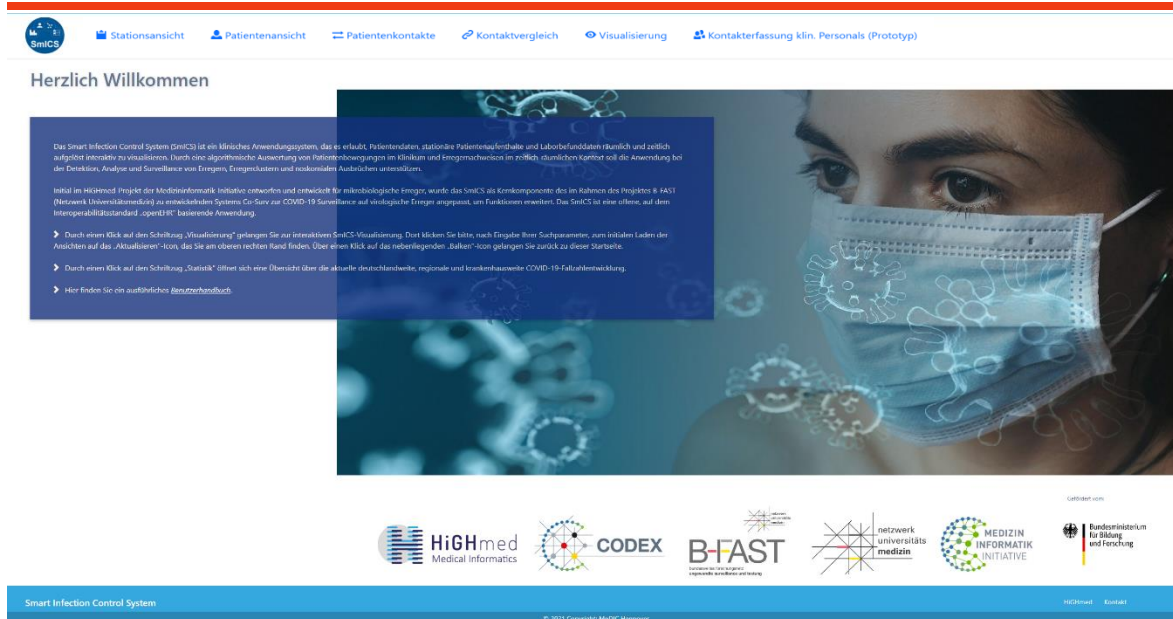


Abbildung 1: SmICS - Startseite


Über die Buttons am oberen Bildschirmrand können (1) eine Stationsansicht mit den dort hospitalisierten Patienten, (2) eine Patientenansicht mit patientenspezifischen Informationen über Befunde, (3) die Ansicht von Kontaktpatienten zu einem Indexpatienten, (4) ein Kontaktvergleich zwischen Patienten, (5) die SmICS Visualisierung und (6) die Kontakterfassung des klinischen Personals (Prototyp).



Abbildung 2: Statistikmodul - Buttons

3. Aufbau und Funktionen

3.1. Grundlegender Aufbau

Die aktuelle Web-Oberfläche des SmICS enthält verschiedene Tabs, die die nachfolgenden Komponenten umfassen (siehe Abbildung 3). Alle dieser Tabs können über zwei Schaltflächen , die sich am oberen rechten Rand befinden, vergrößert oder geschlossen werden.

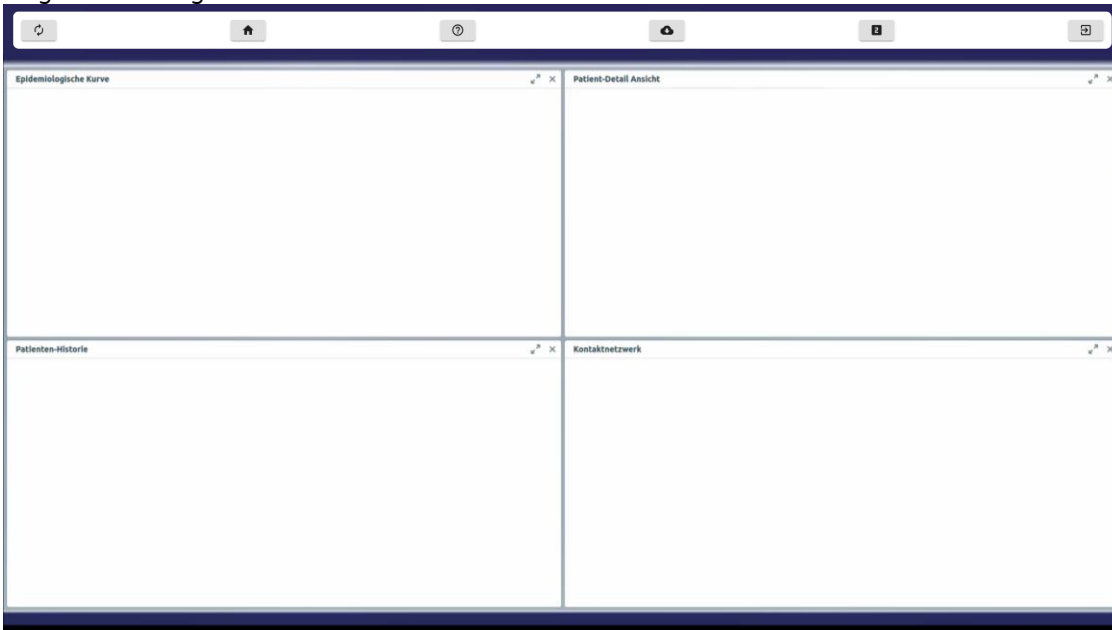


Abbildung 3: SmICS Visualisierung – Startansicht (leer)

Am linken Bildschirmrand im Bereich „Parameter“ finden sich sechs Eingabefelder, über die der zu betrachtende Zeitraum (Beginn [Datum], Ende [Datum]), der zu betrachtende Erreger (bitte den Erregerkürzel verwenden) und die anzuzeigenden Patienten (als *standortspezifische Patienten-Identifizierung*) durch die Endbenutzer vorgegeben werden können (siehe Abbildung 4: SmICS Visualisierung - Eingabefelder). Die Patienten-Eingaben umfassen (1) die Eingabe „Kontaktnetzwerk“, in der genau und maximal ein/e Patient eingetragen werden muss, um seine/ihre Kontakte nachfolgend im Kontaktnetzwerk anzeigen zu lassen, und (2) die Eingabe „Patienten-Liste“, in der mindestens ein/e Patient eingetragen werden muss, um ihre/seine Historie im Tab „Patienten-Historie“ zu betrachten (es können mehrere Patienten eingetragen und jeweils über das Häkchen bestätigt werden; diese werden dann unterhalb angezeigt). Für die Auswahl der Algorithmus-Konfiguration (siehe Kapitel 3.4) kann unter „RKI-Config“ die entsprechende Einstellung gewählt werden (bitte beachten Sie, dass dieses SmICS-Modul noch nicht aktiviert wurde).

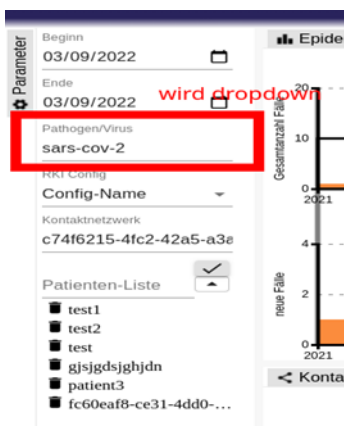







Abbildung 4: SmICS Visualisierung - Eingabefelder

Das initiale Laden und die Aktualisierung der verschiedenen Ansichten wird durch Anklicken des Icons  am oberen rechten Rand angezeigt. In derselben Leiste befindet sich zudem das Icon , über das zur Startseite gewechselt werden kann (siehe Kapitel **Fehler! Textmarke nicht definiert.**), das Icon , das eine globale Legende und eine kurze Hilfe-Ansicht öffnet (ein erneutes Klicken schließt diese Hilfe-Ansicht), das Icon , über das für Admins der aktuelle Cache der SmICS Visualisierung in der Browser-Entwicklungskonsole angezeigt werden kann, und das Icon , über das sich der User ausloggen kann (nur für eine Version mit Authentifizierung).

Das initiale Laden der Ansichten beansprucht eine gewisse Zeit, da die Daten erstmalig geladen werden. Das erneute Öffnen der Ansichten mit denselben Eingaben hingegen sollte unmittelbar erfolgen, da SmICS auf den Datenbestand im internen Speicher zugreift (*Cache*).

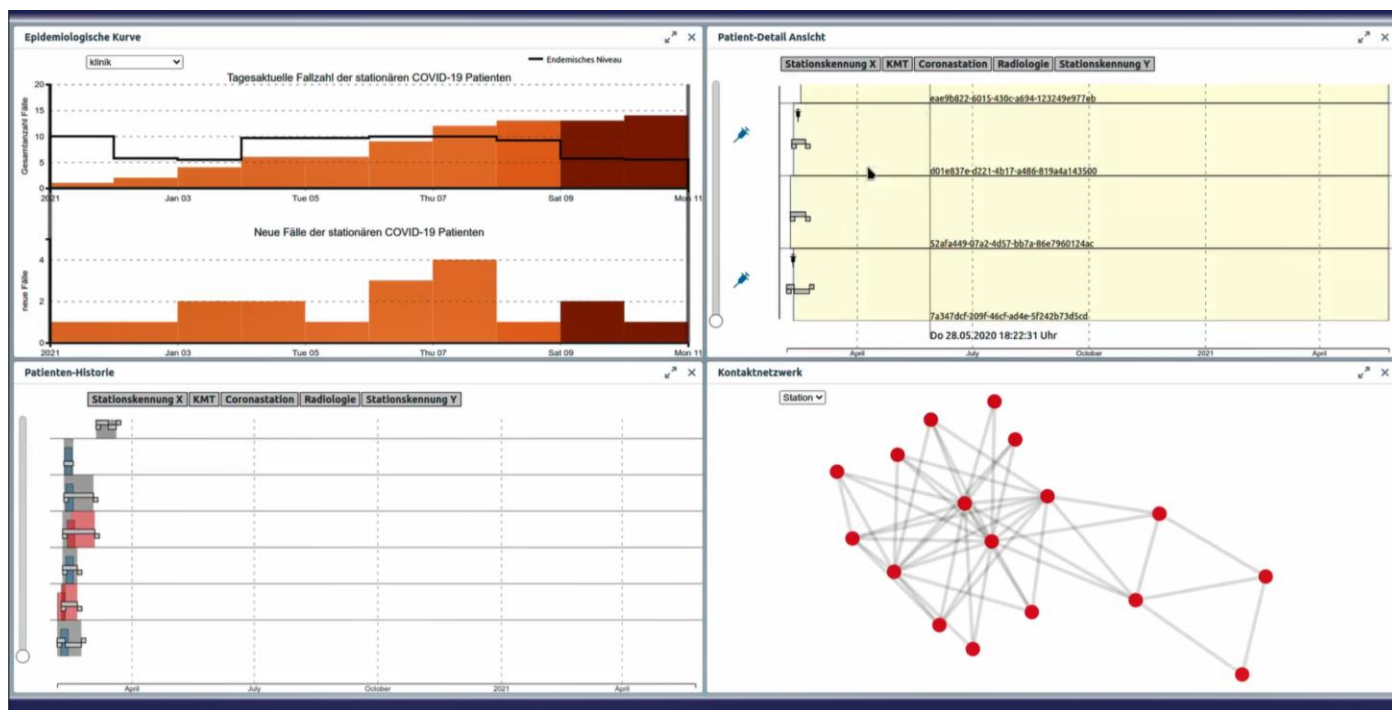


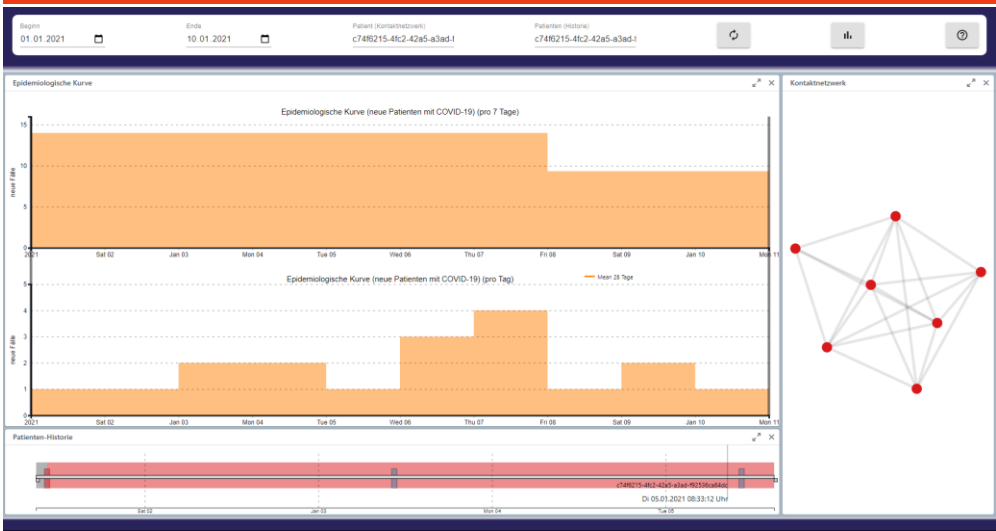
Abbildung 5: SmICS Visualisierung - Startansicht nach Eingabe der Parameter und initialem Laden

Funktion: Anordnen der Tabs

Die einzelnen Tabs können neu angeordnet werden, indem sie über den oberen Tab-Bildschirmrand über einen Klick mit der linken Maustaste ausgewählt und bei gedrückt gehaltener linker Maustaste verschoben werden.

