

# Datensatzbeschreibung des standortübergreifenden "NUM-Dashboard" der Netzwerk Universitätsmedizin (NUM) und der Medizininformatik-Initiative (MII) (ehemals Covid-19-Dashboard)

**Version: 0.5.4**  
**Ersteller: NUM-Dashboard-Team MWTEK (UKB)**

## Inhaltsverzeichnis

|  |           |
|--|-----------|
| <b>Versionsverzeichnis</b> .....                                   | <b>2</b>  |
| <b>Allgemeine Festlegungen</b> .....                               | <b>6</b>  |
| <b>Datenlieferungen</b> .....                                      | <b>7</b>  |
| <b>Implementationshinweise</b> .....                               | <b>8</b>  |
| <b>Allgemeine Parameter und Wertebereiche für Datenitems</b> ..... | <b>9</b>  |
| <b>Öffentlicher Datenitems</b> .....                               | <b>10</b> |
| <b>Rubrik "Covid-19"</b> .....                                     | <b>10</b> |
| Besondere Festlegungen "Covid-19" .....                            | 10        |
| Berechnungsmodelle "Covid-19" .....                                | 10        |
| Parameter und Wertebereiche für Datenitems "Covid-19" .....        | 11        |
| Definition öffentlicher Datenitems "Covid-19" .....                | 12        |
| JSON-Beispiele öffentliche Datenitems "Covid-19" .....             | 27        |
| Definition nicht-öffentlicher Datenitems "Covid-19" .....          | 36        |
| JSON-Beispiele nicht-öffentliche Datenitems "Covid-19" .....       | 37        |
| <b>Rubrik "Influenza"</b> .....                                    | <b>38</b> |
| Besondere Festlegungen "Influenza" .....                           | 38        |
| Parameter und Wertebereiche für Datenitems "Influenza" .....       | 38        |
| Definition öffentlicher Datenitems "Influenza" .....               | 39        |
| JSON-Beispiele "Influenza" .....                                   | 47        |
| <b>Rubrik "Kiradar"</b> .....                                      | <b>53</b> |
| Besondere Festlegungen "Kiradar" .....                             | 53        |
| Parameter und Wertebereiche für Datenitems "Kiradar" .....         | 53        |
| Definition öffentlicher Datenitems "Kiradar" .....                 | 57        |
| JSON-Beispiele "Kiradar" Kinder-/Jugendpsychiatrie (KJP) .....     | 62        |
| JSON-Beispiele "Kiradar" Pädiatrie (RSV) .....                     | 66        |
| <b>Rubrik "Projekt-Dashboards"</b> .....                           | <b>69</b> |
| Besondere Festlegungen .....                                       | 69        |
| 1. Projekt ACRI-BIS (ACR) .....                                    | 69        |
| Parameter und Wertebereiche für Datenitems .....                   | 69        |
| Definition Datenitems .....  | 72        |
| JSON-Beispiele .....   | 74        |
| <b>Templates</b> .....   | <b>76</b> |
| JSON-Templates öffentliche Dataitems "Covid-19" .....              | 76        |
| JSON-Templates nicht-öffentliche Dataitems "Covid-19" .....        | 84        |
| JSON-Templates "Influenza" .....                                   | 85        |
| JSON-Templates "Kiradar" .....                                     | 91        |
| JSON-Templates "Projekte-Dashboard" .....                          | 95        |

**Kaufmännische Direktion**

**Kaufmännischer Direktor/  
Stellv. Vorstandsvorsitzender  
Clemens Platzköster**

Tel: +49 (0) 228 287-14040  
Fax: +49 (0) 228 287-90 14040  
Clemens.Platzkoester@ukbonn.de

**Stabsstelle Medizinisch-  
Wissenschaftliche Technologie-  
entwicklung und -koordination  
(MWTEK)**

**PD Dr. Sven Zenker**  
**Ärztlicher Leiter**

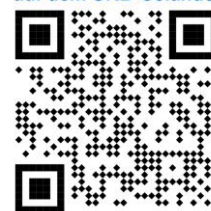
Tel: +49 (0) 228 287-15126  
Fax: +49 (0) 228 287-14115  
Sven.Zenker@ukbonn.de

**Teamassistentz**

**Nina Zagel**  
Tel: +49 (0) 228 287-15586  
Fax: +49 (0) 228 287-90 14115  
Nina.Zagel@ukbonn.de

Universitätsklinikum Bonn  
Venusberg-Campus 1  
53127 Bonn

Ihr Weg zu uns  
auf dem UKB-Gelände:



**8NMVUM**

## Versionsverzeichnis

| Version | Datum      | Änderung  |
|---------|------------|---|
| 0.1     | 01.04.2020 | Initialer Vorschlag   |
| 0.1.1   | 02.04.2020 | Redaktionelle Anpassungen;<br>Fehlerkorrektur: timeline.maxtreatmentlevel um Feld "date" erweitert  |
| 0.1.2   | 07.04.2020 | Redaktionelle Anpassungen;<br>Verbesserung der Verständlichkeit der Beschreibungen anhand der intrakonsortiiellen Rückmeldungen, Konkretisierung einiger Beschreibungen durch Beispiele.<br>Zur Verbesserung der Lesbarkeit wurden "SARS-CoV-2-positive Patient*Innen" in "SARS-CoV-2-Patient*Innen" umbenannt. Die Definition wurde um gesetzte lokale Dokumentationsmerkmale ergänzt.<br>cumulative.age, cumulative.inpatient.age, cumulative.outpatient.age: Kohortierung nach Altersgruppen aufgrund konkreter Datenschutzanforderungen.  |
| 0.1.3   | 09.04.2020 | Alterskohortierung korrigiert.<br>Diagramme cumulative.maxtreatmentlevel und timeline.maxtreatmentlevel um Parameter "ambulant" ergänzt.<br>Diagramme für die Liegedauer hinzugefügt:<br>cumulative.lengthofstay.hospital und cumulative.lengthofstay.icu<br>Bitte beachten: Aufenthaltsdauer Krankenhaus in Tagen, Aufenthaltsdauer in Stunden!  |
| 0.1.4   | 08.05.2020 | <ul style="list-style-type: none"> <li>Konkretisierung des für jeden Plot zugrundeliegenden Kollektivs hinzugefügt.</li> <li>Zusätzlich zum leeren Template ein ausgefülltes Beispiel hinzugefügt</li> <li>Implementationshinweise ergänzt</li> <li>neue Plots: cumulative.lengthofstay.hospital.alive, cumulative.lengthofstay.hospital.dead, cumulative.lengthofstay.icu.alive, cumulative.lengthofstay.icu.dead</li> <li>Spezifikation zur REST-API konkretisiert</li> <li>Optionale Unterscheidung der Beatmungart nach invasiv und nicht-invasiv</li> </ul> <p>Hinweis: Diese Version ist vollständig abwärtskompatibel zu Version 0.1.3</p> <p>Wenn die vier hinzudefinierten Diagramme und/oder die weitere Ausspezifizierung der Beatmungsart nicht geliefert werden, muss nach</p> |

|        |            |  |
|--------|------------|--|
|        |            | Ansicht der Autoren keine erneute Freigabe bei den zuständigen Stellen eingeholt werden.   |
| 0.1.4a | 12.05.2020 | <ul style="list-style-type: none"> <li>Kleinere redaktionelle Änderungen</li> </ul>  |
| 0.2    | 24.08.2021 | <ul style="list-style-type: none"> <li>Kleinere redaktionelle Änderungen</li> <li>Angleichung des Versionierungsschemas an die technische Beschreibung des NUM Dashboard Backends</li> <li>Angaben zum REST-Zugang für Datenlieferungen erweitert und präzisiert.</li> </ul>   |
| 0.2.1  | 29.10.2021 | <ul style="list-style-type: none"> <li>Kleinere redaktionelle Änderungen</li> <li>Handling vorstationärer Fälle präzisiert</li> <li>Referenzzeitpunkt Patient*Innen-Alter präzisiert</li> <li>Handling Verweildauer bei multiplen SARS-CoV-2-Fällen pro Patient*In präzisiert</li> </ul>   |
| 0.3    | 07.03.2022 | <ul style="list-style-type: none"> <li>Neue Parameter und Wertebereiche: <ul style="list-style-type: none"> <li>immunestatus</li> <li>varianttestresults</li> </ul> </li> <li>Neue öffentliche Dataitems zum Immunisierungsstatus: <ul style="list-style-type: none"> <li>cumulative.immunestatus.ambulant</li> <li>timeline.immunestatus.ambulant</li> </ul> (neben "ambulant" für alle Versorgungsniveaus definiert) </li> <li>Neue öffentliche Dataitems: <ul style="list-style-type: none"> <li>cumulative.varianttestresults</li> <li>timeline.varianttestresults</li> </ul> </li> <li>Textliche Umformulierungen in <ul style="list-style-type: none"> <li>timeline.tests</li> <li>timeline.test.positive</li> <li>timeline.maxtreatmentlevel</li> <li>timeline.deaths</li> </ul> </li> <li>Gendern von "Patient"</li> <li>JSON Validierung der Beispiele</li> <li>Konsolidierung auf englische Schreibweise aller Werte: <ul style="list-style-type: none"> <li><i>ambulant</i> &gt; <i>Outpatient</i></li> <li><i>Normalstation</i> &gt; <i>Normal_ward</i></li> <li><i>ICU_undifferenziert</i> &gt; <i>ICU_undifferentiated</i></li> <li><i>ICU_mit_Beatmung</i> &gt; <i>ICU_with_ventilation</i></li> <li><i>ICU_mit_ecmo</i> &gt; <i>ICU_with_ecmo</i></li> <li><i>Vollständig</i> &gt; <i>Complete</i></li> <li><i>Unvollständig</i> &gt; <i>Incomplete</i></li> <li><i>Keine</i> &gt; <i>None</i></li> <li><i>Unbekannt</i> &gt; <i>Unknown</i></li> <li><i>positiv</i> &gt; <i>Positive</i></li> <li><i>grenzwertig_Verdacht</i> &gt; <i>Borderline_suspected</i></li> <li><i>negativ</i> &gt; <i>Negative</i></li> <li><i>maennlich</i> &gt; <i>Male</i></li> <li><i>weiblich</i> &gt; <i>Female</i></li> </ul> </li> </ul> |