Funktion: Ändern der Größe der Tabs

Die Größe der einzelnen Tabs kann verändert werden, indem in den Bereich zwischen den einzelnen Tabs geklickt wird und bei gedrückt gehaltener linker Maustaste der Tab bewegt wird. Die Größenänderung der Inhalte der Tabs erfolgt dynamisch (siehe Abbildung 6).



3.2. Patienten-Historie

Die Ansicht „Patienten-Historie“ visualisiert alle Aufenthalte (=Bewegungen) und Laborbefunddaten (virologische Befunde) der ausgewählten Patienten.

3.2.1. Patientenaufenthalte und Befunde

Die Ansicht „Patientenaufenthalte und Befunde“ zeigt die verschiedenen Aufenthalte der Patienten und die im zeitlichen Zusammenhang entstandenen virologischen Laborbefunde (siehe Abbildung 7). Für eine korrekte Visualisierung dieser Komponente müssen zuvor die folgenden Parameter im Eingabebereich gefüllt werden: Patient (Historie).

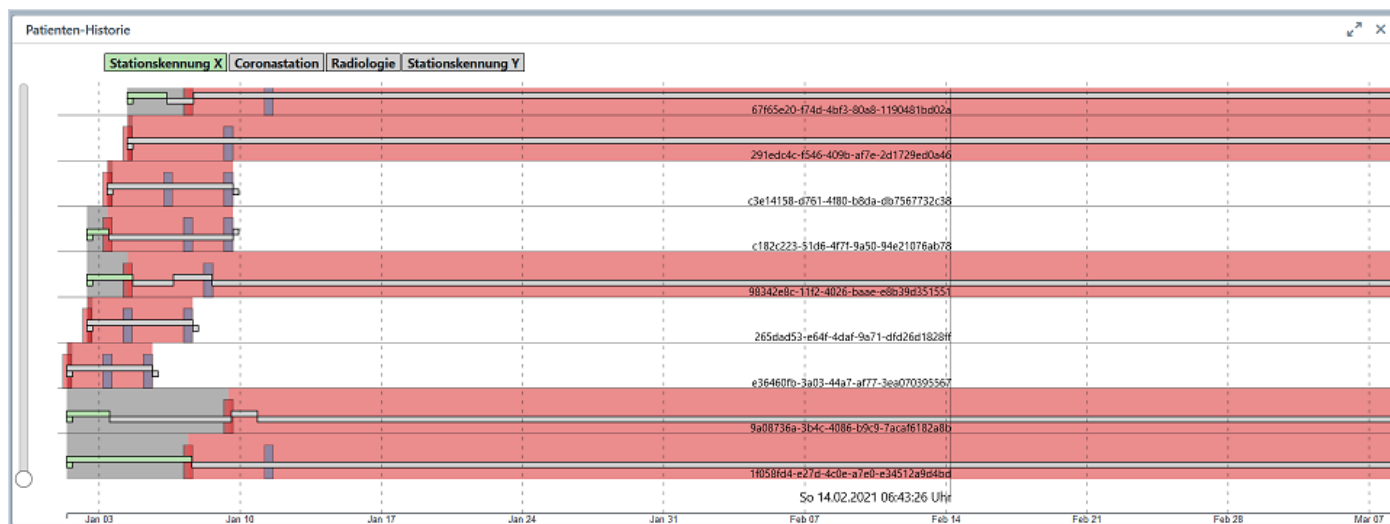


Abbildung 7: Patienten-Historie mit Anzeige der Patienten-IDs (Mouse Over)

Funktion: Anzeige von Patienten

Die Komponente visualisiert die Daten pro Patient in der Horizontalen (durch ein Mouse-Over werden pro Reihe die jeweiligen Patienten-IDs (*standortspezifische Patienten-Identifizierung*) angezeigt). Bei Auswahl mehrerer Patienten werden diese untereinander angezeigt. Pro Patient erscheinen zunächst aneinander gereihte farbige Balken. Wenn es einen Versatz zwischen zwei Balken gibt, visualisiert dies eine Verlegung des/der Patient.

Zusätzlich werden kleine Kreise, die angeben, dass sich der Patient zu diesem Zeitpunkt einer Behandlung unterzogen hat, angezeigt. Diese Behandlungen können auch an einem anderen Ort stattgefunden haben (z.B. Operationen).

Höhere, vertikale, farbige Balken zeigen an, dass zu diesem Zeitpunkt ein Befundergebnis vorliegt. Ein roter Balken weist auf einen positiven Befund, ein blaugrauer Balken auf einen negativen Befund hin.

Die Hintergrundfarbe der Patienten-Bereiche markiert die Zeiträume, in denen der Infektionsstatus des/der Patienten bekannt ist (rot=aktueller positiver Befund, grau=unbekannt). Der rote Hintergrund bleibt so lange bestehen, bis zwei aufeinander folgende negative Befunde vorliegen oder der Patient entlassen wurde.

Funktion: Mouse-Over Befunde

Wenn der Mauszeiger eine kurze Zeit unbewegt auf einen Befund-Balken verweilt, werden Informationen angezeigt (Patient-ID, Zeitpunkt, Result und Ergebnis, Virus, Antibiotika, Material, ID) (siehe

Abbildung 8). Bitte beachten: Dass einige Felder „undefined“ sind, ist zum aktuellen Zeitpunkt normal. Der Zeitpunkt und das angegebene Result im dunkelgrauen Teil der Ansicht sollten allerdings bereits stimmen.

786e3c35-32d3-403e-b2f3-532ed5e78e0c Sa 09.01.2021 10:30:00 Uhr Result: negative				
Ergebnis	Virus	antibiotika	Material	id
undefined	undefined	undefined	Salvia specimen (specimen)	undefined

Abbildung 8: Patienten-Historie - Mouse Over Befund

Funktion: Mouse-Over Bewegungen

Wenn der Mauszeiger eine kurze Zeit unbewegt auf einen Bewegungs-Balken verweilt, werden zusätzliche Informationen angezeigt (Patient, Station und Dauer, Beginn, Ende).

Patient 786e3c35-32d3-403e-b2f3-532ed5e78e0c Station Coronastation	
DataName	Value
Dauer	2M 23d 6h 12min 44s
Beginn	Di 05.01.2021 09:00:00 Uhr
Ende	Di 30.03.2021 16:12:44 Uhr

Abbildung 9: Patienten-Historie - Mouse Over Bewegung

Funktion: Fokussieren von Patienten

Über den vertikalen Scrollbalken an der linken Seite kann der Ausschnitt der angezeigten Patienten geändert werden und so unterschiedliche Patienten fokussiert werden. Dieser Balken wird nur dargestellt, wenn die Tab-Höhe zu gering für die Anzeige aller Patienten ist.

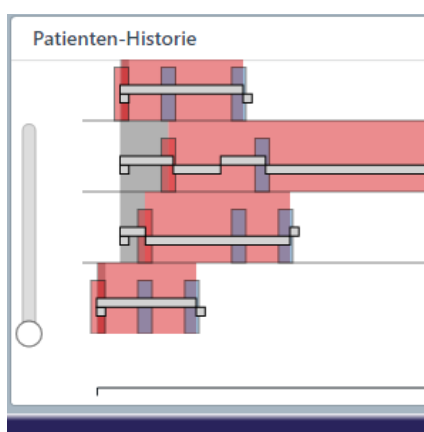


Abbildung 10: Patienten-Historie - Scrollbalken

Funktion: Zoom

Über das Scrollrad an der Maus kann in die Ansicht hinein- und herausgezoomt werden und so der angezeigte Zeitraum verkleinert oder vergrößert werden.

Funktion: Farben nach Station

Um die Zuordnung der Balken zu einer Station anzuzeigen, kann die Funktion „Farben nach Station“ genutzt werden. Die Legende zu den Farben und Stationen ist oberhalb der Reihen zu finden. Mit einem Klick auf einen Balkenabschnitt kann eine Station ausgewählt (und damit eingefärbt) werden. Dadurch wird die ausgewählte Station in allen angezeigten Patienten gleichfarbig markiert und alle anderen Balken grau dargestellt. Auch mit einem Klick auf die Stationen in der Legende werden die entsprechenden Stationsaufenthalte einheitlich farbig dargestellt.

3.2.2. Patienten-Detailansicht mit Symptomen und Impfstatus (COVID-19)

Die Ansicht „Patienten-Detailansicht“ ist eine Erweiterung der Ansicht „Patienten-Historie“ – aktuell spezialisiert für die Betrachtung von COVID-19 Patienten. Weiterhin dargestellt sind die Aufenthalte der Patienten als horizontale Balken mit kleinen Abstufungen (siehe Kapitel 3.3.1.). Für eine korrekte Visualisierung dieser Komponente müssen zuvor die folgenden Parameter im Eingabebereich gefüllt werden: Patient (Historie).

Funktion: Hintergrundfarbe der Zeilen

Die Hintergrundfarbe in den jeweiligen Zeilen der Patienten visualisiert das quantitative Ergebnis (ct-Wert) aus positiven COVID-19 Befunden. Dabei gelten die folgenden Farben: (1) Blau = Quantitatives Ergebnis (ct-Wert) ≥ 30 , (2) Gelb = Quantitatives Ergebnis (ct-Wert) ≥ 15 und < 30 , (3) Orange-Rot = Quantitatives Ergebnis (ct-Wert) < 15 . Je höher das quantitative Ergebnis (ct-Wert), desto geringer ist zudem die Deckkraft der Kategorie-Farbe.

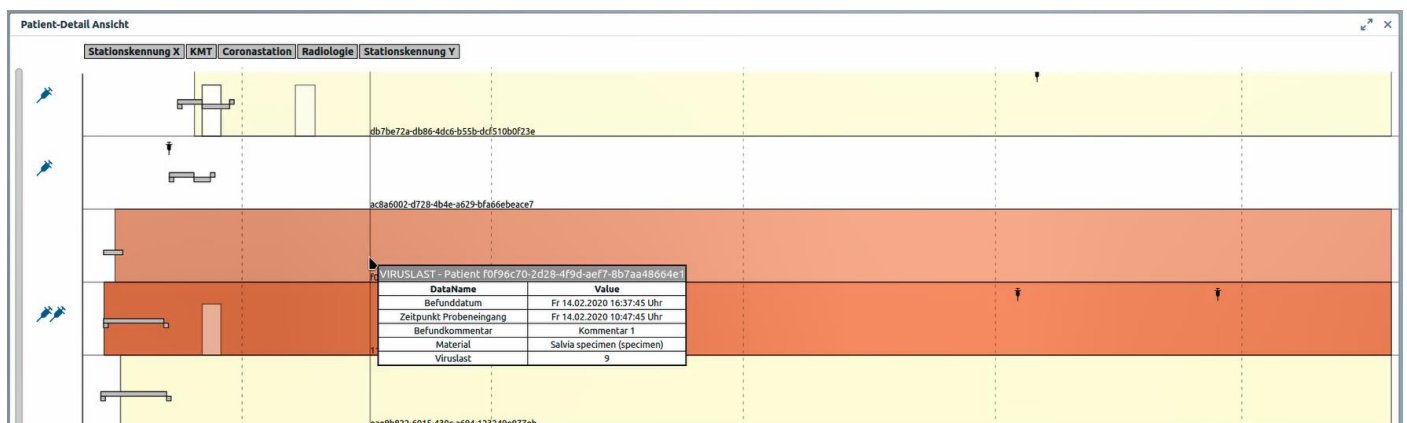


Abbildung 11: Patienten-Detailansicht - Darstellung quantitatives Ergebnis (ct-Wert)

Funktion: Mouse-Over Bewegung in Hintergrundfarbe

Wenn der Mauszeiger eine kurze Zeit unbewegt auf den Hintergrund verweilt, werden zusätzliche Informationen angezeigt (Befunddatum, Zeitpunkt Probeneingang, Befundkommentar, Material, Quantitatives Ergebnis (ct-Wert)).

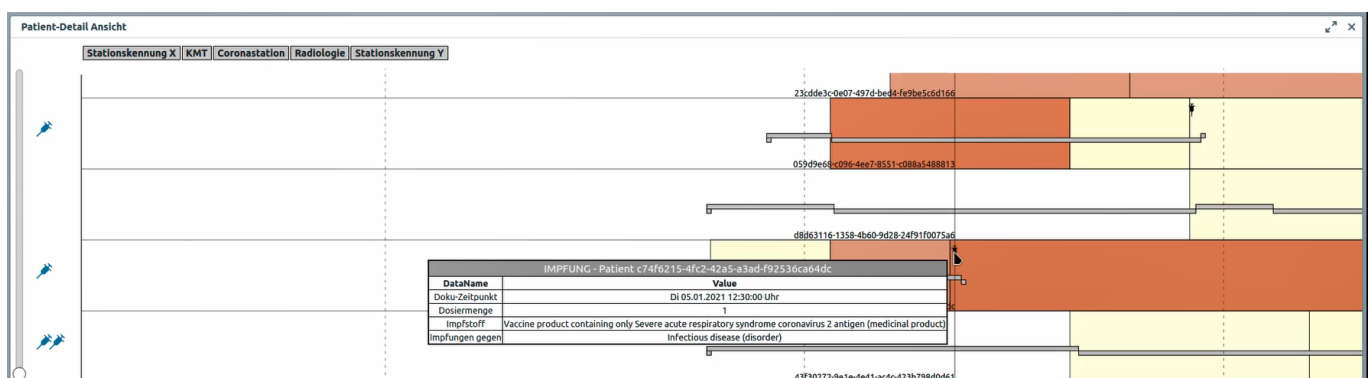


Abbildung 12: Patienten-Detailansicht - Impfsymbol in den Zeilen

Funktion: Impfsymbol in den Zeilen

Die Zeitpunkte der COVID-19 Impfungen sind in den jeweiligen Reihen der Patienten als Spritzen-Symbole dargestellt.

Funktion: Mouse-Over Bewegung auf Impfsymbol

Wenn der Mauszeiger eine kurze Zeit unbewegt auf dem Impfsymbol verweilt, werden zusätzliche Informationen angezeigt (Symptom, Symptom-Beginn, Symptom-Ende).

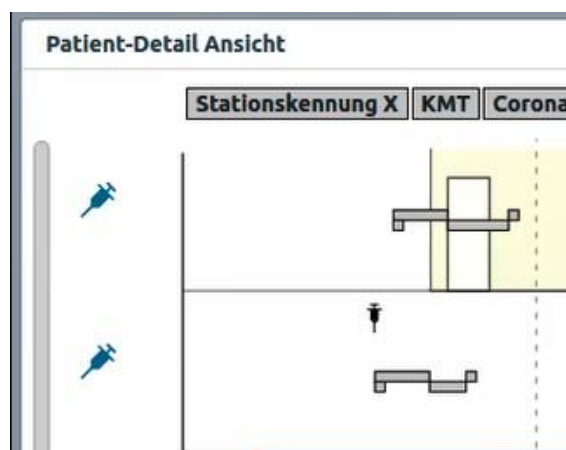


Abbildung 13: Patienten-Detailansicht - Impfsymbol am linken Rand der Zeilen

Funktion: Impfsymbol am linken Rand der Zeilen

Für die schnelle Erfassung des Impfstatus werden am linken Rand der jeweiligen Reihen der Patienten ein oder zwei Spritzen als Symbol für die Anzahl der erfolgten COVID-19 Impfungen angezeigt.

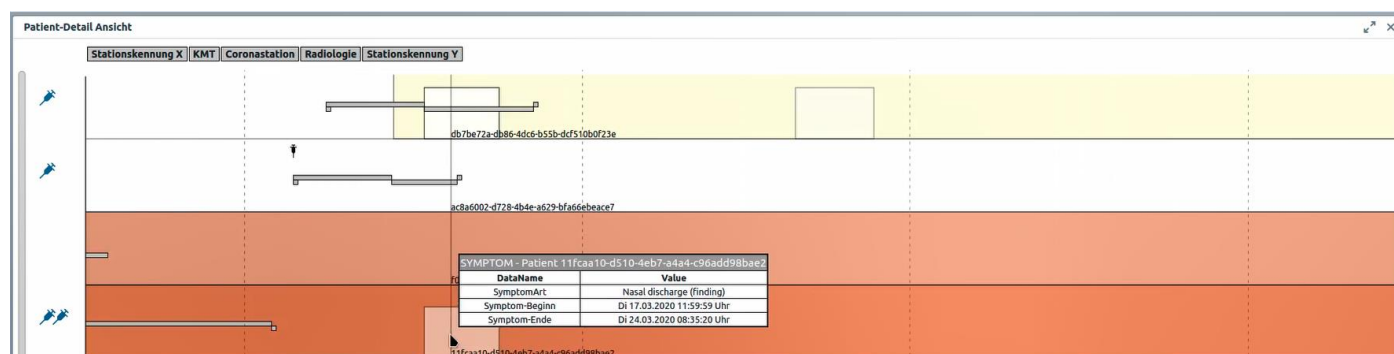


Abbildung 14: Patienten-Detailansicht - Symptome

Funktion: Symptomansicht als Balken

Wenn für die Patienten Symptome dokumentiert worden sind, werden diese als breite Balken innerhalb der jeweiligen Reihen der Patienten dargestellt.

Funktion: Mouse-Over Bewegung auf Symptom-Balken

Wenn der Mauszeiger eine kurze Zeit unbewegt auf dem Symptom-Balken verweilt, werden zusätzliche Informationen angezeigt (Symptom, Symptom-Beginn, Symptom-Ende).

3.3. Epidemiologische Kurve

Die Ansicht „Epidemiologische Kurve“ gibt einen Überblick über das tagesaktuelle epidemiologische Geschehen im Hinblick auf COVID-19 in einem Klinikum. Für eine korrekte Visualisierung dieser Komponente müssen zuvor die folgenden Parameter im Eingabebereich gefüllt werden: Beginn, Ende.

SmICS bietet zwei verschiedene epidemiologische Kurvendarstellungen als Balkendiagramm an:

1) Tagesaktuelle Fallzahl der stationären COVID-19 Patienten

Das Diagramm ist eine summative Ansicht der aktuell im Krankenhaus befindlichen COVID-19 Patienten.

2) Neue Fälle der stationären COVID-19 Patienten

Das Diagramm stellt dar, wie viele Patienten mit COVID-19 pro Kalendertag neu hinzugekommen sind.

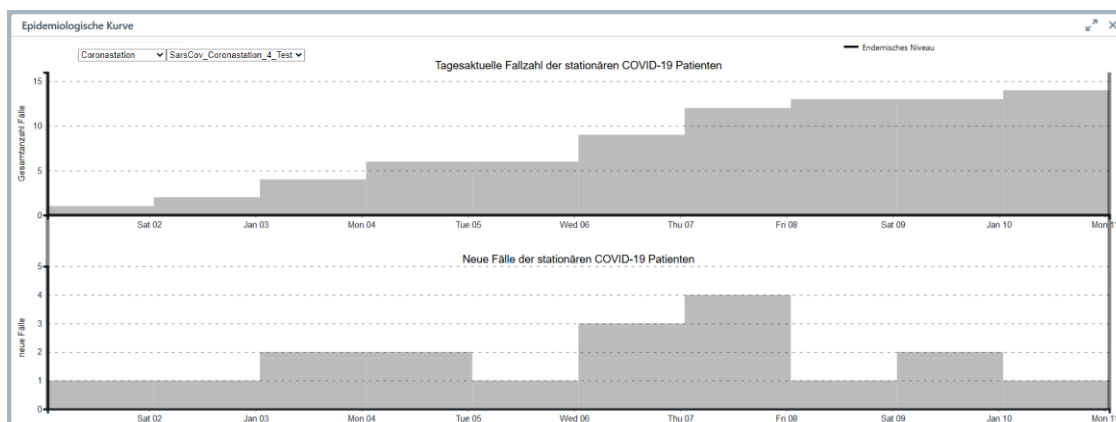


Abbildung 15: Epidemiologische Kurve – Tagesaktuelle Fallzahl

Funktion: Einschränken des Ansichtsbereichs

Beide o.g. Ansichten 1) und 2) beinhalten die Funktion, den Ansichtsbereich einzuschränken. Über die linke und rechte Seite auf der Ansicht kann über eine gedrückt gehaltene linke Maustaste und das Ziehen des Mauszeigers in den Diagrammbereich (bei anhaltendem Klick) der anzuzeigende Zeitraum (auf der x-Achse) eingeschränkt werden (siehe Abbildung 16).

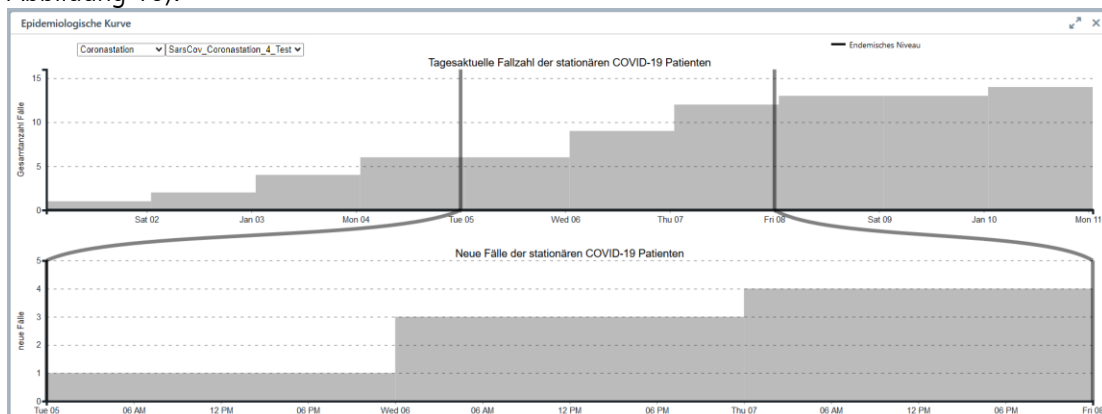


Abbildung 16: Epidemiologische Kurve – Einschränken der Ansicht

Funktion: Auswahl der Station

Über das Drop-Down-Menü in der oberen linken Ecke kann gewählt werden, ob die Daten von einer Station oder von der gesamten Klinik angezeigt werden sollen.

3.4. Detektionsalgorithmus

Basierend auf Erregerbefunden lässt sich mit Hilfe des Detektionsalgorithmus „Disease Outbreak Detection“ eine auffällige Erregerhäufung auf ausgewählten Stationen feststellen. Die Ansicht zum „Detektionsalgorithmus“ teilt sich in zwei Bereiche: (1) eine Ansicht zur Konfiguration von Berechnungsregeln für den Algorithmus und (2) die Visualisierung der Ergebnisse des Algorithmus innerhalb der o. g. epidemiologischen Kurvendarstellung.

Bitte beachten Sie: Dieses SmICS-Modul ist noch nicht evaluiert worden und daher aktuell nicht aktiviert!

3.4.1. Funktionsweise des Algorithmus

Die hier verwendete Implementierung ist eine Weiterentwicklung des in [B. Zacher, I. Czogiel „Supervised learning improves disease outbreak detection“, 2019] entworfenen Modells. Der Algorithmus bestimmt das endemische Niveau, die Obergrenze und die Ausbruchswahrscheinlichkeit zu einer vorab gewählten Kombination aus Erregern und Stationen. Als Input muss die tägliche Entwicklung von COVID-19-positiven Tests über den gegebenen Zeitraum auf der betrachteten Station gegeben sein. Die Bestimmung der Output-Größen erfolgt auf Grundlage eines verallgemeinerten linearen sowie eines Hidden-Markov Modells.

In SmICS werden die Input-Zeitreihen durch die Auswertung der aktuellen Zahlen positiv getesteter Patienten anhand der virologischen Befunde zusammengestellt. Die weiteren Parameter, wie z.B. zu Erreger und Stationen, lassen sich im Bereich „RKI Konfigurationen“ der SmICSWebApp einstellen (siehe Kapitel 3.5.2).