|       |          |  |
|-------|----------|--|
|       |          | <p><i>divers &gt; Diverse</i></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Non/invasive Beatmung gestrichen</li> <li>• Update Partner Codex+</li> <li>• Neue Datenitems zum max. Versorgungsniveau: <ul style="list-style-type: none"> <li>- <code>current.age.maxtreatmentlevel.outpatient</code></li> <li>- <code>cumulative.age.maxtreatmentlevel.outpatient</code></li> </ul> und entsprechend für weitere Versorgungsniveaus</li> <li>• "data/treatmentlevels" umbenannt zu "treatmentlevels"</li> <li>• "data/gender" umbenannt zu "gender"</li> <li>• Die Beschreibungen der Parameter, Wertebereiche und Datenitems wurden durchgängig überarbeitet und einander angeglichen</li> <li>• Zwei Hinweise zur datenschutzrechtlichen Überprüfung <ol style="list-style-type: none"> <li>1.) aggregierte Daten</li> <li>2.) weitere WHO Varianten</li> </ol> </li> <li>• Einführung nicht-öffentlicher Datenitems <ul style="list-style-type: none"> <li>- Kreuztabelle "<code>current.treatmentlevel.crosstab</code>",</li> </ul> </li> </ul>  |
| 0.3.1 | 23.03.22 | <p>Richtigstellung im Text des Versionsverzeichnis zur engl. Übersetzung:<br/> "<code>ICU_ohne_Beatmung &gt; ICU_with_ventilation</code>" soll heißen<br/> "<code>ICU_mit_Beatmung &gt; ICU_with_ventilation</code>"</p>   |
| 0.4   | 11.11.22 | <ul style="list-style-type: none"> <li>• Erweiterung der Provider (UKOWL, Praxen*)</li> <li>• Erweiterung folgender öffentlicher Datenitems um Datensätze aus Hausarztambulanzen einschl. deren Beschreibungen <ul style="list-style-type: none"> <li>○ <code>treatmentlevels - outpatientgp</code></li> <li>○ <code>cumulative.gp.gender</code> – Kollektiv <code>cumulative.gp</code></li> <li>○ <code>cumulative.gp.age</code> – Kollektiv <code>cumulative.gp</code></li> <li>○ <code>cumulative.zipcode</code>, <code>timeline.test</code><sup>s</sup>, <code>timeline.test.positive</code>:<br/>Erweiterung der Beschreibung um hausärztliche, ambulante Fälle</li> <li>○ <code>cumulative.outpatientgp.age</code> – Kollektiv <code>cumulative.outpatientgp</code></li> <li>○ <code>cumulative.outpatientgp.gender</code> – Kollektiv <code>cumulative.outpatientgp</code></li> <li>○ <code>cumulative.immunestatus.outpatientgp</code> – Kollektiv <code>cumulative.immunestatus.outpatientgp</code></li> <li>○ <code>timeline.immunestatus.outpatientgp</code> – Kollektiv <code>immunestatus.outpatientgp</code></li> </ul> </li> <li>• Überarbeitung der JSON-Templates unter Berücksichtigung der hausärztlichen Dataitems</li> <li>• Datensätze ohne Abhängigkeit zur Hausarztmedizin: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ „gender“, „immunestatus“</li> </ul> </li> </ul> |
| 0.5   | 12.12.22 | <p>Einführung neuer Überschriften:<br/> Transmission Parameters (wöchentliches update)</p>   |

|       |            |  |
|-------|------------|--|
|       |            | <p>Transmission parameter (weekly update)</p> <p>Parameter zu Behandlungsursachen (de)</p> <p>Parameter related to Causes of Treatment (en)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Neue Parameter und Wertebereiche <ul style="list-style-type: none"> <li>- current.wardsvisited</li> <li>- current.patientpossiblenosocomialcases</li> <li>- current.patientnosocomialcases</li> <li>- current.predictivediseases</li> <li>- timeline.predictivediseases</li> <li>- current.causehospitalization</li> <li>- timeline.causehospitalization</li> <li>-current.rbmortalityrisk</li> <li>- timeline.rbmortalityrisk</li> <li>- cumulative.rbmortalityrisk.roc</li> <li>- renalreplacementrisk</li> <li>- timeline.renalreplacementrisk</li> <li>- cumulative.renalreplacementrisk.roc</li> <li>- timeline.icubedoccupancy</li> </ul> </li> </ul> |
| 0.5.1 | 06.12.2023 | Briefkopf angepasst  |
| 0.5.2 | 05.03.2024 | <p>Dokumenttitel angepasst auf "NUM-Dashboard"</p> <p>TUM als Standort entfernt</p> <p>Item "current.age.maxtreatmentlevel.outpatient" entfernt</p> <p>Reorganisation des Dokuments „NUM-Dashboard“. Die Unterrubriken „Covid-19-Dashboard“, „KinderRadar“ und „Influenza-Dashboard“ wurden eingeführt.</p> <p>Umstellung auf Kleinschreibungen aller Bezeichner in der Datensatzbeschreibung. In Datenlieferungen kann beliebig Groß/Kleinschreibung verwendet werden.</p> <p>Finale Überarbeitung Rubrik Influenza</p> <p>Finale Formatierungen / Rechtschreibung für Rease-Version</p> <p>Anpassung in Bezug auf Datenitems der Hausarztpraxen</p> <p>Streichung cumulative.gp.gender und cumulative.gp.age</p> <p>Kennzeichnung der nur für Hausarztpraxen relevanten Datenitems</p>   |
| 0.5.3 | 16.04.2024 | <p>Die Beschreibung des Datenlieferungsprozesses wurde ergänzt, um die Umsetzung zu erleichtern</p> <p>COT als Standort umbenannt in CTK</p> <p>Kommentierung der Json-Beispiele für öffentliche Datenitems „Covid-19“ und „Influenza“</p> <p>Kleine redaktionelle Änderungen</p>  |

|       |            |   |
|-------|------------|---|
| 0.5.4 | 22.04.2024 | redaktionelle Änderungen  |
| 0.5.4 | 07.05.2024 | Angaben zu Versionen harmonisiert item "dashboard_dataset_version"  |
| 0.5.4 | 08.05.2024 | Hinzugefügt in Datenitem infl.subtypetestresults für "AB_nosub" (Linie nicht bestimmt/lineage not subtyped)                                       |
| 0.5.4 | 17.05.2024 | Itemname timeline.kiradar.diags.icdcodes renamed to kira.timeline.diags.icdcodes  |
| 0.5.4 | 13.06.2024 | Ergänzende Parameterdefinitionen "dashboard_dataset_version", "exporttimestamp", "author"   |
| 0.5.4 | 13.06.2024 | Rubrik INFLUENZA: Die Auswertung beginnt ab dem Stichtag 01.09.2022.  |
| 0.5.4 | 21.06.2024 | Definition Aufenthaltsdauer genauer spezifiziert für Datenitem kira.cumulative.lengthofstay.disorders   |
| 0.5.4 | 14.09.2024 | Re-implementation der KiRadar Dataitems für Kinder-/ Jugendpsychiatrie (KJP) und Paediatric (RSV)<br>Erläuterungen zu LOINC Codes bzgl. Influenza |
| 0.5.4 | 28.10.2024 | Vervollständigung/Restrukturierung Partnerliste (provider)  |
| 0.5.4 | 13.11.2024 | Aufbau der Rubrik "Projekt-Dashboards" inkl. "Projekt ACRIbIS"  |

\* Die Datenbereitstellung für Hausarztpraxennetzwerke erfolgt in der Regel auf dem Wege der Voraggregation der praxisbeziehbaren Daten und gesammelt durch das Institut für Hausarztmedizin des UKB

Die vorliegende Datensatzbeschreibung wurde im Hinblick auf eine schnelle und pragmatische Realisierbarkeit erstellt. Optimierungen im Hinblick u.a. auf Standardkonformität sollten im Verlauf erfolgen.

## Allgemeine Festlegungen

- Die Datensatzbeschreibung ist versioniert. Einzelitems werden eindeutig durch das Tupel {dashboard\_dataset\_version, itemname} identifiziert, analoges gilt für die zu einem itemname gehörigen Wertebereiche, die ebenfalls von Version zu Version veränderlich sein können.
- Aus Datenschutzgründen sollen alle nicht voraggregierten Teildatensätze (z.B. Liste des Alters in Jahren der Patient\*Innen) beim Export in eine aufsteigende Reihenfolge gebracht werden, um ein Matching der Teildatensätze über die Exportreihenfolge wirksam zu verhindern.
- Missings (z.B. wenn nicht lieferbar) werden mit "null" gekennzeichnet.
- Zeit- und Datumsangaben werden als "unix time" UTC angegeben (UTC-Sekunden seit 01.01.1970).
- Vorstationäre Fälle sind wie ambulante Fälle zu behandeln

- Es werden ausschließlich Testergebnisse zu Krankheitserregern berücksichtigt, die einen Fallbezug aufweisen, um eine einheitliche Datenbasis zu gewährleisten.
- Die Verweildauer-Berechnung erfolgt gemäß der Definition in §1 Abs.7 der Verordnung zum Fallpauschalensystem für Krankenhäuser (KFPV)
- Aus den in diesem Dokument spezifizierten Datenlieferungen können zusätzliche höher aggregierte Darstellungen berechnet, gespeichert und an der Benutzeroberfläche dargestellt werden.
- Die Verwendung der Groß/Kleinschreibung in dieser Datensatzbeschreibung in Bezug auf definierte Parameter, Parameter-Werte, Dataitem-Bezeichner oder in Dataitem verwendete Wertebezeichner erfolgte allein aus Gründen der besseren Lesbarkeit. Für eine Übergabe der Daten ist die verwendete Groß/Kleinschreibung unerheblich.

## Datenlieferungen

- Zu Beginn können die ersten Datenlieferungen per Mail an [ddp-support@ukbonn.de](mailto:ddp-support@ukbonn.de) erfolgen, sodass die Bedienung der REST-API nicht unmittelbar erfolgen muss und die JSON-Datei in einem manuellen Validierungsschritt auf Konformität mit dieser Datensatzbeschreibung überprüft werden kann.
- Für die Validierung von Datenlieferungen werden im ersten Schritt Datendateien an den Test-Server <https://numdashboard-test.ukbonn.de> geliefert. Nach Validierung durch die Standorte und Abnahme durch das Dashboard-Team erfolgen regelmäßige Datenlieferungen an den öffentlichen Server <https://numdashboard.ukbonn.de>.
- Der Standardweg zur Übertragung der Daten ist eine REST-API, die unter der URL [https://coronadashboard.ukbonn.de/backend/\[Klinikkürzel\]/put](https://coronadashboard.ukbonn.de/backend/[Klinikkürzel]/put) (POST) erreichbar ist. Der Username entspricht ebenfalls dem Kürzel der Klinik, wobei beachtet werden muss, dass das Kürzel in der URL komplett in Großbuchstaben geschrieben, der Benutzername hingegen vollständig klein geschrieben werden muss. Die Authentifizierungsart ist "basic", der "content type" "application/json". Die Zugangsdaten werden zentral vergeben und müssen angefragt werden.
- Jede Datenübertragung definiert für den Standort (gemäß Header) den aktuellen Datenbestand vollständig. Alle durch vorgegangene Übertragungen übermittelten Daten werden gelöscht, bzw. für die aus der Datenübertragung resultierende aktualisierten Darstellungen des Dashboards nicht mehr verwendet. Insofern für den Standort Daten für mehrere Rubriken (Covid, Influenza oder Kiradar) im Dashboard dargestellt werden sollen, müssen alle diesbezüglichen Daten mit der aktuellen Datenübertragung übergeben werden.
- Für alle Datenlieferungen, die kumulierte Werte übermitteln ("cumulativ") oder Werte in Zeitverläufen übermitteln ("timeline"), ist zu beachten, dass kumulierte Werte auf der Basis aller Kalendertage seit Auswertungsbeginn bis zum Vortag der Lieferung (inkl.) ermittelt werden bzw. dass Zeitreihen für alle Kalendertage seit Auswertungsbeginn bis zum Vortag der Lieferung (inkl.) Werte beinhalten. Der Auswertungsbeginn der



Untersuchungen in den Rubriken "Covid-19", "Influenza" und "Kiradar" differiert und ist siehe unten jeweils für die Rubrik als explizites Datum angegeben.