3.4.2. Konfiguration von Berechnungsregeln für den Algorithmus

Durch Auswahl von „RKI Konfigurationen“ öffnet sich die Seite zur Konfigurationen der gewünschten Algorithmen-Parameter (siehe Abbildung 17).

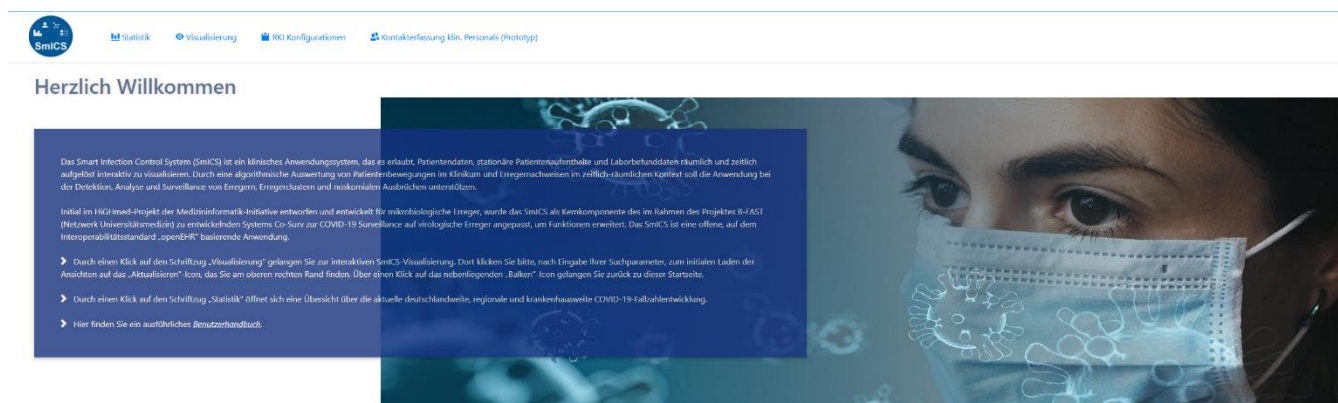


Abbildung 17: Detektionsalgorithmus – SmICS-Startseite mit Link zu RKI Konfigurationen.

Der Algorithmus wird durch Einstellung von Berechnungsregeln einmal täglich zu vorgegebener Zeit gestartet. Eine neue Regel kann durch ein „+“ hinzugefügt und durch ein „-“ wieder entfernt werden (siehe Abbildung 18).

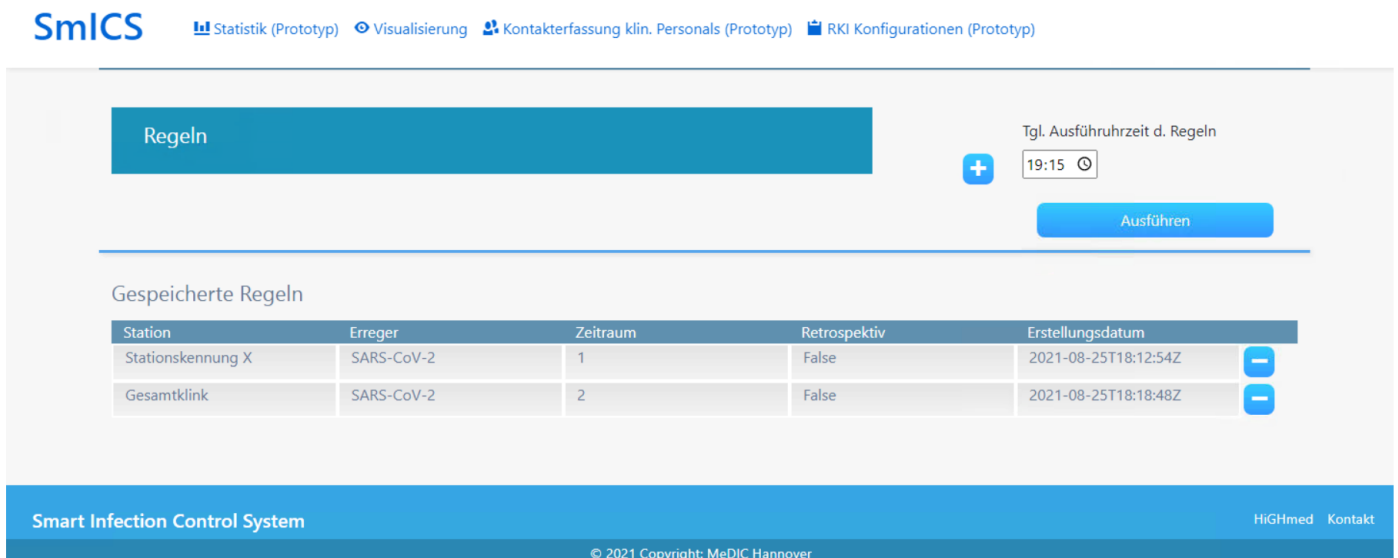


Abbildung 18: Detektionsalgorithmus – Layout des Konfigurationsmoduls.

In einem Konfigurationsfeld für eine Regel können Station, Erreger und der einzubeziehende zurückliegende Zeitraum gewählt werden (siehe Abbildung 19-21).

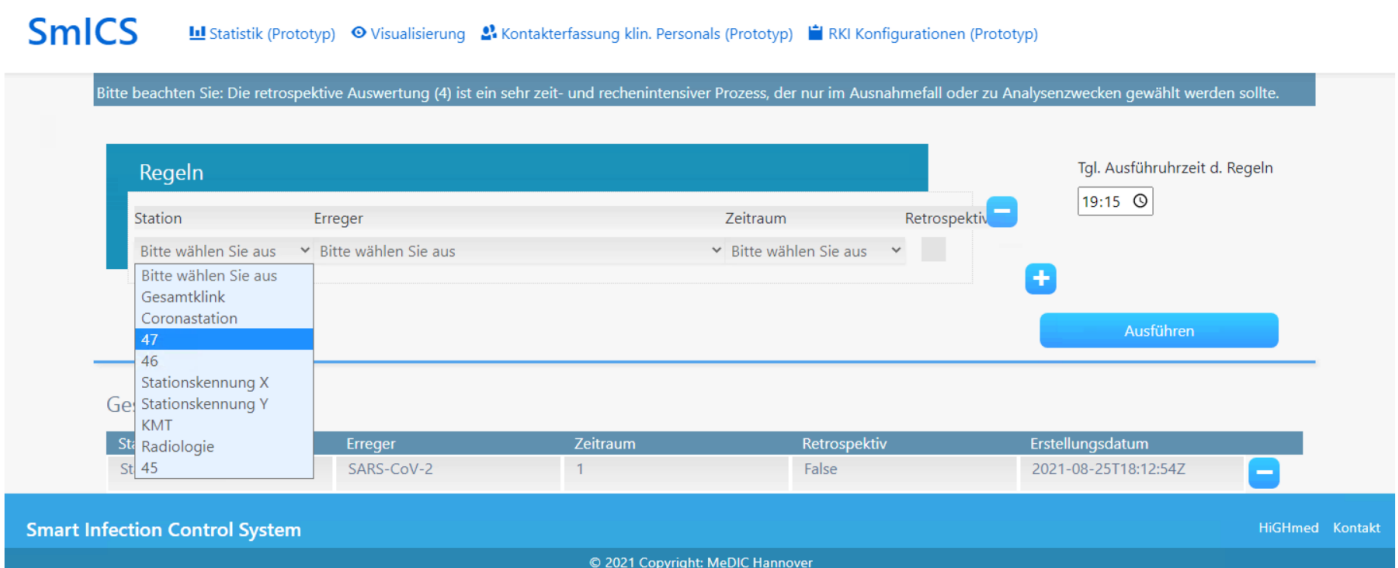


Abbildung 19: Detektionsalgorithmus – Wahl einer Station

Bitte beachten Sie: Die retrospektive Auswertung (4) ist ein sehr zeit- und rechenintensiver Prozess, der nur im Ausnahmefall oder zu Analysenzwecken gewählt werden sollte.

Regeln

Station	Erreger	Zeitraum	Retrospektiv
47	Bitte wählen Sie aus	Bitte wählen Sie aus	

Bitte wählen Sie aus

Methicillin-Resistant Staphylococcus aureus (MRSA)
Klebsiella pneumoniae
Escherichia coli
Acinetobacter baumannii
Methicillin-Susceptible Staphylococcus aureus (MSSA)
SARS-CoV-2

Tgl. Ausführzeit d. Regeln

19:15

Ausführen

Gespeicherte Regeln

Station	Erreger	Zeitraum	Retrospektiv	Erstellungsdatum
Stationskennung X	SARS-CoV-2	1	False	2021-08-25T18:12:54Z

Abbildung 20: Detektionsalgorithmus – Wahl eines Erregers.

Bitte beachten Sie: Die retrospektive Auswertung (4) ist ein sehr zeit- und rechenintensiver Prozess, der nur im Ausnahmefall oder zu Analysenzwecken gewählt werden sollte.

Regeln

Station	Erreger	Zeitraum	Retrospektiv
47	SARS-CoV-2	Bitte wählen Sie aus	

Bitte wählen Sie aus

1 Woche
2 Wochen
3 Wochen
4 Wochen
5 Wochen
6 Wochen
7 Wochen
8 Wochen
9 Wochen
10 Wochen
11 Wochen
12 Wochen

Tgl. Ausführzeit d. Regeln

19:15

Ausführen

Gespeicherte Regeln

Station	Erreger	Zeitraum	Erstellungsdatum
Stationskennung X	SARS-CoV-2	1	2021-08-25T18:12:54Z

Abbildung 21: Detektionsalgorithmus – Wahl des Lookback-Zeitraums

Sollten Ausbruchswahrscheinlichkeiten für alle Tage seit dem Beginn des Datenbestandes bis dato bestimmt werden, d.h. soll eine retrospektive Berechnung durchgeführt werden, muss das im Feld „Retrospektive“ gewählt werden (siehe Abbildung 22). Bitte beachten Sie, dass diese Berechnung viele Ressourcen sowie einen großen Zeitaufwand erfordert!

SmICS [Statistik \(Prototyp\)](#) [Visualisierung](#) [Kontakterfassung klin. Personals \(Prototyp\)](#) [RKI Konfigurationen \(Prototyp\)](#)

Bitte beachten Sie: Die retrospektive Auswertung (4) ist ein sehr zeit- und rechenintensiver Prozess, der nur im Ausnahmefall oder zu Analysenzwecken gewählt werden sollte.

Regeln

Station	Erreger	Zeitraum	Retrospektiv
47	SARS-CoV-2	4 Wochen	<input type="checkbox"/>
Gesamtklinik	SARS-CoV-2	8 Wochen	<input checked="" type="checkbox"/>

Tgl. Ausführzeit d. Regeln

19:15

Ausführen

Smart Infection Control System HiGHmed Kontakt

© 2021 Copyright: MeDIC Hannover

Abbildung 22: Detektionsalgorithmus – Wahl einer retrospektiven Analyse

An der rechten Seite wird die tägliche Ausführzeit der Regeln bestimmt. Einmal täglich zu der dort angegebenen Zeit werden die Daten des vorherigen Tages durchlaufen und die Ergebnisse zu den eingestellten Regeln neu berechnet. Die Ausführzeit muss durch den Administrator bei Installation der Anwendung in den Umgebungsvariablen gesetzt werden. Die Empfehlung ist eine Uhrzeit zwischen 00:00 und 05:00 Uhr. Ein häufiges Ändern dieser Zeit ist nicht zu empfehlen.

Nach der Zusammenstellung von gewünschten Konfigurationen, werden sie durch „Ausführen“ in die gespeicherten Regeln übernommen (siehe Abbildung 23). Regeln, die nicht mehr ausgeführt werden sollen, können durch „-“ entfernt werden.

SmICS [Statistik \(Prototyp\)](#) [Visualisierung](#) [Kontakterfassung klin. Personals \(Prototyp\)](#) [RKI Konfigurationen \(Prototyp\)](#)

aktuellen Datenbestände bis zum in (3) definierten Zeitraum angewendet).
Die von Ihnen angelegten Regeln werden täglich durchlaufen und die Ergebnisse neu berechnet. Dazu müssen Sie unter „Tgl. Ausführzeit der Regeln“ eine Uhrzeit angeben, zu der die Berechnung stattfinden soll.
Alle Regeln stehen Ihnen in der Visualisierung zur „Epidemiologischen Kurve“ zur Auswahl zur Verfügung. Je nach Auswahl wird Ihnen dann dort die vom Algorithmus berechnete Entwicklung und Einschätzung dargestellt.
Bitte beachten Sie: Die retrospektive Auswertung (4) ist ein sehr zeit- und rechenintensiver Prozess, der nur im Ausnahmefall oder zu Analysenzwecken gewählt werden sollte.

Regeln

Tgl. Ausführzeit d. Regeln

19:15

Ausführen

Gespeicherte Regeln

Station	Erreger	Zeitraum	Retrospektiv	Erstellungsdatum	
Stationskennung X	SARS-CoV-2	1	False	2021-08-25T18:12:54Z	-
Gesamtklinik	SARS-CoV-2	2	False	2021-08-25T18:18:48Z	-
47	SARS-CoV-2	4	False	2021-10-20T17:44:27Z	-
Gesamtklinik	SARS-CoV-2	8	True	2021-10-20T17:53:46Z	-

Smart Infection Control System HiGHmed Kontakt

© 2021 Copyright: MeDIC Hannover

Abbildung 23: Detektionsalgorithmus – Übernehmen der Konfigurationen.

3.4.3. Visualisierung der Ergebnisse

Das Ergebnis der täglichen Durchläufe anhand der hinterlegten Parameter werden in der Ansicht „Epidemiologische Kurve“ als Kurve dargestellt. Die Kurve repräsentiert das durch den Algorithmus berechnete endemische Niveau. Übersteigen die Fallzahlen, dargestellt als Balken, dieses Niveau, ist dies ein Hinweis auf eine übermäßige Häufung des gewählten Erregers auf der gewählten Station.

Funktion: Auswahl der Regel

Die zwei Drop-Down-Menüs zeigen die gewählten Station und die gewählte Regel. Wenn die Regel ausgewählt wird, wird die zu dieser Regel gehörende Station automatisch im ersten Drop-Down ausgewählt.

Funktion: Farben der Balken

Die Farben der Balken zeigt an, wie hoch die Wahrscheinlichkeit für eine vorliegende Häufung ist. Je dunkler, desto wahrscheinlicher.

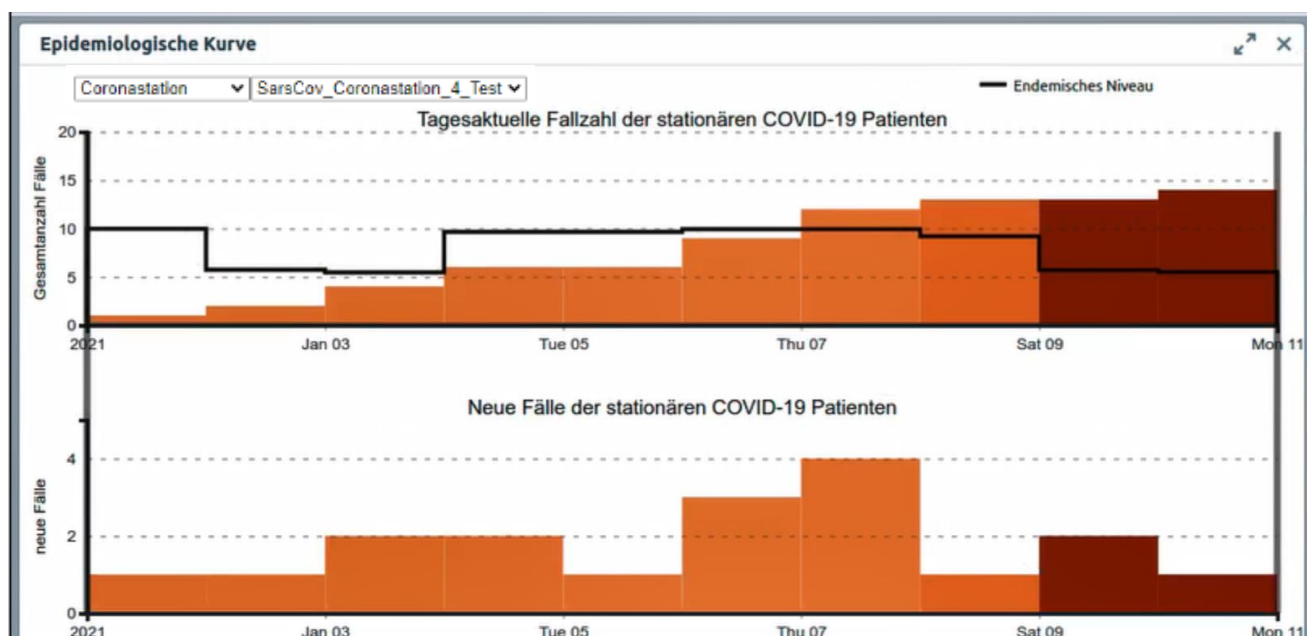


Abbildung 24: Detektionsalgorithmus – Visualisierung der Ergebnisse

3.5. Kontaktnetzwerk

Die Ansicht „Kkontaktnetzwerk“ visualisiert die Kontaktpersonen ausgewählter SARS-CoV-2-IndexPatienten auf Stations- oder Zimmerebene. Für eine korrekte Visualisierung dieser Komponente müssen zuvor die folgenden Parameter im Eingabebereich gefüllt werden: Patient (Kontaktnetzwerk) (genau eine/r), Beginn, Ende

Das Kontaktnetzwerk zeigt die Patienten als kleine, farbige Kreise, die eine Verbindungslinie zueinander haben können (siehe Abbildung 25).

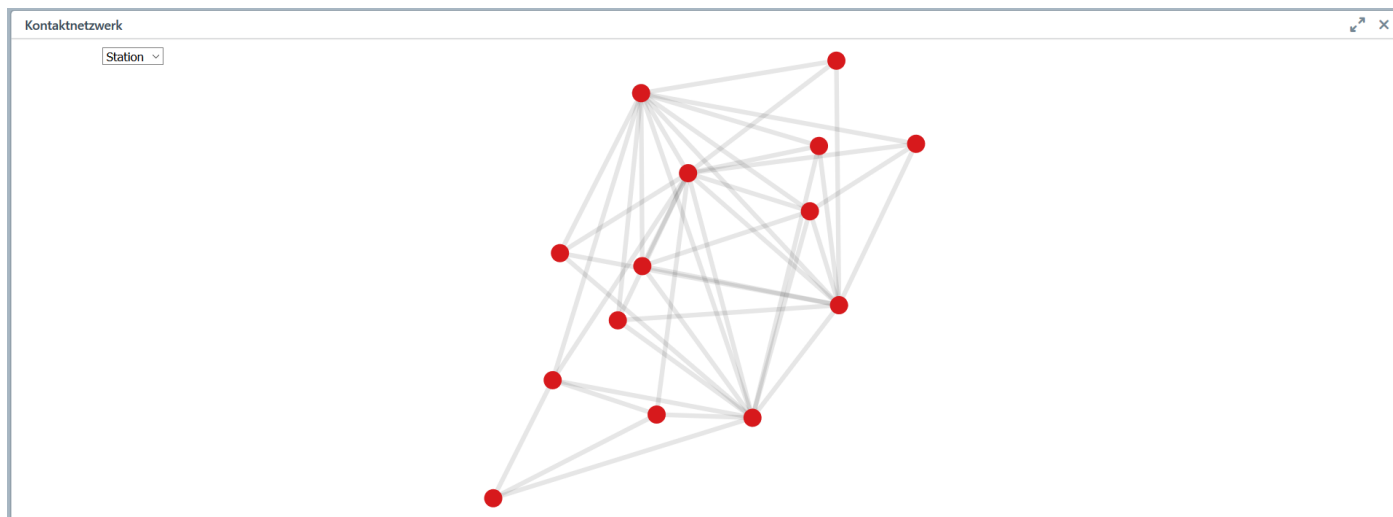


Abbildung 25: Kontaktnetzwerk

Die Farben geben dabei an, ob es für den Patienten einen aktuellen positiven Nachweis von SARS-CoV-2 gibt (rot) oder es einen aktuellen negativen Nachweis (blaugrau). Die Farblegende ist in der globalen Legende zu finden (Klick auf das Fragezeichen-Icon in der oberen Leiste).

Funktion: Station- und Zimmerunterscheidung

Mit dem Drop-Down-Menü in der oberen linken Ecke kann ausgewählt werden, ob Kontakte auf Stations- oder Zimmerebene angezeigt werden sollen. Achtung: Die Anzeige auf Zimmerebene kann eine längere Berechnungszeit bedingen.

Funktion: Mouse-Over Patient

Mit einem Mouse-Over über einen Kreis werden alle Bewegungen (bzw. Patientenaufenthalte) der ausgewählten Patienten in tabellarischer Form angezeigt (Patient, StationID, Station, Bewegungstyp, Bewegungsart, Beginn, Ende, Dauer) (siehe Abbildung 26).

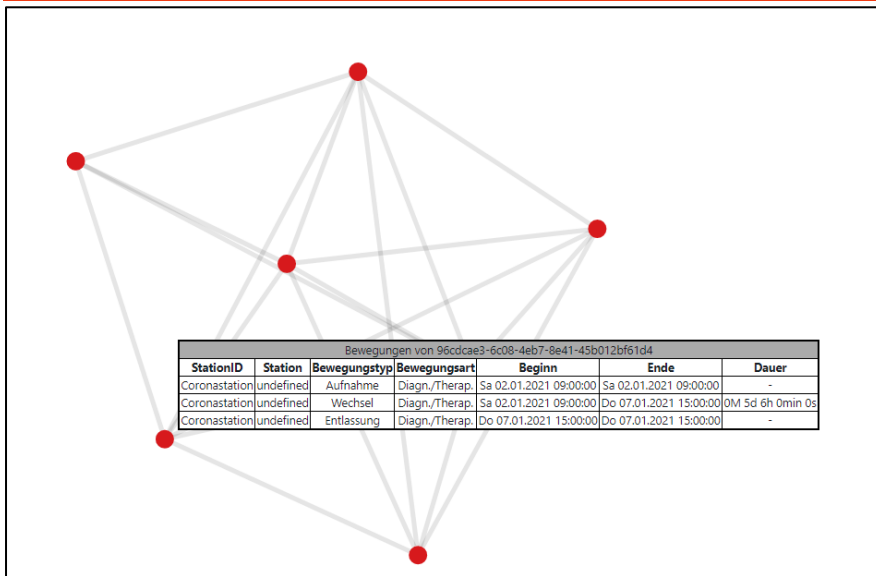


Abbildung 26: Kontaktnetzwerk – Mouse-Over Patient

Funktion: Mouse-Over über Verbindungslinie

Mit einem Mouse-Over über die Verbindungslinie zwischen zwei Kreisen werden Informationen zum Kontakt dargestellt (Patienten, StationID, Beginn, Ende, Dauer) (siehe Abbildung 27).

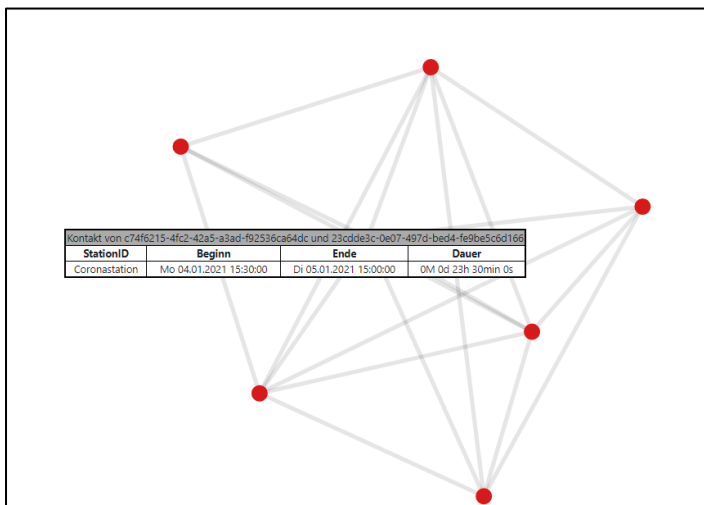


Abbildung 27: Kontaktnetzwerk – Mouse-Over Verbindungslinie

Funktion: Zoom

Über das Scrollrad an der Maus kann in die Ansicht hinein- und herausgezoomt werden.

Funktion: Verschieben

Mit einem Linksklick auf den Hintergrund und gedrückt gehaltener linker Maustaste kann das Kontaktnetzwerk verschoben werden.