- Die Gültigkeit der übertragenen Daten ist für jeden Standort insgesamt über alle Rubriken und deren Datenitems hinweg auf eine Zeitspanne von 48 Stunden festgelegt. Die Zeitspanne beginnt mit dem Zeitpunkt der Datenübergabe und endet nach Ablauf von 48 Stunden. Nach Ablauf der Zeitspanne, und falls zwischenzeitlich keine weitere aktualisierende Datenlieferung erfolgte, werden die übergebenen Daten weder in den Drilldown-Ansichten des Standorts angezeigt, noch werden die Daten für Datenvisualisierungen herangezogen, die auf Basis von Daten mehrerer Standorte berechnet werden. In begründeten Ausnahmen können für ausgewählte Datenitems die Zeitspannen angepasst werden.

### Implementationshinweise

- Die hier beschriebenen Plots können sämtlich unter <https://numdashboard.ukbonn.de/> angesehen werden.
- Viele Programme haben die Möglichkeit die JSONs auf Validität zu überprüfen. Von dieser Möglichkeit sollte Gebrauch gemacht werden. Ein Online-Validator ist z.B. <https://jsonlint.com/>
- Diagramme, die keinerlei Daten enthalten, sollen in der JSON-Datei nicht modelliert werden, da dies eine unnötige, zusätzliche Fehlerquelle ist.
- Mit einem Programm wie z.B. "Postman" (<https://www.postman.com/>) oder dem Open-Source-Tool "SoapUI" (<https://www.soapui.org/>) kann die REST-API direkt angesprochen und getestet werden.



## Allgemeine Parameter und Wertebereiche für Datenitems

| Parameter                 | Wertebereich und Beschreibung   |
|---------------------------|---|
| provider                  | Charité Universitätsmedizin Berlin CHARITE<br>LMU Klinikum München LMU<br>Medizinische Hochschule Hannover MHH<br>Medizinische Universität Lausitz-Carl Thiem MUL-CT<br>Uniklinik RWTH Aachen UKA<br>Universitätsklinikum Augsburg UKAU<br>Universitätsklinikum Bielefeld mit Medizinischer Fakultät und UK OWL UKOWL<br>Universitätsklinikum Bonn UKB<br>Universitätsklinikum Carl Gustav Carus Dresden UKDD<br>Universitätsklinikum der Ruhr-Universität Bochum RUB<br>Universitätsklinikum des Saarlandes UKS<br>Universitätsklinikum Düsseldorf UKD<br>Universitätsklinikum Erlangen UKER<br>Universitätsklinikum Essen UME<br>Universitätsklinikum Frankfurt UKF<br>Universitätsklinikum Freiburg UKFR<br>Universitätsklinikum Gießen und Marburg, Standort Gießen UKGMG<br>Universitätsklinikum Gießen und Marburg, Standort Marburg UKGMM<br>Universitätsklinikum Halle UKH<br>Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf UKE<br>Universitätsklinikum Heidelberg UKHD<br>Universitätsklinikum Jena UKJ<br>Universitätsklinikum Köln UKK<br>Universitätsklinikum Leipzig UKL<br>Universitätsklinikum Magdeburg UMMD<br>Universitätsklinikum Mannheim UMM<br>Universitätsklinikum Münster UKM<br>Universitätsklinikum Regensburg UKR<br>Universitätsklinikum Schleswig-Holstein UKSH<br>Universitätsklinikum Technische Universität München TUM<br>Universitätsklinikum Tübingen UKT<br>Universitätsklinikum Ulm UKU<br>Universitätsklinikum Würzburg UKW<br>Universitätsmedizin der Johannes Gutenberg-Universität Mainz UM<br>Universitätsmedizin Göttingen UMG<br>Universitätsmedizin Greifswald UMGR<br>Universitätsmedizin Oldenburg UMO<br>Universitätsmedizin Rostock UMR<br>Hausarztpraxen Allgemeinmedizin Praxen |
| dashboard_dataset_version | Version der Datensatzbeschreibung auf der die Lieferung basiert im Format 0.x.x, z.B. aktuell 0.5.3   |
| exporttimestamp           | Zeitpunkt des Exports der Daten aus den Quellsystemen (unix time gemäß UTC)   |
| author                    | Verantwortlicher Standort für die Datenlieferung, Freitext z.B. siehe oben Parameter "provider" die Bezeichnung   |
| treatmentlevels           | „Outpatientgp“- general Practitioner/family medicine (gp),<br>hausärztlicher Patient*in (nicht für Diagramme der Gruppe<br>"current.")<br><br>"Outpatient" – ambulanter Patient*In, (nicht für Diagramme der<br>Gruppe "current.")<br><br>"Normal_ward" – stationärer, nicht intensivpflichtiger Patient*In   |

|        |  |
|--------|--|
|        | <p>"ICU" – Intensivpatient*in ohne Beatmung</p> <p>"ICU_with_ventilation" – Intensivpatient*in mit Beatmung ohne ECMO</p> <p>"ICU_with_ecmo" – Intensivpatient*in mit Beatmung und ECMO</p> <p>"ICU_undifferentiated" – nur falls zwischen Intensivaufenthalten mit/ohne Beatmung bzw. ECMO nicht unterschieden werden kann.</p> |
| gender | <p>"Male" – männliche Patient*innen</p> <p>"Female" – weibliche Patient*innen</p> <p>"Diverse" – diverse Patient*Innen</p>   |

## Öffentlicher Datenitems

Sämtliche öffentlichen Datenitems werden in der öffentlichen Ansicht des Dashboards (d.h., ohne Standort-Anmeldung im Frontend) nur in über alle Standorte hinweg aggregierter Form dargestellt. Sämtliche öffentlichen Datenitems werden für datenliefernde Standorte nach Anmeldung zusätzlich mit Drilldown-Möglichkeit dargestellt. D.h., dass jeder Standort sämtliche öffentlichen Diagramme auch in einer standortbezogenen Fassung für alle beteiligten Standorte einsehen kann.

## Rubrik "Covid-19"

### Besondere Festlegungen "Covid-19"

- Die Auswertung beginnt ab dem Stichtag 27.01.2020 (Datum des ersten bestätigten Corona-Falls in Deutschland).

### Berechnungsmodelle "Covid-19"

- „Berliner“ Modell:

Das "Berliner Modell" berechnet auf Grundlage tagesaktueller Kennzahlen des RKI (Anzahl gesichert infizierten SARS-CoV-2 Patient\*innen der Intensivstationen) und des DIVI (Intensivbettenbelegung durch SARS-CoV-2 Patient\*innen) sowie klinischen Kennzahlen am Standort eine Vorhersage für die Bettenbelegung der Intensivstation für die nächsten sieben Tage.

Modellbeschreibung mathematisch nach Angaben von Herrn Prof. Dr. med. Mario Menk u. Dr. Sebastian Boie, Ph.D., Institut für Medizinische Informatik, Geschäftsbereich IT | Medical Data Science, Charité - Universitätsmedizin Berlin | Campus Charité Mitte:

---

Datenquelle RKI: tagesaktuelle Anzahl der gesichert infizierten SARS-CoV-2 Patient\*innen

Datenquelle DIVI: tagesaktuelle Intensivbettenbelegung durch SARS-CoV-2 Patient\*innen.

Datenquellen liefern aktuelle Daten mit einem Tag Verzögerung.

**Y(t):** SARS-CoV-2-Patient\*innen (Erwachsene und Kinder), die sich auf einer Intensivstation befinden und ein Intensivbett belegen zum Tag t

**I(t):** Anzahl der gesichert infizierten Patient\*innen zum Tag t

**E(t):** Anzahl der Erstaufnahmen auf einer Intensivstation zum Tag t

Das Vorhersage-Modell ist mathematisch beschrieben:

$$Y(t) = Y(t-1) + p_{icu\_rate} * I(t-8) - p_{discharge} * E(t-18)$$

**p\_discharge** = 1 (Annahme: alle vor 18 Tagen erstmalig Intensivpflichtigen Patient\*innen werden wieder entlassen)

**p\_icu\_rate**: Schätzung aus **E(t)** und **I(t – 8)**, dabei wird für jeden Tag die **p\_icu\_rate** bestimmt. Es wird der Median über 30 Tage ermittelt und in die obige Y(t)-Formel eingesetzt. Die obere und untere Grenze der Vorhersage werden ermittelt, indem der Median durch das 1. und 99. Perzentil ersetzt wird. Für Folgetage wird jeweils  $t + 1, t + 2, \dots t + 7$  in die Formel eingesetzt. Dadurch gibt es jeden Tag (mit neuen Daten vom RKI und vom DIVI) eine neue Vorhersage für die nächsten 7 Tage.

Vereinfachte Beschreibung: Zahl der IntensivPatient\*innen heute = Zahl der IntensivPatient\*innen gestern plus ein geschätzter Prozentsatz der Infizierten vor 8 Tagen minus aller Intensiverstaufnahmen vor 18 Tagen.

---

- **“Bonner” Modell:**

Das "Bonner Modell" errechnet aus in der Routineversorgung regelmäßig verfügbaren Parametern täglich einen Score, der für die zukünftige Notwendigkeit des Einsatzes eines extrakorporalen Nierenersatzverfahrens prädiktiv ist. Ziel ist es u.a., durch das Dashboard eine Abschätzung der zukünftigen Ressourcenauslastung durch solche Maßnahmen zu unterstützen.

Erdfelder F, Grigutsch D, Hoeft A, Reider E, Matot I, Zenker S. Dynamic prediction of the need for renal replacement therapy in intensive care unit patients using a simple and robust model. *J Clin Monit Comput.* 2017;31(1):195-204. doi:10.1007/s10877-015-9814-4

- **“Regensburger” Modell:**

Der dem "Regensburger Modell" zugrundeliegende Algorithmus bestimmt das Mortalitätsrisiko von COVID-19-IntensivPatient\*innen des Universitätsklinikum Regensburg. Das Datenset beinhaltete 589 Patient\*innen ohne SARS-CoV-2 Infektion aus dem Jahr 2019 und 51 Patient\*innen mit SARSCoV-2 Infektion aus dem Jahr 2020. Der Algorithmus besteht aus einem Gradient Boosting Model für die Verarbeitung von punktuellen und niedrig-frequenten Daten und einen Neural Network Autoencoder für die Integration von hochfrequenten Daten.

Stratifizierung des Mortalitätsrisiko von COVID-19 Patient\*innen mittels Machine-Learning-Algorithmen.

Reuther J; Fomenko V; Gülow K; Reuther S; Spreiter L; Schmid S; Müller-Schilling M. *Internist* **62** (Suppl 2), 147–202 (2021). <https://doi.org/10.1007/s00108-021-01036-7>

Java Implementierung: <https://github.com/uneti/codex-ukr-mortality-java>

## Parameter und Wertebereiche für Datenitems "Covid-19"

| Parameter       | Wertebereich und Beschreibung  |
|-----------------|--|
| infectionstatus | <p>"Positive"</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Als <b>SARS-COV-2-Patient*In</b> gilt, wer mindestens</li> <li>• eine dokumentierte Corona-Diagnose ICD-10 U07.1! oder</li> <li>• einen positiven Labornachweis des "SARS-CoV-2"-Virus (aktuell in der Regel RT-PCR) hat oder</li> <li>• ein gesetztes lokales Dokumentationsmerkmal "COVID positiv" (o.ä) hat oder hatte</li> </ul> <p>"Borderline_suspected"</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Als <b>Patient*In mit Verdacht auf SARS-COV-2-Infektion</b> gilt, bei wem eine Corona Diagnose U07.1! V (ambulant) oder U07.2!</li> </ul> |

|                    |  |
|--------------------|--|
|                    | <p>in ICD-10 codiert wurde und/oder wer ein uneindeutiges/grenzwertiges Labortestergebnis aufweist.</p> <p>"Negative"</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Als <b>SARS-COV-2-negativ-Patient*Innen</b> gilt, wer ausschließlich negative Labornachweise oder eine der ICD-10 Diagnosen U07.1A oder U07.2A (ambulant) codiert hat.</li> </ul>   |
| immunestatus       | <p>Der Immunstatus gemäß der zum <b>Erhebungs- bzw. Dokumentationszeitpunkt aktuell gültigen Definition des Robert-Koch-Institutes</b>, d.h. der Immunstatus kann sich ggf. aus einer Kombination von Genesenen- und Impfstatus ergeben.</p> <p>"Complete"</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Vollständige Immunisierung</li> </ul> <p>"Incomplete"</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Unvollständige Immunisierung</li> </ul> <p>"None"</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Keine Impfung oder zurückliegende Infektion soweit bekannt</li> </ul> <p>"Unknown"</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Information zur Immunisierung unbekannt, nicht vorliegend</li> </ul>                 |
| varianttestresults | <p>Angaben zu Testergebnissen gemäß der übergreifend gültigen WHO Definitionen siehe "Anwendung der SARS-CoV-2 Varianten Nomenklatur der WHO durch das RKI" online auf <a href="https://www.rki.de/">https://www.rki.de/</a>.</p> <p>Anzahl positiven Testergebnisse für die WHO-Varianten *</p> <p>"Alpha", "Beta", "Gamma", "Delta", "Omikron",<br/>"OtherVOC" (andere VOC-Variante),<br/>"NonVOC" (nicht VOC-Variante)</p> <p>* Hinweis für die datenschutzrechtliche Prüfung: Mit der Festlegung neuer Varianten im Verlauf der weiteren Pandemieentwicklung kann die Datensatzbeschreibung und Datenerfassung in Bezug auf dieses Datenitem ohne erneute datenschutzrechtliche Prüfung entsprechend erweitert werden.</p> |

### Definition öffentlicher Datenitems "Covid-19"

| Itemname               | Beschreibung   |
|------------------------|--|
| current.treatmentlevel | <p>Kollektiv: Derzeit in stationärer Behandlung befindliche SARS-CoV-2-Patient*Innen.</p> <p><u>Aktuelles</u> Versorgungsniveau SARS-COV-2-Patient*Innen: Anzahl SARS-COV-2-<b>positiver Patient*Innen</b> auf den in "treatmentlevels" definierten Versorgungsniveaus zum Zeitpunkt des</p> |

|                           |  |
|---------------------------|--|
|                           | <p>Datenexports. Geliefert wird also pro Datenlieferung eine Anzahl (Ganzzahl <math>\geq 0</math>) pro Versorgungsniveau.</p> <p>Beispiel: Patient*In, dessen Beatmung beendet werden konnte, der aber noch auf der Intensivstation liegt, wird hier als "ICU" geführt.</p>  |
| current.maxtreatmentlevel | <p>Kollektiv: Derzeit in stationärer Behandlung befindliche SARS-CoV-2-Patient*Innen.</p> <p>Höchstes bisheriges Versorgungsniveau der <u>aktuell</u> stationären <b>SARS-COV-2-Patient*Innen</b>: Anzahl der zum Exportzeitpunkt aktuell stationären Patient*Innen mit dem bislang am höchsten beanspruchten Versorgungsniveau wie in "treatmentlevels" definiert.</p> <p>Die Rangfolge der Versorgungsniveaus:<br/>         "Outpatient", "Normal_ward",<br/>         "ICU_undifferentiated", "ICU",<br/>         "ICU_with_ventilation", "ICU_with_ecmo"</p> <p>Geliefert wird also pro Datenlieferung eine Anzahl (Ganzzahl <math>\geq 0</math>) pro Versorgungsniveau.</p> <p>Beispiel: Ein Patient, der auf der Intensivstation beatmet wurde, nun aber auf Normalstation liegt, wird hier als "ICU_with_ventilation" geführt.</p> |
| cumulative.results        | <p>Kollektiv: SARS-CoV-2-Tests aller Patient*Innen, für die ein mit dem Test zusammenhängender ambulanter, vor-, nach-, teil- oder vollstationärer Behandlungsfall existiert (keine Testergebnisse von externen Auftraggebern, wie z.B. Hausärzten, Gesundheitsämtern etc.).</p> <p><b>Anzahl SARS-CoV-2-Tests</b> gemäß Einstufung der Testergebnisse in die Kategorien<br/>         "Positive", "Borderline_suspected", "Negative"</p> <p>Geliefert wird also pro Datenlieferung eine Anzahl (Ganzzahl <math>\geq 0</math>)</p>  |
| cumulative.gender         | <p>Kollektiv: Alle SARS-CoV-2-Patient*Innen mit einem ambulanten, vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p><b>Anzahlen der SARS-CoV-2-Patient*Innen nach Geschlecht</b></p>   |

|                              |  |
|------------------------------|--|
|                              | <p>Geliefert wird also pro Datenlieferung eine Anzahl (Ganzzahl <math>\geq 0</math>) pro Geschlecht.</p>   |
| cumulative.age               | <p>Kollektiv cumulative.age: Alle SARS-CoV-2-Patient*Innen mit einem ambulanten, vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall. Referenzzeitpunkt ist das Alter zum Aufnahmezeitpunkt des ersten SARS-CoV2-Falles eines Patient*In.</p> <p><b>Lebensalter</b> aller SARS-COV-2-<b>positiver Patient*Innen</b> als aufsteigend sortierte Liste. Die Lebensalter in Altersgruppen wie folgt:<br/>0 falls <math>&lt;20</math>, 20 für 20-24, 25 für 25-29, 30 für 30-34,..., 85 für 85-89, 90 falls <math>\geq 90</math>, also jeweils das niedrigste Alter der Gruppe.<br/>Beispiel: [0, 20, 20, 35, 40, 40, 85, 90]</p>   |
| cumulative.maxtreatmentlevel | <p>Kollektiv: Alle SARS-CoV-2-Patient*Innen mit einem <u>abgeschlossenen</u> ambulanten, vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p>Für alle Versorgungsniveaus gemäß "treatmentlevels" werden die <b>Anzahlen aller SARS-COV-2-Patient*Innen</b> angegeben, die <b>auf dem Versorgungsniveau</b> behandelt wurden. Patient*Innen zählen nur einmal in dem maximal genutztem Versorgungsniveau.</p> <p>Die Rangfolge der Versorgungsniveaus:<br/>"Outpatient", "Normal_ward",<br/>"ICU_undifferentiated", "ICU",<br/>"ICU_with_ventilation", "ICU_with_ecmo"</p> <p>Geliefert wird also eine Anzahl (Ganzzahl <math>\geq 0</math>) pro Versorgungsniveau.</p> <p>Beispiel: Falls der Behandlungsverlauf "Outpatient" -&gt; "Normal_ward" -&gt; "ICU" -&gt; "ICU_with_ventilation" -&gt; "ICU" -&gt; "Normal_ward" ist, dann zählt der Patient in "ICU_with_ventilation"</p> |
| cumulative.zipcode           | <p>Kollektiv: Alle SARS-CoV-2-Patient*Innen mit einem hausärztlichen, ambulanten, vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p><b>Postleitzahlen</b> für alle SARS-COV-2-<b>positive Patient*Innen</b>, an denen diese ansässig sind, als aufsteigend sortierte Liste. Postleitzahlen können demnach mehrfach auftreten.</p>  |

|                            |   |
|----------------------------|---|
|                            | <p>Hinweis: Postleitzahlen wegen einer ggf. führend enthaltenen "0" nicht als Zahlenwert sondern als String (in Anführungszeichen) geführt.</p> <p>Patient*Innen aus dem Ausland werden als Missing("null") geführt.</p>  |
| timeline.tests             | <p>Kollektiv: SARS-CoV-2-PCR-Tests aller Patient*Innen, für die ein mit dem Test zusammenhängender hausärztlicher, ambulanter, vor-, nach-, teil- oder vollstationärer Behandlungsfall existiert. (Keine Testergebnisse von externen Auftraggebern, wie z.B. Hausärzten, Gesundheitsämtern etc. für ambulant, vor-, nach-, teil oder vollstationären Behandlungsfall)</p> <p>Es werden die <b>Anzahlen</b> (Ganzzahlen <math>\geq 0</math>) <b>aller PCR-Test</b> gelistet, die jeweils <b>an</b> den in der Datums-Folge "date" gelisteten <b>Kalendertagen</b> zwischen 00:00 und 24:00 Uhr durchgeführt wurden.</p> <p>Die Datums-Folge "date" sollte möglichst alle Kalendertage seit Auswertungsbeginn bis Vortag der Lieferung (inkl.) umfassen.</p>          |
| timeline.test.positive     | <p>Kollektiv: SARS-CoV-2-PCR-Tests aller Patient*Innen, für die ein mit dem Test zusammenhängender hausärztlicher, ambulanter, vor-, nach-, teil- oder vollstationärer Behandlungsfall existiert. (Keine Testergebnisse von externen Auftraggebern, wie z.B. Hausärzten, Gesundheitsämtern etc. für ambulant, vor-, nach-, teil oder vollstationären Behandlungsfall)</p> <p>Es werden die <b>Anzahlen</b> (Ganzzahlen <math>\geq 0</math>) der <b>positiven PCR-Tests</b> gelistet, die jeweils <b>an</b> den in der Datums-Folge "date" gelisteten <b>Kalendertagen</b> zwischen 00:00 und 24:00 Uhr durchgeführt wurden.</p> <p>Die Datums-Folge "date" sollte möglichst alle Kalendertage seit Auswertungsbeginn bis Vortag der Lieferung (inkl.) umfassen.</p> |
| timeline.maxtreatmentlevel | <p>Kollektiv: Alle SARS-CoV-2-Patient*Innen mit einem ambulanten, vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall</p>   |