3.6. Stationsansicht

In der Stationsansicht können für einen gewählten Zeitraum und eine gewählte Station die dort hospitalisierten Patienten angezeigt werden. Wählen Sie im Feld „Station“ die gewünschte Station. Sie können die Station aus einer Liste auswählen oder eingeben. Wählen Sie im Feld „Erreger“ den ausgewählten Erreger. Sie können den Erreger eingeben, sodass Ihnen eine passende, gefilterte Liste angezeigt wird. Wählen Sie in den Feldern „Start“ und „Ende“ den ausgewählten Zeitraum. Sie können das Datum im Kalender auswählen oder eingeben. Klicken Sie auf das Suchsymbol (Lupe), um die Ergebnisse zu laden.

Es erscheint eine Tabelle, die alle Patienten zeigt, die in dem ausgewählten Zeitraum auf der ausgewählten Station anwesend waren. Sie können der Tabelle entnehmen, ob für die angezeigten Patienten einen positiven Nachweis des ausgewählten Erregers vorliegt:

- Die Spalte „1. Positiver (Fall)“ zeigt den ersten positiven Nachweis für den gewählten Erreger in dem stationären Versorgungsfall in dem gewählten Zeitraum
- Die Spalte „1. Positiver (Station)“ zeigt den ersten positiven Nachweis für den gewählten Erreger in dem stationären Versorgungsfall in dem gewählten Zeitraum auf der gewählten Station
- Die Spalte „Letzter Positiver (Fall)“ zeigt den letzten positiven Nachweis für den gewählten Erreger in dem stationären Versorgungsfall in dem gewählten Zeitraum
- Die Spalte „Letzter Positiver (Station)“ zeigt den letzten positiven Nachweis für den gewählten Erreger in dem stationären Versorgungsfall in dem gewählten Zeitraum
- Wenn keine der Spalten gefüllt ist, gibt es keinen positiven Befund des ausgewählten Erregers in dem ausgewählten Zeitraum.
- Die letzten beiden Spalten zeigen den Aufnahme- und den Entlasszeitpunkt auf der gewählten Station.

Funktion: Sortieren

Sie können die angezeigte Tabelle über die zwei Pfeile in den jeweiligen Spalten sortieren.

Funktion: Einfärbung

Die Einfärbung der Patientennummer zeigt an, ob es sich um einen mitgebrachten (= blau) oder nosokomialen (= rot) Fall handelt. Bei einer schwarzen Schriftfarbe gibt es keinen Befund des ausgewählten Erregers in dem ausgewählten Zeitraum. Achtung: Bei einer Betrachtung historischer Daten kann es sein, dass ein Patient nicht eingefärbt ist, obwohl ein Befund vorliegt, da dieser Befund erst nach dem Verlassen der Station vorlag.

Funktion: Filter

Nach Laden der initialen Tabelle, tauchen zwei weitere Filtermöglichkeiten auf: „Resistenz“ und „Status“. Diese Filtermöglichkeit spezifiziert und grenzt die Suche nochmal an.

Funktion: Epidemiologische Kurve

Im rechten Bereich werden korrespondierend zur Auswahl und zum gesetzten Filter zwei epidemiologische Kurven angezeigt.

- Epidemiologische Kurve: Last der Station
- Epidemiologische Kurve: Aktuelle Nachweise

Die Farben repräsentieren auch hier die nosokomialen (=rot) und mitgebrachten (=blau) Fälle.

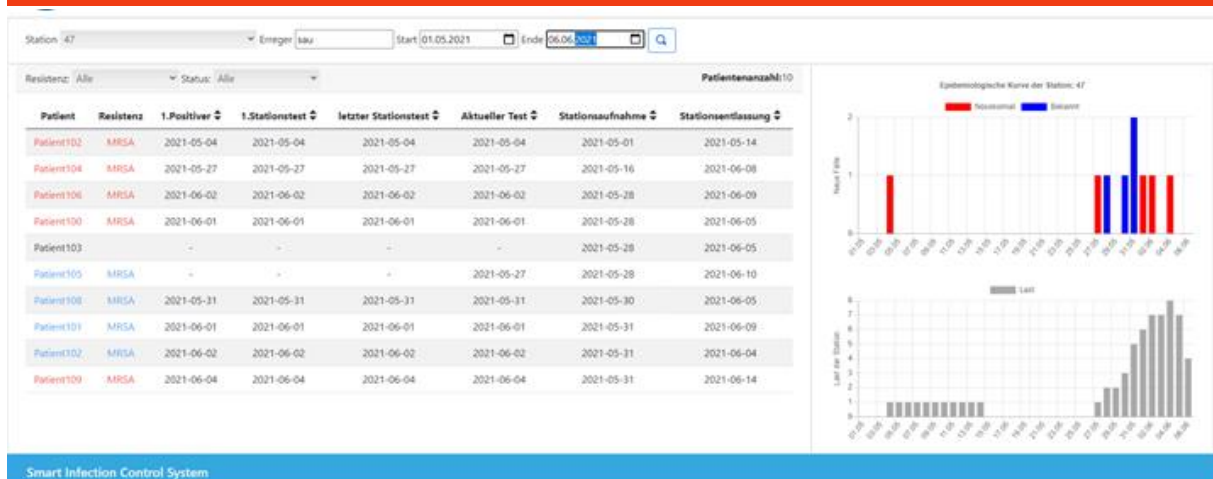


Abbildung 28: Stationsansicht

3.7. Patientenansicht

In der Patientenansicht kann anhand der „PatientID“ ein Patient aufgerufen werden. Hier werden dann die Befunde, Proben und Erreger mit dem Antibiotogramm angezeigt. Durch das Aufklappen der jeweiligen Reiter werden mehr Informationen über den ausgewählten Befund angezeigt.

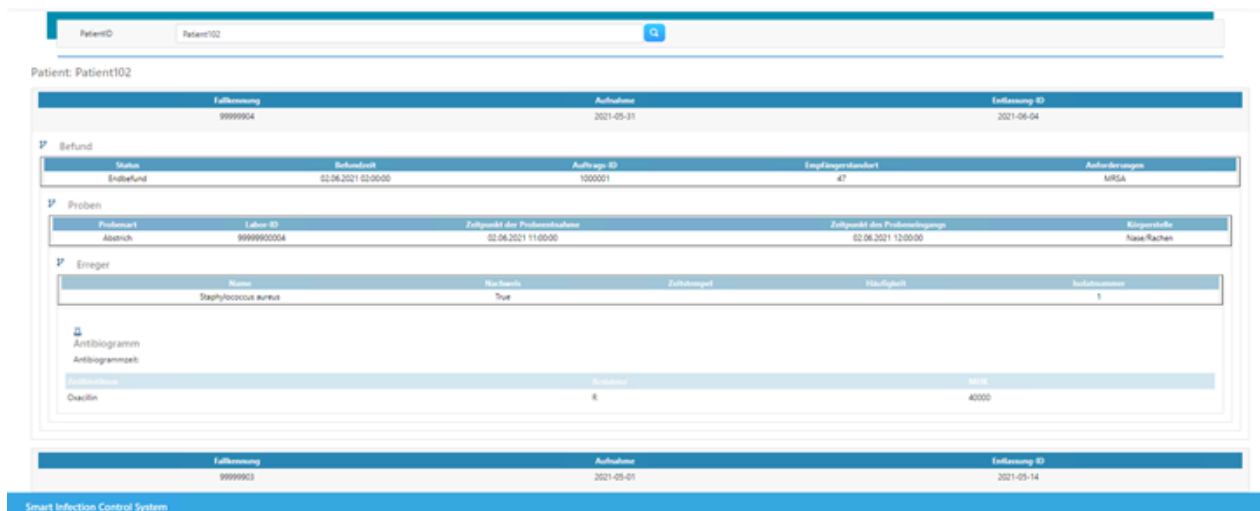


Abbildung 29: Patientenansicht

3.8. Patientenkontakte

In der Ansicht „Patientenkontakte“ wird Ihnen eine Liste aller Kontakte zu einem ausgewählten Patienten ausgegeben. Über die oberen Eingabefelder geben Sie den gewählten Patienten ein („Patient“) und wählen einen Erreger aus („Erreger“). Sie können den Erreger eingeben, sodass Ihnen eine passende, gefilterte Liste angezeigt wird. Im Feld „Resistenz“ wählen Sie eine Resistenzklassifikation wie z. B. MRSA. Als Ergebnis erhalten Sie eine Liste aller Kontakte zu der/dem gewählten Patient:in.

Funktion: Einfärbung

Die Einfärbung der Patientennummer zeigt an, ob ein Erregernachweis für die oben gewählte Erreger- und Resistenzkombination vorliegt: Die Einfärbung Patientennummer zeigt an, ob es sich um einen mitgebrachten (= blau) oder nosokomialen (= rot) Fall handelt. Bei einer schwarzen Schriftfarbe gibt es für den Patienten keinen Befund für die ausgewählte Erreger- und Resistenzkombination. Achtung: Bei einer Betrachtung historischer Daten kann es sein, dass ein Patient nicht eingefärbt ist, obwohl ein Befund vorliegt, da dieser Befund erst nach dem Verlassen der Station vorlag.

Funktion: Filter

Für die Einschränkung der Kontaktliste, klicken Sie auf das linke Filtersymbol. Hier können Sie den „Erreger“ nochmals spezifizieren und die „Kontaktebene“ (Station, Zimmer) festlegen sowie in den Felder „Min“ und „Max“ einen Zeitraum einschränken.

Funktion: Aktuelle Hospitalisierung

Um zu prüfen, ob die entsprechenden Kontaktpatienten noch im Haus sind, können Sie die farbigen Punkte am Ende einer jeden Zeile nutzen: Der farbige Punkt signalisiert Ihnen, dass die/der Stationskontaktpatient zum Zeitpunkt des MRE-Nachweises der/des Index-Patienten noch im Krankenhaus hospitalisiert ist.

Pathogen: sau

Resistenz: MRSA

Q

Patient102

Fall: 99999904

Zeitraum: 2021-05-31 - 2021-06-04

Kontaktpatient	Statusdatum	Raum ↕	Station ↕	Fachabteilung ↕	Kontaktzeitraum ↕	<div>Nosokomial</div> <div>Bekannt</div>
Patient104	2021-05-27		47		2021-05-31 - 2021-06-04	
Patient106	2021-06-02		47		2021-05-31 - 2021-06-04	
Patient100	2021-06-01		47		2021-05-31 - 2021-06-04	
Patient103			47		2021-05-31 - 2021-06-04	
Patient105	2021-05-27		47		2021-05-31 - 2021-06-04	
Patient108	2021-05-30		47		2021-05-31 - 2021-06-04	
Patient101	2021-05-31		47		2021-05-31 - 2021-06-04	
Patient109	2021-06-04		47		2021-05-31 - 2021-06-04	

Control System

Abbildung 30: Patientenkontakte (Farbiger Punkt noch nicht angezeigt)

3.9. Kontaktvergleich

In der Ansicht Kontaktvergleich können auf der linken Seite verschiedene Patientennummern eingegeben werden, um zu prüfen, ob diese überschneidende Aufenthaltszeiten („=Kontakt“) am selben Ort hatten. Ihnen werden die jeweiligen Kontakte paarweise angezeigt. Wenn die Spalten „Zimmer“ und „Station“ gefüllt sind, handelt es sich um einen Zimmerkontakt. Wenn die Spalte „Zimmer“ nicht und die Spalte „Station“ gefüllt ist, handelt es sich um einen Stationskontakt. Wenn die Spalten „Zimmer“ und „Station“ nicht gefüllt sind, handelt es sich um einen Fachabteilungskontakt bei zeitpunktbezogenen "Behandlungen" (hier wird der gesamte Tag als relevanter Kontaktzeitraum berücksichtigt). Kontaktbeginn und –ende können Sie den entsprechenden Spalten entnehmen.

SmICS

Statistik Visualisierung RKI Konfigurationen Kontakterfassung klin. Personals (Prototyp) Stationsansicht Patientenansicht Kontakte Kontakte

Patient102 Patient103 Patient104 Patient105 Patient106 PatientID PatientID PatientID PatientID PatientID

Senden +

Zimmer	Station	Fachabteilung	Kontaktbeginn	Kontaktende
02	47	0100	31.05.2021 10:00:00	04.06.2021 18:00:00
Patient102 - Patient103				
Patient102 - Patient104				
Patient102 - Patient105				
Patient102 - Patient106				
Patient103 - Patient104				
Patient103 - Patient105				
Patient103 - Patient106				
Patient104 - Patient105				
Patient104 - Patient106				
Patient105 - Patient106				

Smart Infection Control System

Abbildung 31: Kontaktvergleich

3.10. Formulare zur Erfassung von Kontakten des klinischen Personals (Prototyp)

Dieses Modul stellt Formulare bereit, über die die Dokumentation von infektiologisch-relevanten Kontakten des klinischen Personals zu Patienten getestet werden kann.