|  |  |
|--|--|
|  | <p>Für alle <b>Versorgungsniveaus</b> gemäß "treatmentlevels" werden jeweils <b>Anzahlen</b> (Ganzzahlen <math>\geq 0</math>) von SARS-COV-2-<b>Patient*Innen</b> angegeben, die jeweils an den in der Datums-Folge "date" gelisteten Kalendertagen zwischen 00:00 und 24:00 Uhr entsprechend versorgt wurden. Patient*innen werden in dem höchsten an dem jeweiligen Tag genutzten Versorgungsniveau gezählt.</p> <p>Die Datums-Folge "date" sollte möglichst alle Kalendertage seit Auswertungsbeginn bis zum Vortag der Lieferung (inkl.) umfassen.</p>   |
| <p>current.age.maxtreatmentlevel.normal_ward<br/>analog</p> <p>current.age.maxtreatmentlevel.icu_undifferentiated</p> <p>current.age.maxtreatmentlevel.icu</p> <p>current.age.maxtreatmentlevel.icu_with_ventilation</p> <p>current.age.maxtreatmentlevel.icu_with_ecmo</p>  | <p>Kollektiv: <b>Derzeit in Behandlung</b> befindliche SARS-CoV-2-Patient*Innen.</p> <p><b>Lebensalter derzeitiger SARS-CoV-2-Patient*Innen Normalstation als höchstes Versorgungsniveau</b> als aufsteigend sortierte Liste.</p> <p>Die Lebensalter in Altersgruppen wie folgt anzugeben: <b>0</b> falls <math>&lt;20</math>, <b>20</b> für 20-24, <b>25</b> für 25-29, <b>30</b> für 30-34,..., <b>85</b> für 85-89, <b>90</b> falls <math>\geq 90</math>, also jeweils das niedrigste Alter der Gruppe.<br/>Beispiel: [0, 20, 20, 35, 40, 40, 85, 90]</p>   |
| <p>cumulative.age.maxtreatmentlevel.outpatient<br/>analog:</p> <p>cumulative.age.maxtreatmentlevel.normal_ward</p> <p>cumulative.age.maxtreatmentlevel.icu_undifferentiated</p> <p>cumulative.age.maxtreatmentlevel.icu</p> <p>cumulative.age.maxtreatmentlevel.icu_with_ventilation</p> <p>cumulative.age.maxtreatmentlevel.icu_with_ecmo</p> | <p>Kollektiv: <b>Alle SARS-CoV-2-Patient*Innen mit einem <u>abgeschlossenen ambulanten, vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall</u></b>. Referenzzeitpunkt ist das Alter zum Aufnahmezeitpunkt des ersten SARS-CoV-2 Falles eines Patient*Innen.</p> <p><b>Lebensalter aller SARS-COV-2- Patient*Innen mit Ambulant als höchstes Versorgungsniveau</b> als aufsteigend sortierte Liste.</p> <p>Die Lebensalter in Altersgruppen wie folgt anzugeben: <b>0</b> falls <math>&lt;20</math>, <b>20</b> für 20-24, <b>25</b> für 25-29, <b>30</b> für 30-34,..., <b>85</b> für 85-89, <b>90</b> falls <math>\geq 90</math>, also jeweils das niedrigste Alter der Gruppe.<br/>Beispiel: [0, 20, 20, 35, 40, 40, 85, 90]</p> |
| cumulative.inpatient.gender  | <p>Kollektiv: Alle SARS-CoV-2-Patient*Innen mit mind. einem nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p>   |

|   |  |
|---|--|
|   | <p><b>Anzahl stationärer SARS-COV-2-Patient*Innen</b> nach <b>Geschlecht</b>. Geliefert wird also pro Datenlieferung eine Anzahl (Ganzzahl <math>\geq 0</math>) pro Geschlecht.</p>  |
| <p>cumulative.outpatient.age<br/>analog:<br/>cumulative.outpatientgp.age</p>  | <p>Kollektiv cumulative.outpatient: Alle SARS-CoV-2-Patient*Innen mit mind. einem, ambulanten oder vorstationären Behandlungsfall. Referenzzeitpunkt ist das Alter zum Aufnahmezeitpunkt des ersten SARS-CoV2-Falles eines Patient*In.</p> <p>Kollektiv cumulative.outpatientgp: Alle SARS-CoV-2-Patient*Innen mit mind. einem hausärztlichen Behandlungsfall. Analog: Behandlungsfall</p> <p><b>Lebensalter</b> aller <b>ambulant versorgter SARS-COV-2-positiver Patient*Innen</b> bis zum Exportzeitpunkt als aufsteigend sortierte Liste. Die Lebensalter in Altersgruppen wie folgt:<br/>0 falls <math>&lt;20</math>, 20 für 20-24, 25 für 25-29, 30 für 30-34,..., 85 für 85-89 , 90 falls <math>\geq 90</math>, also jeweils das niedrigste Alter der Gruppe.<br/>Beispiel: [0, 20, 20, 35, 40, 40, 85, 90]</p> |
| <p>cumulative.outpatient.gender<br/>analog:<br/>cumulative.outpatientgp.gender *</p> <p>*Lieferung nur Hausarztpraxen</p> | <p>Kollektiv: Alle SARS-CoV-2-Patient*Innen mit mind. einem ambulanten oder vorstationären Behandlungsfall.</p> <p>Kollektiv Hausarztpraxen: Alle SARS-CoV-2-Patient*Innen mit mind. einem hausärztlichen Behandlungsfall.</p> <p><b>Anzahl</b> für alle <b>ambulant versorgten SARS-COV-2-Patient*Innen</b> nach <b>Geschlecht</b>. Geliefert wird also pro Datenlieferung eine Anzahl (Ganzzahl <math>\geq 0</math>) pro Geschlecht.</p>   |
| <p>cumulative.inpatient.age</p>   | <p>Kollektiv: Alle SARS-CoV-2-Patient*Innen mit mind. einem nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall. Referenzzeitpunkt ist das Alter zum Aufnahmezeitpunkt des ersten SARS-CoV2-Falles eines Patient*In.</p> <p><b>Lebensalter stationärer versorgter SARS-COV-2-positiver Patient*Innen</b> bis zum Exportzeitpunkt als aufsteigend sortierte Liste. Die Lebensalter in Altersgruppen wie folgt:<br/>0 falls <math>&lt;20</math>, 20 für 20-24, 25 für 25-29, 30 für 30-34,..., 85 für 85-89 , 90 falls <math>\geq 90</math>, also jeweils das</p>  |

|  |   |
|--|---|
|  | niedrigste Alter der Gruppe.<br>Beispiel: [0, 20, 20, 35, 40, 40, 85, 90]   |
| timeline.deaths                        | <p>Kollektiv: Alle SARS-CoV-2-Patient*Innen mit einem vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p>Es werden die <b>Anzahlen</b> (Ganzzahlen <math>\geq 0</math>) von <b>SARS-COV-2-Patient*Innen</b> angegeben, die <b>an</b> den in der Datums-Folge "date" gelisteten <b>Kalendertagen</b> zwischen 00:00 und 24:00 Uhr <b>in stationärer Behandlung verstorben</b> sind.</p> <p>Die Datums-Folge "date" sollte möglichst alle Kalendertage seit Auswertungsbeginn bis Vortag der Lieferung (inkl.) umfassen.</p> |
| cumulative.lengthofstay.hospital       | <p>Kollektiv: Alle SARS-CoV-2-Patient*Innen mit mind. einem <u>abgeschlossenen</u> vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p><b>Verweildauer in Tagen im Krankenhaus</b> für alle SARS-CoV-2-Patient*Innen. Sollte Patient*In mehrere SARS-CoV-2-Fälle haben, wird deren Verweildauer addiert.</p>  |
| cumulative.lengthofstay.hospital.alive | <p>Kollektiv: Alle SARS-CoV-2-Patient*Innen mit einem vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p><b>Verweildauer im Krankenhaus in Tagen</b> für alle SARS-CoV-2-Patient*Innen <b>mit einer anderen Entlassart als "Tod"</b>. Sollte Patient*In mehrere SARS-CoV-2-Fälle haben, wird deren Verweildauer addiert.</p>   |
| cumulative.lengthofstay.hospital.dead  | <p>Kollektiv: Alle SARS-CoV-2-Patient*Innen mit einem vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall, die im Krankenhaus verstorben sind.</p> <p><b>Verweildauer im Krankenhaus in Tagen</b> für alle SARS-CoV-2-Patient*Innen <b>mit der Entlassart "Tod"</b>. Sollte Patient*In mehrere SARS-CoV-2-Fälle haben, wird deren Verweildauer addiert.</p>   |
| cumulative.lengthofstay.icu            | <p>Kollektiv: Alle SARS-CoV-2-Patient*Innen mit einem <u>abgeschlossenen</u> vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p>   |

|  |   |
|--|---|
|  | <p><b>Verweildauer auf ICU in Stunden</b> für alle SARS-CoV-2-Patient*Innen (ggf. als Summe aller ICU-Aufenthalte innerhalb des Falls). Sollte Patient*In mehrere SARS-CoV-2-Fälle haben, wird deren Verweildauer addiert.</p>  |
| cumulative.lengthofstay.icu.alive  | <p>Kollektiv: Alle SARS-CoV-2-Patient*Innen mit einem vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p><b>Verweildauer auf ICU in Stunden</b> für alle SARS-CoV-2-Patient*Innen <b>mit einer anderen Entlassart als "Tod"</b> haben (ggf. als Summe aller ICU-Aufenthalte innerhalb des Falls). Sollte Patient*In mehrere SARS-CoV-2-Fälle haben, wird deren Verweildauer addiert.</p>   |
| cumulative.lengthofstay.icu.dead   | <p>Kollektiv: Alle SARS-CoV-2-Patient*Innen mit einem vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall, die im Krankenhaus verstorben sind.</p> <p><b>Verweildauer auf ICU in Stunden</b> für alle SARS-CoV-2-Patient*Innen <b>mit der Entlassart "Tod"</b> (ggf. als Summe aller ICU-Aufenthalte innerhalb des Falls). Sollte Patient*In mehrere SARS-CoV-2-Fälle haben, wird deren Verweildauer addiert.</p>   |
| <p>cumulative.immunestatus.outpatient<br/>analog:<br/>cumulative.immunestatus.outpatientgp *<br/>cumulative.immunestatus.normal_ward<br/>cumulative.immunestatus.icu_undifferentiated<br/>cumulative.immunestatus.icu<br/>cumulative.immunestatus.icu_with_ventilation<br/>cumulative.immunestatus.icu_with_ecmo</p> <p>* Lieferung nur Hausarztpraxen</p> | <p>Kollektiv: alle Patient*Innen mit einem ambulanten, vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p>Kollektiv Hausarztpraxen: alle Patient*Innen mit mind. einem hausärztlichen Behandlungsfall.</p> <p>Für alle Kategorien gemäß "immunestatus" (Immunisierungsstatus) wird jeweils die <b>Anzahl</b> (Ganzzahl <math>\geq 0</math>) der <b>SARS-COV-2-Patient*Innen</b> angegeben, die <b>insgesamt ambulant versorgt</b> wurden, seit Aufzeichnungsbeginn bis inklusive zum Vortag der Datenlieferung.</p> <p>Analoge Dataitems für auf Normalstation, auf ICU etc. versorgte Patient*innen, siehe "treatmentlevels".</p> |
| <p>timeline.immunestatus.outpatient<br/>analog:<br/>timeline.immunestatus.outpatientgp *</p>   | <p>Kollektiv: alle Patient*Innen mit einem ambulanten, vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p>   |

|  |  |
|--|--|
| <p>             timeline.immunestatus.normal_ward<br/>             timeline.immunestatus.icu_undifferentiated<br/>             timeline.immunestatus.icu<br/>             timeline.immunestatus.icu_with_ventilation<br/>             timeline.immunestatus.icu_with_ecmo           </p> <p>* Lieferung nur Hausarztpraxen</p> | <p>Kollektiv Hausarztpraxen: alle Patient*Innen mit mind. einem hausärztlichen Behandlungsfall.</p> <p>Für alle Kategorien gemäß "immunestatus" (Immunisierungsstatus) wird jeweils die Anzahl (Ganzzahlen <math>\geq 0</math>) von <b>SARS-COV-2-Patient*Innen</b> angegeben, die <b>an</b> den in der Datums-Folge "date" gelisteten <b>Kalendertagen</b> zwischen 00:00 und 24:00 Uhr <b>insgesamt ambulant versorgt</b> wurden.</p> <p>Die Datums-Folge "date" sollte möglichst alle Kalendertage seit Auswertungsbeginn bis Vortag der Lieferung (inkl.) umfassen.</p> <p>Analoge Dataitems für auf Normalstation, auf ICU etc. versorgte Patient*innen, siehe "treatmentlevels".</p> |
| <p>cumulative.varianttestresults</p>   | <p>Kollektiv: alle Patient*Innen mit einem ambulanten, vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p>Für alle Kategorien gemäß "varianttestresults" (Varianten) wird die <b>Anzahl der Testergebnisse</b> angegeben, so wie insgesamt seit Aufzeichnungsbeginn bis zum Vortag der Datenlieferung (inklusive) dokumentiert.</p>   |
| <p>timeline.varianttestresults</p>   | <p>Kollektiv: alle Patient*Innen mit einem ambulanten, vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p>Für alle Kategorien gemäß "varianttestresults" werden jeweils <b>Anzahlen</b> (Ganzzahlen <math>\geq 0</math>) von <b>Testergebnissen</b> angegeben, die jeweils <b>an</b> den in der Datums-Folge "date" gelisteten <b>Kalendertagen</b> zwischen 00:00 und 24:00 Uhr erhoben wurden.</p> <p>Die Datums-Folge "date" sollte möglichst alle Kalendertage seit Auswertungsbeginn bis Vortag der Lieferung (inkl.) umfassen.</p>  |
| <p>current.wardsvisited</p>  | <p>Kollektiv: Derzeit in stationärer Behandlung befindliche SARS-CoV-2 Patient*innen</p> <p><b>Anzahl der Stationen, auf denen ein/e Patient*in</b> während des aktuellen stationären Aufenthaltes gelegen hat.</p> <p>Berücksichtigt wird der Zeitraum des Aufenthaltes, in dem der/die Patient*in positiv getestet wird. Sobald</p>  |

|   |   |
|---|---|
|   | <p>der Patient 2 aufeinanderfolgende negative Nachweise hat, endet der berechnete Zeitraum. Falls der/die Patient*in während seines/ihrer Aufenthaltes <math>\geq 2</math> Zeiträume positiv wird, so gelten diese als <math>\geq 2</math> verschiedene Berechnungen.</p> <p>Beispiel 1: Patient*in wechselt während des Aufenthaltes von der Normalstation auf die Intensivstation und zurück (3 Stationen). (Mehrfachzählung bei Wiederverlegung)</p> <p>Kurzaufenthalte z.B. in der Radiologie zur Diagnostik werden mitgezählt (Wechsel innerhalb eines Tages zählt)</p> <p>Geliefert werden</p> <p>"Mean": <b>Mittelwert</b> (Rationale Zahl in Punktnotation)</p> <p>"Standard_dev": <b>Standardabweichung</b> (Rationale Zahl in Punktnotation)</p> <p>"Sample_size": <b>Stichprobengröße</b> (Ganzzahl)</p> <p><u>Aggregierte Darstellung:</u><br/>In der öffentlichen Ansicht wird der <b>Mittelwert</b> der Anzahl der besuchten Stationen aller Standorte (inkl. Standardabweichung) berechnet und angezeigt.</p> <p>Im Drilldown werden die Daten der einzelnen Standorte</p> |
| <p>current.nosocomialcases.possible<br/>analog<br/>current.nosocomialcases.probable</p> | <p>Kollektiv: alle SARS-CoV-2-Patient*innen mit einem vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall</p> <p>Zur Gruppe "nosocomialcases.possible"<br/>Patient*innen, zählen solche Personen, die nach Aufnahme negativ und frühestens am 4. Tag positiv getestet wurden, sowie gängige Symptome (z.B. Fieber, Husten) aufweisen, und nicht in Kontakt zu einer positivem Patient*in standen.</p> <p>Zur Gruppe "nosocomialcases.probable" zählen solche Patient*Innen, die die Kriterien für "nosocomialcases.possible" erfüllen und vor dem ersten positiven Test in Kontakt zu einer positivem Patient*in standen</p> <p><b>Anzahl der Patient*innen</b> mit einer im Krankenhaus erworbenen SARS-CoV2-Infektion,</p> <p>"Mean": <b>Mittelwert</b> Anzahl Fälle nosocomiale Infektion <b>möglich (positiv ab Tag 4 + Symptome)</b></p>   |

|                             |   |
|-----------------------------|---|
|                             | <p>"Standard_dev": Standardabweichung (Rationale Zahl in Punktnotation)</p> <p>"Sample_size": Stichprobengröße (Ganzzahl)</p> <p><b>analog:</b></p> <p>"Mean": Mittelwert Anzahl Fälle nosocomiale Infektion <b>wahrscheinlich (positiv ab Tag 4/Symptome + Kontakt mit positivem Patient*in)</b></p> <p>"Standard_dev": Standardabweichung (Rationale Zahl in Punktnotation)</p> <p>"Sample_size": Stichprobengröße (Ganzzahl)</p> <p>Berücksichtigt wird der Zeitraum des Aufenthaltes, in dem der/die Patient*in positiv getestet wird. Falls der/ die Patient*in während seines/ihres Aufenthaltes in mehr als einem Zeitraum positiv wird, so wird er/sie auch mehrfach gezählt.</p> <p><u>Aggregierte Darstellung:</u><br/>In der öffentlichen Ansicht wird der Mittelwert der Anzahl der besuchten Stationen aller Standorte (inkl. Standardabweichung) berechnet und angezeigt.</p> <p>Im Drilldown werden die Daten der einzelnen Standorte.</p> |
| current.predictivediseases  | <p>Kollektiv: Aktuelle Patient*innen (stationär, ICU).</p> <p><b>Anzahl der Patient*innen</b> mit positiven SARS-CoV2 Test differenziert nach Anzahl der Befunde für Erkrankungen gemäß A08, B34, B99, I26, J06, J12, J18, J80, J96, J98, R05, R06, R50, R53, R56, Z22</p> <p>Kategorie 1: "No_finding" (<b>kein Befund</b>)</p> <p>Kategorie 2: "Single_finding" (<b>ein Befund</b>)</p> <p>Kategorie 3: "Multiple_findings" (<b>&gt;= 2 Befunde</b>)</p> <p><b>zum Zeitpunkt des Datenexports.</b></p> <p>In Aufnahmediagnose</p> <p><b>Geliefert wird pro Datenlieferung eine Anzahl (Ganzzahl&gt;=0) pro Kategorie</b></p>  |
| timeline.predictivediseases | <p>Kollektiv: Alle Patient*innen (ambulant, stationär, ICU).</p>  |



|                               |  |
|-------------------------------|--|
|                               | <p><b>Anzahl der Patient*innen</b> mit positiven SARS-CoV2 Test und einer der folgenden Erkrankungen nach A08, B34, B99, I26, J06, J12, J18, J80, J96, J98, R05, R06, R50, R53, R56, Z22 differenziert nach</p> <p>Kategorie 1: "No_finding" (<b>kein Befund</b>)</p> <p>Kategorie 2: "Single_finding" (<b>ein Befund</b>)</p> <p>Kategorie 3: "Multiple_findings" (<b>&gt;= 2 Befunde</b>)</p> <p>Für alle Kategorien werden jeweils <b>Anzahlen von Patient*innen</b> (Ganzzahlen &gt;= 0) angegeben, die jeweils an den in der Datums-Folge "date" gelisteten <b>Kalendertagen</b> zwischen 00:00 und 24:00 Uhr erhoben wurden.</p> <p>Die Datums-Folge "date" sollte möglichst alle Kalendertage seit Auswertungsbeginn bis Vortag der Lieferung (inkl.) umfassen.</p> |
| current.causehospitalization  | <p>Kollektiv: Aktuelle Patient*innen (stationär, ICU).</p> <p><b>Anzahl der Patient*innen deren SARS-CoV2 Erkrankung bzgl. der Einweisung ins Krankenhaus eingestuft wurde als:</b></p> <p>Kategorie 1: "Comorbidity" (<b>Begleitend</b>)</p> <p>Kategorie 2: "Unclear" (<b>Unklarer Bezug</b>)</p> <p>Kategorie 3: "Causative" (<b>Ursächlich</b>)</p> <p><b>zum Zeitpunkt des Datenexports</b></p> <p>Geliefert wird pro Datenlieferung eine Anzahl (Ganzzahl&gt;=0) pro Kategorie</p>   |
| timeline.causehospitalization | <p>Kollektiv: Alle Patient*innen (stationär, ICU).</p> <p><b>Anzahl der Patient*innen deren SARS-CoV2 Erkrankung bzgl. der Einweisung ins Krankenhaus eingestuft wurde als:</b></p> <p>Kategorie 1: "Comorbidity" (<b>Begleitend</b>)</p> <p>Kategorie 2: "Unclear" (<b>Unklarer Bezug</b>)</p> <p>Kategorie 3: "Causative" (<b>Ursächlich</b>)</p> <p>Für alle Kategorien gemäß "current.causehospitalization" werden jeweils <b>Anzahlen</b> (Ganzzahlen &gt;= 0) von <b>Patient*innen</b> angegeben, die jeweils <b>an</b> den in der Datums-Folge "date" gelisteten <b>Kalendertagen</b> zwischen 00:00 und 24:00 Uhr erhoben wurden.</p>  |