Zu beachten sei, dass es sich ausdrücklich um einen Prototyp handelt, mit dem die grundsätzliche Funktionalität und der potentielle Mehrwert dieser Erfassungsart evaluiert werden kann. Bevor Echtdaten eingegeben werden, sollte Rücksprache mit dem Datenschutz (der Datenschutzbeauftragten der Institution), den personalrechtlichen Verantwortlichen und der IT-Abteilung des Standortes abgehalten werden, ob dieser Weg der Kontaktnachverfolgung für die mitarbeitenden Personen rechtlich gesichert genutzt werden darf.

3.10.1. Ansicht und Wahl der Formulare

Nachdem der Button [Kontakterfassung klin. Personals \(Prototyp\)](#) betätigt wurde, wird eine Übersicht für die Wahl der Formulare sichtbar.



Abbildung 32: Übersicht zur Kontakterfassung klinischen Personals (Prototyp)

Die Datenerhebung zur Erfassung von personenbezogenen Daten des klinischen Personals kann in drei unterschiedlichen Formularen erfolgen. Die Daten werden auf dem angebundenen standardisierten Datenrepositorium gespeichert und sind von dort aus für weitere Abfragen nutzbar. Kontaktieren Sie dafür bitte Ihr medizinisches Datenintegrationszentrum.

3.10.2. Bericht zur Kontaktverfolgung

Der Bericht beschreibt die Art des Kontaktes, die Dauer, die Art und Weise des Aufenthaltes und die zu dem Zeitpunkt getragene Schutzkleidung der Person.

3.10.3. Personeninformationen zur Infektionskontrolle

Die zu erhebenden Daten des Formulars Personeninformationen zur Infektionskontrolle enthalten Informationen zu den auftretenden Symptomen der betreffenden Person, den Erregernachweisen, den Zeiträumen der Arbeitsfreistellung und ggf. Informationen über eine Meldung an das Gesundheitsamt.

3.10.4. Personeninformationen

Die Daten der Personeninformationen geben Aufschluss über allgemeine personenbezogene Daten, wie Name, Anschrift und Berufsbezeichnung der betreffenden Person.

4. Anlagen

4.1. Anlage 1 – Datenhandbuch

Für die SmICS müssen die folgenden Daten am Standort in einer openEHR-Repräsentation verfügbar sein. Bitte beachten Sie, dass alle als 1..1 (mandatory) gekennzeichneten Items ebenfalls gefüllt sein müssen.

Stationärer Versorgungsfall:

- Fall-Kennung
- Datum/Uhrzeit der Aufnahme
- Datum/Uhrzeit der Entlassung
- wünschenswert: Aufnahmegrund, Aufnahmearbeit

Patientenaufenthalt:

- Zugehörige Versorgungsfall-Kennung (muss auch als o. g. stationärer Versorgungsfall existieren)
- Zugehöriger Abteilungsfall (Kennung)
- Zugehöriger Versorgungsstellenkontakt (Kennung)
- Beginn des Aufenthaltes
- Ende des Aufenthaltes
- wünschenswert: Grund des Aufenthaltes
- Standort: Station (wenn in Rohdaten vorhanden: Zimmer, Bettplatz)
- Fachliche Organisationseinheit (Fachabteilungsschlüssel)

Mikrobiologischer Befund:

- Fall-Kennung
- Labortest-Bezeichnung
- Probenart (hinterlegtes Value Set beachten)
- Laborprobenidentifikator
- Name der Körperstelle (Probe)
- Zeitpunkt der Probenentnahme
- Nachweis (pro Erreger)
- Erregername (hinterlegtes Value Set beachten)
- Antibiotikum (hinterlegtes Value Set beachten)
- Resistenz
- Zugehörige Laborprobe
- Anforderung (hinterlegtes Value Set beachten)
- Auftrags-ID (Empfänger)
- wünschenswert: Keim Subtyp, Einsenderstandort (Fachabteilung)
- Organisationsschlüssel

Für die Nutzung von Co-Surv-SmICS Funktionen (COVID-19) sollten zusätzlich folgende Daten in einer openEHR-Repräsentation verfügbar sein:

Virologischer Befund:

- Befundstatus
- Fall-Kennung
- Labortest-Bezeichnung
- Laborprobenidentifikator

- Virusnachweistest (Name) (hinterlegtes Value Set beachten)
- Ergebnis: Quantitativ (ct-Wert)
- und/oder Ergebnis: Text (hinterlegtes Value Set beachten)
- Ergebnis-Status
- Zugehörige Laborprobe
- Name der Körperstelle (Probe)
- Zeitpunkt der Probenentnahme
- wünschenswert: Probenart, Einsenderstandort (Fachabteilung)

Symptome (nach GECCO-Datensatz-Definition):

- Name des Symptoms/Krankheitsanzeichen
- Beginn der Episode
- Wünschenswert: Datum/Uhrzeit des Rückgangs

Impfstatus (nach GECCO-Datensatz-Definition):

- Impfstoff
- Event Start Time (context/start_time)
- Wünschenswert: Impfung gegen

Dabei gilt, dass die folgenden openEHR Modelle genutzt werden müssen, um die o. g. Datenelemente abzubilden:

Template	openEHR OET	openEHR OPT (mit Terminology Bindings)
Stationärer Versorgungsfall	https://88.198.146.13/ckm/templates/1246.169.620	https://ckm.highmed.org/ckm/document?cid=1246.159.125
Patientenaufenthalt	https://88.198.146.13/ckm/templates/1246.169.590	https://ckm.highmed.org/ckm/document?cid=1246.159.126
Mikrobiologischer Befund	https://ckm.highmed.org/ckm/templates/1246.169.69	https://ckm.highmed.org/ckm/document?cid=1246.159.165

Für die COVID-19 Funktionen:

Virologischer Befund	https://88.198.146.13/ckm/templates/1246.169.636	https://ckm.highmed.org/ckm/document?cid=1246.159.124
Impfstatus	https://88.198.146.13/ckm/templates/1246.169.1187	https://ckm.highmed.org/ckm/document?cid=1246.159.128
Symptome	https://88.198.146.13/ckm/templates/1246.169.1109	https://ckm.highmed.org/ckm/document?cid=1246.159.127

In den o. g. OET und OPT sind die Value Sets über Bindings an einen Terminologie-Server hinterlegt. Die folgenden OPTs bilden die benötigten Value Sets ohne Terminology Binding ab und können genutzt werden, wenn lokal noch kein Terminologie-Server angebunden ist:

Template	openEHR OET	openEHR OPT (lokale Value Sets)
Stationärer Versorgungsfall	https://88.198.146.13/ckm/templates/1246.169.620	https://ckm.highmed.org/ckm/document?cid=1246.159.158
Patientenaufenthalt	https://88.198.146.13/ckm/templates/1246.169.590	https://ckm.highmed.org/ckm/document?cid=1246.159.159

Mikrobiologischer Befund	https://ckm.highmed.org/ckm/templates/1246.169.2359	https://ckm.highmed.org/ckm/document?cid=1246.159.166
---------------------------------	---	---

Für die COVID-19 Funktionen:

Virologischer Befund	https://88.198.146.13/ckm/templates/1246.169.636	https://ckm.highmed.org/ckm/document?cid=1246.159.155
Impfstatus	https://88.198.146.13/ckm/templates/1246.169.1187	https://ckm.highmed.org/ckm/document?cid=1246.159.157
Symptome	https://88.198.146.13/ckm/templates/1246.169.1109	https://ckm.highmed.org/ckm/document?cid=1246.159.156

4.1. Anlage 2 – ETL Hinweise

Hinweise zur Datenintegration für SmlCS

- Nutzen Sie immer die aktuellsten Templates aus dem CKM zur Datenintegration.
- Die krankenhausspezifische Patientenummer sollte über das EHR-Objekt abgelegt sein: e/ehr_status/subject/external_ref/id/value
- In allen Templates muss das Feld "zugehörige Fall-Kennung" gefüllt sein, um zum jeweiligen Versorgungsfall zu verlinken.
- Der Fall muss mind. mit seinem Aufnahmezeitpunkt (und Entlasszeitpunkt, wenn bereits vorliegend) im Template "Stationärer Versorgungsfall" abgelegt sein. Die Fall-Kennung muss entsprechend mit den eingetragenen Fall-Kennungen aus den anderen Templates übereinstimmen, wenn sie sich auf den gleichen Fall beziehen.
- Bitte beachten: Im Template "stationärer Versorgungsfall" werden nicht die aktuellen Patientenaufenthalte als Orte angelegt (siehe nächster Punkt, dafür das Template "Patientenaufenthalte" nutzen), sondern primär die Aufnahme- und Entlasszeitpunkte. Wenn gewünscht, kann hier der vorherige Patientenaufenthaltsort oder der bei Entlassung zugewiesene Patientenaufenthaltsort angelegt werden; diese Felder werden aber für SmlCS nicht genutzt und sind auch im Template optional.
- Zu jeder Aufnahme und Entlassung muss auch ein Aufenthaltsort im Template "Patientenaufenthalt" angelegt sein (die korrespondierenden Aufenthaltsorte zum Zeitpunkt der Aufnahme bzw. Entlassung aus dem stationären Versorgungsfall werden also ebenfalls im Template "Patientenaufenthalt" abgelegt).
- Wenn ein Patientenaufenthalt mit dem gleichen Beginn und Endzeitstempel angelegt wird, wird dies als Untersuchung/Prozedur/Abwesenheit gewertet, zu der die konkrete Dauer nicht bekannt ist. Im i.s.h med. Kontext könnten dies beispielsweise die so genannten "ambulanten Besuche" sein.
- Bitte sicherstellen, dass es keine Duplikate in den Daten gibt.
- Wenn im Template Value Sets oder Terminologien vorgegeben sind, sollten die Daten im besten Fall auch entsprechend hinterlegt werden. Aktuell arbeitet das SmlCS noch ohne die kodierten Werte, daher können Sie für die Datenintegration auch die korrespondierenden Templates „mit lokalen Value Sets“ nutzen.
- Die „context/start_time“ (Referenzmodell) des stationären Versorgungsfalls und des Patientenaufenthalts muss - falls vorhanden - der Entlassung entsprechen. Wenn noch keine Entlassung vorhanden ist, sollte sie dem Zeitpunkt der Aufnahme entsprechen.

Hinweise für CoSurvSmlCS Funktionen bzw. virologische Befunde:

- Es müssen alle virologischen Befunde abgelegt werden - nicht nur positive Befunde.
- Die relevante Zeit für den (virologischen) Befund ist der "Zeitpunkt der Probenentnahme".
- Bitte beachten: Es gibt Items im Template, die aus Sicht des Datenmodells nicht mandatory sind, aber für die Nutzung von SmlCS vorhanden sein müssen/sollten. Alle in der Excel-Tabelle (<https://ckm.highmed.org/ckm/document?cid=1246.159.121>) gelb hinterlegten Felder sollten gefüllt werden (wenn dazu bereits Daten vorliegen, z. B. zum Ende eines Patientenaufenthaltes), unabhängig davon, ob sie auch im Template eine Kardinalität von 1..1 aufweisen oder nicht.
- Daten zu "Symptom" und "Impfstatus" können zunächst aus den GECCO-Datensätzen befüllt und genutzt werden. Das im SmlCS dafür zur Verfügung stehende Modul ist ein proof-of-concept. Wenn also keine anderen Routinedaten zu "Symptom" und "Impfstatus" als die der im Rahmen von GECCO erfassten Daten der COVID-19 Patienten vorliegen, ist das zu diesem Zeitpunkt für SmlCS nicht weiter ausschlaggebend. Wenn gar keine Symptome und Impfstatus-Daten vorliegen, kann das entsprechende proof-of-concept Modul zur Patientendetailansicht nicht genutzt werden. Je mehr Details im Template vorhanden (z.B. zu Beginn und Ende der Symptome), desto besser ist die Funktionalität des Moduls gegeben.

4.1. Anlage 3 – Kurzanleitung zur SmlCS-Benutzung am Beispiel möglicher Aufgaben aus der Krankenhaushygiene

Anwendungsfall I: Neonatologie

la) Bestimmen Sie, wie viele Patienten mit Nachweis von einem für die Neonatologie relevanten Enterobacterales Isolat (enteral und/oder respiratorische Sekrete) in einem Zeitraum von 3 Monaten auf Ihrer neonatologischen Intensivstation behandelt wurden. Differenzieren Sie dabei in mitgebracht und nosokomial nach der üblichen Definition.