|                          |   |
|--------------------------|---|
|                          | <p>Die Datums-Folge "date" sollte möglichst alle Kalendertage seit Auswertungsbeginn bis Vortag der Lieferung (inkl.) umfassen.</p>   |
| current.rbmortalityrisk  | <p>Kollektiv: Alle aktuell auf der Intensivstation betreuten Patient*innen mit einer <b>Mindestaufenthaltsdauer von 24h auf der Intensivstation</b> zum Zeitpunkt der Datenübergabe.</p> <p>Geliefert werden für die Patient*innen des Kollektivs:</p> <p>"Mortality_risk": die auf Basis des Regensburger-Modells (s. Berechnungsmodelle oben) berechneten und in aufsteigender Reihenfolge sortierte <b>Mortalitätsrisiko-Scores</b> der Patient*innen.</p> <p><u>Aggregierte Darstellung:</u><br/>Die Ergebnisse werden in als <b>Histogramm</b> dargestellt.</p>  |
| timeline.rbmortalityrisk | <p>Kollektiv: Alle Patient*innen mit einer <b>Mindestaufenthaltsdauer von 24h auf der Intensivstation</b>, die sich jeweils an den in der Datums-Folge "date" gelisteten <b>Kalendertagen</b> zwischen 00:00 und 24:00 Uhr auf der <b>Intensivstation</b> befunden haben.</p> <p>Geliefert werden für die Patient*innen des Kollektivs für alle in der Datums-Folge "date" gelisteten Kalendertage ein Tupel bestehend aus:</p> <p>"Mortality_risk": der auf Basis des Regensburger-Modells (s. Berechnungsmodelle oben) berechnete und in aufsteigender Reihenfolge sortierte <b>Mortalitätsrisiko-Scores</b> der Patient*innen,</p> <p>"Patient_deceased": Anzahl der am jeweiligen Kalendertag verstorbenen Patient*innen.</p> <p><u>Aggregierte Darstellung:</u><br/>Auf Basis der gelieferten Daten aller Standorte werden <b>für alle</b> in den zusammengefassten Datums-Folgen "date" enthaltenen <b>Kalendertagen</b> und jeweilige Patient*innen die <b>Mediane für die Mortalitätsrisiko-Scores</b> und <b>Interquartilabstände</b> über das gesamte Mortalitätsrisiko-Intervall berechnet und <b>im</b></p> |

|                                |  |
|--------------------------------|--|
|                                | <p><b>Zeitverlauf</b> gemäß der Datums-Folge "date" aufgetragen.</p> <p>Im Drilldown werden die Verläufe einzelner Standorte angezeigt.</p>  |
| cumulative.rbmortalityrisk.roc | <p>Kollektiv: Alle seit dem Referenzdatum/ Anfangsdatum entlassenen ICU-Patient*innen</p> <p>Geliefert werden die Daten für eine ROC-Kurve für die Intrahospital-Mortalität.</p> <p>Geliefert werden für jeden Patient*innen des Gesamtkollektivs "Rbmortalityrisk_roc": ein <b>Tupel</b> bestehend aus einem <b>Risikoscore</b> und einem Boolwert, der anzeigt, ob der/die Patient*in im Verlauf des aktuellen Krankenhausaufenthalts verstorben ist.</p> <p><u>Aggregierte Darstellung:</u><br/>Öffentlich wird eine gemeinsame ROC-Kurve für alle Standorte und im Drill-Down eine ROC-Kurve pro Standort angezeigt.</p>                           |
| current.renalreplacementrisk   | <p>Kollektiv: Alle aktuell auf der <b>Intensivstation</b> betreuten Patient*innen mit einer <b>Mindestaufenthaltsdauer von 24h</b> auf der Intensivstation zum Zeitpunkt der Datenübergabe, die während des aktuellen Intensivaufenthalts kein Nierenersatzverfahren erhalten haben oder erhalten.</p> <p>Geliefert werden für die Patient*innen des Kollektivs: "Renalreplacement_risk": die auf Basis des Bonner-Modells (s. Berechnungsmodelle oben) berechneten <b>Nierenersatzrisiko-Scores</b> in aufsteigender Reihenfolge sortiert.</p> <p><u>Aggregierte Darstellung:</u><br/>Die Ergebnisse werden in als <b>Histogramm</b> dargestellt.</p> |
| timeline.renalreplacementrisk  | <p>Kollektiv: Alle während des relevanten Zeitintervalls auf der Intensivstation befindlichen Patient*innen, die während des aktuellen Intensivaufenthalts kein Nierenersatzverfahren erhalten haben oder erhalten.</p> <p>Geliefert werden für die Patient*innen des Kollektivs, die sich jeweils an den in der Datums-Folge "date"</p>   |

|                                     |   |
|-------------------------------------|---|
|                                     | <p>gelisteten <b>Kalendertagen</b> zwischen 00:00 und 24:00 Uhr auf der <b>Intensivstation</b> befunden haben.:</p> <p>"Renalreplacement_risk": <b>Nierenersatzrisiko-Scores</b> berechnet auf Basis des <b>Bonner-Modells</b> (s. Berechnungsmodelle oben)</p> <p>"Renalreplacement_therapy": <b>Anzahl Pat*innen, die in diesem Zeitintervall ein extrakorporales Nierenersatzverfahren erhalten haben</b></p> <p>Die Datums-Folge "date" sollte möglichst alle Kalendertage seit Auswertungsbeginn bis Vortag der Lieferung (inkl.) umfassen.</p> <p><u>Aggregierte Darstellung:</u><br/>Auf Basis der gelieferten Daten aller Standorte werden <b>für alle</b> in den zusammengefassten Datums-Folgen "date" enthaltenen <b>Kalendertagen</b> und jeweilige Patient*innen die <b>Mediane für die Renalreplacement-Scores</b> inkl. <b>Interquartilabstände</b> berechnet und im <b>Zeitverlauf</b> gemäß der Datums-Folge "date" aufgetragen.</p> |
| cumulative.renalreplacementrisk.roc | <p>Kollektiv: Alle seit dem Referenzdatum/ Anfangsdatum entlassenen <b>ICU-Patient*innen</b></p> <p>Geliefert werden die Daten für die <b>ROC-Kurve</b> für ein 72h Prädiktionsintervall</p> <p>Geliefert werden für jeden Behandlungstag auf der Intensivstation für alle Patient*innen des Gesamtkollektivs ein <b>Tupel</b> bestehend aus einem <b>Risikoscore</b> und einem Boolwert,</p> <p>Nach dem Nierenersatzrisiko-Scores sortierte Tupel bestehend aus:</p> <p>"Renalreplacement_risk": <b>Nierenersatzrisiko-Scores</b> berechnet auf Basis des <b>Bonner-Modells</b> (s. Berechnungsmodelle oben) und in aufsteigender Reihenfolge sortiert.</p> <p>"Renalreplacement_performed": Boolwert der anzeigt, <b>ob</b> im Prädiktionsintervall von 72h <b>ein</b></p>   |

|                          |   |
|--------------------------|---|
|                          | <p><b>Nierenersatzverfahren zur Anwendung</b> kam (Details s. Erdfelder et al. 2017).</p> <p><u>Aggregierte Darstellung:</u><br/>Öffentlich wird eine gemeinsame ROC-Kurve für alle Standorte und im Drill-Down eine ROC-Kurve pro Standort angezeigt.</p>  |
| timeline.icubedoccupancy | <p>Kollektiv: Alle SARS-COV-2-<b>positive</b> Personen in Berlin, bei denen eine labordiagnostische Bestätigung unabhängig vom klinischen Bild vorliegt. Datenquelle: Robert-Koch-Institut</p> <p>Geliefert werden die <b>Anzahlen</b> (Ganzzahlen <math>\geq 0</math>) von <b>SARS-COV-2-Patient*Innen (Erwachsene + Kinder)</b>, die <b>auf einer Berliner Intensivstation (ICU) ein Intensivbett belegen</b>. Dabei wird für die <b>Vergangenheit</b> das real an das DIVI Intensivregister gemeldete Ergebnis gezeigt, d.h. die Anzahlen, die an den in der Datums-Folge "date" gelisteten <b>Kalendertagen</b> zwischen 00:00 und 24:00 Uhr ein <b>Intensivbett belegt</b> haben. Die <b>Anzahlen für den aktuellen Tag (heute)</b> und die <b>nächsten 6 Tage</b> entstammen einer <b>Modellvorhersage</b> (s. Berliner-Modell in Berechnungsmodelle oben).</p> <p>Die Vorhersage mit Ober- und Untergrenzen wird für den aktuellen Tag und die folgenden 6 Tage mitgeliefert.</p> <p>Die Datums-Folge "date" sollte möglichst alle <b>Kalendertage</b> seit Auswertungsbeginn bis Vortag der Lieferung (inkl.) umfassen.</p> |

## JSON-Beispiele öffentliche Datenitems "Covid-19"

(Werte willkürlich)

```
{
  "provider": "UKB",
  "dashboard_dataset_version": "0.5.4",
  "exporttimestamp": 1588929963,
  "author": "Universitätsklinikum Bonn",
  "dataitems": [
    {
      "itemname": "current.treatmentlevel",
      "itemtype": "aggregated",
      "data": {"Outpatient": 275,
```

```

        "Normal_ward": 75,
        "ICU": 24,
        "ICU_with_ventilation": 13,
        "ICU_with_ecmo": 2,
        "ICU_undifferentiated": 5}
    },
    {
        "itemname": "current.maxtreatmentlevel",
        "itemtype": "aggregated",
        "data": {"Outpatient": 256,
            "Normal_ward": 145,
            "ICU": 103,
            "ICU_with_ventilation": 25,
            "ICU_with_ecmo": 8,
            "ICU_undifferentiated": 0}
    },
    {
        "itemname": "cumulative.results",
        "itemtype": "aggregated",
        "data": {"Positive": 765,
            "Borderline_suspected": 34,
            "Negative": 567}
    },
    {
        "itemname": "cumulative.gender",
        "itemtype": "aggregated",
        "data": {"Male": 1234,
            "Female": 1243,
            "Diverse": 2}
    },
    {
        "itemname": "cumulative.age",
        "itemtype": "list",
        "data": [0,0,0,20,20,25,25,30,35,40,50,55,60,60,65,70,80,85,90,90]
    },
    {
        "itemname": "cumulative.maxtreatmentlevel",
        "itemtype": "aggregated",
        "data": {"Outpatient": 1234,
            "Normal_ward": 245,
            "ICU": 365,
            "ICU_with_ventilation": 254,
            "ICU_with_ecmo": 23,
            "ICU_undifferentiated": 0}
    },
    },
    {