**Anmerkung: Wählen Sie bitte einen Erreger aus dem HiGHmed-Projektantrag (z. B. Klebsiella pneumoniae oder Escherichia coli).*

**Anmerkung: Die 2-MRGN Klassifikation ist aktuell noch nicht im SmlCS berücksichtigt.*

1. Öffnen Sie die „Stationsansicht“
2. Wählen Sie im Feld „Station“ die neonatologische Station. Sie können die Station aus einer Liste auswählen oder eingeben.
3. Wählen Sie im Feld „Erreger“ den ausgewählten Erreger. Sie können den Erreger eingeben, sodass Ihnen eine passende, gefilterte Liste angezeigt wird.
4. Wählen Sie in den Feldern „Start“ und „Ende“ den ausgewählten Zeitraum. Sie können das Datum im Kalender auswählen oder eingeben.
5. Klicken Sie auf das Suchsymbol (Lupe).

Hinweis: An dieser Stelle ist das SmlCS nicht auf Performance optimiert. Das Laden dauert hier unter Umständen sehr lange. Bitte notieren Sie sich daher separat die reine Ladezeit nach der Suchanfrage bis zum Anzeigen der Ergebnisse (geschätzt), damit dies bei der späteren Auswertung berücksichtigt werden kann.

6. Wählen Sie in den nun angezeigten Filtern „Resistenz“ und „Status“ jeweils „Alle“ aus.

Ergebnisansicht:

- Es erscheint eine Tabelle, die alle Patient:innen zeigt, die in dem ausgewählten Zeitraum auf der ausgewählten Station anwesend waren.
- Sie können der Tabelle entnehmen, ob für die angezeigten Patient:innen ein positiver Nachweis des ausgewählten Erregers vorliegt:
 - Die Spalte „1. Positiver (Fall)“ zeigt den ersten positiven Nachweis für den gewählten Erreger in dem stationären Versorgungsfall in dem gewählten Zeitraum

- Die Spalte „1. Positiver (Station)“ zeigt den ersten positiven Nachweis für den gewählten Erreger in dem stationären Versorgungsfall in dem gewählten Zeitraum auf der gewählten Station
 - Die Spalte „Letzter Positiver (Fall)“ zeigt den letzten positiven Nachweis für den gewählten Erreger in dem stationären Versorgungsfall in dem gewählten Zeitraum
 - Die Spalte „Letzter Positiver (Station)“ zeigt den letzten positiven Nachweis für den gewählten Erreger in dem stationären Versorgungsfall in dem gewählten Zeitraum
 - *Wenn keine der Spalten gefüllt ist, gibt es keinen positiven Befund des ausgewählten Erregers in dem ausgewählten Zeitraum.*
- Die letzten beiden Spalten zeigen den Aufnahme- und den Entlasszeitpunkt auf der gewählten Station.
 - Die Einfärbung der Patientenummern zeigt an, ob es sich um einen mitgebrachten (= blau) oder nosokomialen (= rot) Fall handelt. Bei einer schwarzen Schriftfarbe gibt es keinen Befund des ausgewählten Erregers in dem ausgewählten Zeitraum. Achtung: Bei einer Betrachtung historischer Daten kann es sein, dass ein Patient nicht eingefärbt ist, obwohl ein Befund vorliegt, da dieser Befund erst nach dem Verlassen der Station vorlag.

7. Sie können sich die gesamte Tabelle herauskopieren (markieren und STRG+C).

Ib) Eruierten Sie die Stammdaten der Patienten (Patientennummer, Fallnummer, Geburtsdatum, Name) und stellen Sie diese tabellarisch zusammen.

**Anmerkung: Geburtsdatum und Name sind aktuell nicht implementiert.*

1. Sortieren Sie die angezeigte Tabelle nach den positiven Patient:innen über die Spalte „1. Positiver (Station)“, indem Sie auf die zwei kleinen Pfeile in der Spaltenüberschrift klicken.
2. Sie können sich die Information zu Patientennummer aus der Spalte „Patient“ und die Information zur Fallnummer aus der Spalte „Fall“ herauskopieren.

Ic) Erstellen Sie eine epidemiologische Kurve für die Fälle.

1. Nutzen Sie den rechten Bereich der Ergebnisansicht. Hier finden Sie zwei epidemiologische Kurven:
 - Epidemiologische Kurve: Last der Station
 - Epidemiologische Kurve: Aktuelle Nachweise
2. Sie können sich nun einen Screenshot der Kurven erstellen.

Anwendungsfall II: MRE-Häufung auf einer Station

Wählen Sie sich dazu einen beispielhaften Ausgangspunkt: Entnehmen Sie - basierend auf Ihr Vorwissen zu einer historischen Häufung - eine Situation, in der Sie drei Patient:innen auf einer Station mit einem identischen multiresistenten Erreger aus dem Antrag (z.B. MRSA, 4MRGN *Klebsiella pneumoniae*) hatten. Notieren Sie sich manuell die drei Patientenummern.

Ila) Ermittlung der überschneidenden Zeiträume der MRE-Patienten untereinander im gleichen Zimmer (= Zimmerkontakte, wenn vorhanden).

1. Öffnen Sie den „Kontaktvergleich“.
2. Geben Sie die drei ermittelten Nummern Ihrer Patient:innen in die Felder „PatientID“ ein. Pro Feld geben Sie eine Nummer ein.
3. Klicken Sie auf „Senden“.

Ergebnisansicht:

- Ihnen werden die jeweiligen Kontakte paarweise angezeigt.
 - Klicken Sie zum Öffnen der Detailansichten auf die angezeigten Balken.
 - Wenn die Spalten „Zimmer“ und „Station“ gefüllt sind, handelt es sich um einen Zimmerkontakt.
 - Wenn die Spalte „Zimmer“ nicht und die Spalte „Station“ gefüllt ist, handelt es sich um einen Stationskontakt
 - Wenn die Spalten „Zimmer“ und „Station“ nicht gefüllt sind, handelt es sich um einen Fachabteilungskontakt bei zeitpunktbezogenen "Behandlungen" (hier wird der gesamte Tag als relevanter Kontaktzeitraum berücksichtigt).
 - Kontaktbeginn und –ende können Sie den entsprechenden Spalten entnehmen.
4. Notieren Sie sich die Ergebnisse aus der Tabelle. Sie können sich einzelne Zeilen herauskopieren (markieren und STRG+C).

Ilb) und auf der gleichen Station (=Stationskontakte).

1. Sie können die Ergebnisse ebenfalls der oben erzeugten Ansicht entnehmen.

Anwendungsfall III: Ermittlung der Kontakte für einen singulären MRE-Fall (ein MRE Patient)

IIIa) Ermittlung der Zimmerkontakte des MRE Patienten am Tag des MRE Nachweises.

1. Öffnen Sie „Patientenkontakte“.
2. Geben Sie die Patientennummer der/des gewählten Patient:in in das Eingabefeld „Patient“ ein.
3. Wählen Sie im Feld „Erreger“ den ausgewählten Erreger. Sie können den Erreger eingeben, sodass Ihnen eine passende, gefilterte Liste angezeigt wird.
4. Wählen Sie im Feld „Resistenz“ die entsprechende Klassifikation (z.B. MRSA).

Hinweis: An dieser Stelle ist das SmICS nicht auf Performance optimiert. Das Laden dauert hier unter Umständen sehr lange. Bitte notieren Sie sich daher separat die reine Ladezeit nach der Suchanfrage bis zum Anzeigen der Ergebnisse (geschätzt), damit dies bei der späteren Auswertung berücksichtigt werden kann.

Ergebnisansicht:

- Als Ergebnis erhalten Sie eine Liste aller Kontakte zu der/dem gewählten Patient:in.
 - Die Einfärbung der Patientennummer zeigt an, ob ein Erregernachweis für die oben gewählte Erreger- und Resistenzkombination vorliegt:
 - Die Einfärbung der Patientennummer zeigt an, ob es sich um einen mitgebrachten (= blau) oder nosokomialen (= rot) Fall handelt. Bei einer schwarzen Schriftfarbe gibt es für den/die Patient:in keinen Befund für die ausgewählte Erreger- und Resistenzkombination. Achtung: Bei einer Betrachtung historischer Daten kann es sein, dass ein Patient nicht eingefärbt ist, obwohl ein Befund vorliegt, da dieser Befund erst nach dem Verlassen der Station vorlag.
5. Für die Einschränkung der Kontakte zur Beantwortung der Fragestellung, klicken Sie nun auf das linke Filtersymbol.
 6. Wählen Sie im Feld „Erreger“ „Alle“.
 7. Wählen Sie im Feld „Kontaktebene“ „Zimmerkontakte“.
 8. Wählen Sie in den Feldern „Min“ und „Max“ jeweils den Tag des MRE Nachweises.
 9. Klicken Sie auf „Filter“.
 10. Notieren Sie sich die Ergebnisse aus der nun gefilterten Tabelle. Sie können sich einzelne Zeilen herauskopieren (markieren und STRG+C).

*IIIb) und der Stationskontakte eines MRE-Falls in den letzten 2 Wochen, die aktuell *(in unserer Form der Auswertung: am Tag des MRE-Nachweises)* noch im Haus sind (z. B. um diese Kontakte auf den MRE screenen zu können)*

1. Für die Beantwortung der Fragestellung IIIb) müssen Sie jetzt lediglich die Filtereinstellung der erzeugten Tabelle anpassen.
2. Für die Einschränkung der Kontakte zur Beantwortung der Fragestellung, klicken Sie erneut auf das linke Filtersymbol.
3. Wählen Sie im Feld „Erreger“ „Alle“.
4. Wählen Sie im Feld „Kontaktebene“ „Stationskontakte“.
5. Wählen Sie in dem Feld „Max“ den Zeitpunkt des MRE Nachweises.
6. Wählen Sie in dem Feld „Min“ den entsprechenden Tag zwei Wochen vor dem MRE Nachweis.
7. Klicken Sie auf „Filter“.
8. Um zu prüfen, ob die entsprechenden Kontaktpatient:innen noch im Haus sind, können Sie die farbigen Punkte am Ende einer jeden Zeile nutzen:
Der farbige Punkt signalisiert Ihnen, dass die/der Stationskontaktpatient:in zum Zeitpunkt des MRE-Nachweises der/des Index-Patienten:in noch im Krankenhaus hospitalisiert ist.
9. Notieren Sie sich die Ergebnisse aus der nun gefilterten Tabelle. Sie können sich die Tabelle herauskopieren (markieren und STRG+C).

Alternative Vorgehensweisen für die Prüfung, ob die Kontaktpatient:innen noch im Haus sind – unter Benutzung der Visualisierung:

10. Um zu prüfen, ob die entsprechenden Kontaktpatient:innen noch im Haus sind, notieren Sie sich die Patientennummern aus der Tabelle und wechseln Sie in die "Visualisierung".
11. Befüllen Sie auf der linken Seite das Eingabefeld "Pathogen" mit dem o. g. Erreger. Geben Sie dazu das Erregerkürzel ein.
12. Befüllen Sie auf der linken Seite das Eingabefeld "Patientenliste" mit den notierten Kontaktpatient:innen. Geben Sie dazu jeweils eine Nummer ein und bestätigen Sie über das Häkchensymbol.
13. Befüllen Sie auf der linken Seite das Eingabefeld "Kontaktpatient" mit *genau einer* beliebigen Patientennummer aus Ihrer o. g. Liste.
14. Klicken Sie in der oberen Button-Zeile auf das obere linke Symbol mit den zwei zirkulierenden Pfeilen, um die Ansichten zu laden.

Ergebnisansicht:

- Es öffnen sich alle Visualisierungsansichten.
- (Hinweis: Für die Erläuterung aller Ansichten, lesen Sie bitte das Benutzerhandbuch.)

15. Betrachten Sie insbesondere die „Patienten-Historie“.

16. Scrollen Sie zu dem entsprechenden aktuellen Zeitpunkt (=in unserer Form der Auswertung ist dies der Tag des MRE-Nachweises).

Ergebnisansicht:

- Jede Zeile repräsentiert eine/n Patienten/in.
- Wenn Sie in den Zeile einen horizontalen Balken sehen, markiert dies einen Aufenthalt der/des Patient:in. Die/der Patient:in befindet sich also zu diesem Zeitpunkt im Haus.
- Wenn Sie in der Zeile keinen horizontalen Balken sehen, befindet sich die/der Patient:in zu diesem Zeitpunkt nicht im Haus.

17. Notieren Sie sich zu Ihre Ergebnisse aus Schritt 8) die Information, ob sich die/der Patient:in zum aktuellen Zeitpunkt (in unserer Form der Auswertung: am Tag des MRE-Nachweises) im Haus befindet.