```

```
{
  "itemname": "cumulative.zipcode",
  "itemtype": "list",
  "data": ["53111", "53113", "53113", "53115", "53117", "53121", "53125",
    "53127", "53177", "53177", "53177"]
},
{
  "itemname": "timeline.tests",
  "itemtype": "list",
  "data": {"date": [1588291200, 1588377600, 1588464000, 1588567000],
    "value": [158, 161, 120, 115]}
},
{
  "itemname": "timeline.test.positive",
  "itemtype": "list",
  "data": {"date": [1588291200, 1588377600, 1588464000, 1588567000],
    "value": [15, 12, 18, 15]}
},
{
  "itemname": "timeline.maxtreatmentlevel",
  "itemtype": "list",
  "data": {"Outpatient": [12, 23, 34, 45],
    "Normal_ward": [1, 2, 3, 4],
    "ICU": [5, 4, 3, 2],
    "ICU_with_ventilation": [9, 8, 7, 6],
    "ICU_with_ecmo": [5, 6, 7, 8],
    "ICU_undifferentiated ": [1, 2, 3, 4],
    "date": [1588291200, 1588377600, 1588464000, 1588567000]}
},
{ "comment": "Die Templates zur Erfassung der Lebensalter current und cumulative
von Patient*innen mit maximalem Versorgungsniveau outpatient, normal_ward,
icu_undifferentiated, icu, icu_with_ventilation, icu_with_ecmo sind alle analog wie
folgt aufgebaut:" },
{
  "itemname": "cumulative.age.maxtreatmentlevel.outpatient",
  "itemtype": "list",
  "data": [0, 0, 0, 20, 25, 25, 30, 40, 50, 55, 60, 65, 70, 85, 90, 90]
},
{
  "itemname": "cumulative.inpatient.gender",
  "itemtype": "aggregated",
  "data": {"Male": 1,
    "Female": 2,
```



```

        "Diverse": 3}
    },
    {
        "itemname": "cumulative.outpatient.age",
        "itemtype": "list",
        "data": [0,0,0,20,25,25,30,40,50,55,60,65,70,85,90,90]
    },
    {
        "itemname": "cumulative.outpatientgp.age",
        "itemtype": "list",
        "data": [0,0,0,20,25,25,30,40,50,55,60,65,70,85,90,90]
    },
    {
        "itemname": "cumulative.outpatient.gender",
        "itemtype": "aggregated",
        "data": {"Male": 123,
                "Female": 135,
                "Diverse": 2}
    },
    {
        "itemname": "cumulative.outpatientgp.gender",
        "itemtype": "aggregated",
        "data": {"Male": 123,
                "Female": 135,
                "Diverse": 2}
    },
    {
        "itemname": "cumulative.inpatient.age",
        "itemtype": "list",
        "data": [0,0,20,25,25,35,50,55,60,70,80,85,90,90]
    },
    {
        "itemname": "timeline.deaths",
        "itemtype": "list",
        "data": {"date": [1588291200,1588377600,1588464000, 1588567000],
                "value": [0,1,0,1]}
    },
    {
        "itemname": "cumulative.lengthofstay.hospital",
        "itemtype": "list",
        "data": [2,4,15,17,20,22,25,25,30]
    },
    {
        "itemname": "cumulative.lengthofstay.hospital.alive",

```

```

    "itemtype": "list",
    "data": [2,15,17,20,25,30]
  },
  {
    "itemname": "cumulative.lengthofstay.hospital.dead",
    "itemtype": "list",
    "data": [4,22,25]
  },
  {
    "itemname": "cumulative.lengthofstay.icu",
    "itemtype": "list",
    "data": [14,22,28,48,72,96,98,105,110]
  },
  {
    "itemname": "cumulative.lengthofstay.icu.alive",
    "itemtype": "list",
    "data": [14,22,48,72,98,105]
  },
  {
    "itemname": "cumulative.lengthofstay.icu.dead",
    "itemtype": "list",
    "data": [28,96,110]
  },

```

{ "comment": "Die Templates zur Erfassung des Immunstatus **cumulative** und **timeline** von Patient\*innen mit maximalem Versorgungsniveau **outpatient**, **outpatientgp**, **normal\_ward**, **icu\_undifferentiated**, **icu**, **icu\_with\_ventilation**, **icu\_with\_ecmo** sind alle analog wie folgt aufgebaut:" },

```

{
  "itemname": "cumulative.immunestatus.outpatient",
  "itemtype": "aggregated",
  "data": {
    "Complete": 456,
    "Incomplete": 876,
    "None": 346,
    "Unknown": 2568
  },
}

{
  "itemname": "timeline.immunestatus.outpatient",
  "itemtype": "list",
  "data": {
    "Complete": [12,68,76],
    "Incomplete": [34,56,12,34],
    "None": [56,45,32,27],
  },
}

```

```

    "Unknown": [167, 245, 341, 156],
    "date": [1588291200, 1588377600, 1588464000, 1588567000]}
  },
  {
    "itemname": "cumulative.varianttestresults",
    "itemtype": "aggregated",
    "data": {
      "Alpha": 378,
      "Beta": 451,
      "Gamma": 239,
      "Delta": 345,
      "Omikron": 689,
      "OtherVOC": 0,
      "NonVOC": 12,
      "Unknown": 1,
      "Negative": 5679}
  },
  {
    "itemname": "timeline.varianttestresults",
    "itemtype": "list",
    "data": {
      "Alpha": [16, 8, 5, 0],
      "Beta": [0, 8, 15, 0],
      "Gamma": [0, 2, 6, 3],
      "Delta": [0, 0, 0, 12],
      "Omikron": [0, 0, 0, 3],
      "OtherVOC": [0, 0, 0, 0],
      "NonVOC": [12, 2, 5, 0],
      "Unknown": [10, 8, 5, 7],
      "Negative": [124, 203, 89, 136],
      "date": [1588291200, 1588377600, 1588464000, 1588567000]}
  },
  {
    "itemname": "current.wardsvisited",
    "itemtype": "statsmean",
    "data": {
      "Mean": 2.3,
      "Standard_dev": 1.1,
      "Sample_size": 45
    }
  },
  {
    "itemname": "current.nosocomialcases.possible",
    "itemtype": "statsmean",
    "data": {

```

```

        "Mean": 13,
        "Standard_dev": 1.1,
        "Sample_size": 45
    },
    {
        "itemname": "current.nosocomialcases.probable",
        "itemtype": "statsmean",
        "data": {
            "Mean": 7,
            "Standard_dev": 1.3,
            "Sample_size": 34
        }
    },
    {
        "itemname": "current.predictivediseases",
        "itemtype": "aggregated",
        "data": {
            "No_finding": 20,
            "Single_finding": 33,
            "Multiple_findings": 14
        }
    },
    {
        "itemname": "timeline.predictivediseases",
        "itemtype": "list",
        "data": {
            "No_finding": [16,8,5,0],
            "Single_finding": [0,8,15,0],
            "Multiple_findings": [0,2,6,3],
            "date": [1588291200,1588377600,1588464000,1588567000]}
    },
    {
        "itemname": "current.causehospitalization",
        "itemtype": "aggregated",
        "data": {
            "Comorbidity": 87,
            "Unclear": 50,
            "Causative": 205
        }
    },
    {
        "itemname": "timeline.causehospitalization",
        "itemtype": "list",
        "data": {

```

```

        "Comorbidity": [16,8,5,0],
        "Unclear": [0,8,15,0],
        "Causative": [0,2,6,3],
        "date": [1588291200,1588377600,1588464000,1588567000]}
    },
    {
        "itemname": "current.rbmortalityrisk",
        "itemtype": "list",
        "data": {
            "Mortality_risk": [0.12,0.51,0.87, "...", 0.92]
        }
    },
    {
        "itemname": "timeline.rbmortalityrisk",
        "itemtype": "listnestedarrays",
        "data": {"date": [1588291200, "...", 1588567000],
            "Mortality_risk": [[0.34, "...", 0.50], "...", [0.20, "...", 0.34]],
            "Patient_deceased": [[0, "...", 0], "...", [0, "...", 1]]
        }
    },
    {
        "itemname": "cumulative.rbmortalityrisk.roc",
        "itemtype": "listtupel",
        "data": {
            "Rbmortalityrisk_roc": [ [12,35], "...", [67,90] ]
        }
    },
    {
        "itemname": "current.renalreplacementrisk",
        "itemtype": "list",
        "data": {
            "Renalreplacement_risk": [0.12,0.50,0.87, "...", 0.92]
        }
    },
    {
        "itemname": "timeline.renalreplacementrisk",
        "itemtype": "listnestedarrays",
        "data": {"date": [1588291200, "...", 1588464000],
            "Renalreplacement_risk": [[0.34, "...", 0.50], "...", [0.20, "...", 0.34]],
            "Renalreplacement_therapy": [34, "...", 11]
        }
    },
    {
        "itemname": "cumulative.renalreplacementrisk.roc",
        "itemtype": "listtupel",

```

```

    "data": {
      "Renalreplacementrisk_roc": [ [12,35], "...", [67,90] ]
    }
  },
  {
    "itemname": "timeline.icubedoccupancy",
    "itemtype": "listprediction",
    "data": {
      "date": [1588291200, "...", 1588636800],
      "ICU_beds_occupancy": [16, "...", 20],
      "Last_lower": [15, "...", 21],
      "Last_upper": [25, "...", 31]
    }
  }
]
}

```

## Definition nicht-öffentlicher Datenitems "Covid-19"

Nachfolgend definierte Dataitems bilden die Datengrundlage für Darstellungen an der Benutzeroberfläche des Dashboards, die allein den anliefernden Standorten, s.o. "**provider**", nach Authentifizierung angezeigt werden.

Zusätzlich zu der Drilldown-Version der öffentlichen Datenitems werden folgende nicht-öffentliche Datenitems optional angeboten. Diese haben sich zur lokalen Bedienung von Reporting-Anforderungen z.B. der Kommune bewährt.

| Itemname                        | Beschreibung   |
|---------------------------------|--|
| current.treatmentlevel.crosstab | <p>Kollektiv: Derzeit in stationärer Behandlung befindliche SARS-CoV-2-Patient*Innen.</p> <p><u>Aktuelles</u> Versorgungsniveau SARS-COV-2-Patient*Innen: <b>Anzahl SARS-COV-2-positiver-Patient*Innen</b> auf den in "treatmentlevels" definierten <b>Versorgungsniveau</b> zum Zeitpunkt des Datenexports, mit zusätzlicher Separierung der aktuellen Versorgungsniveaus nach <b>Wohnort der Patient*Innen</b>. Grundlage für die Wohnortbestimmung ist der jeweilige Postleitzahlenbereich der Stadt, in welcher die datenliefernde Uniklinik ansässig ist.</p> |

Die Abbildung zeigt beispielhaft eine Kreuztabelle zum Datenitem "current.treatmentlevel.crosstab":

| Kreuztabelle |     |         |      |      |
|--------------|-----|---------|------|------|
| Bonn         | ICU | Beatmet | Ecmo | Wert |
|              |     |         |      | 46   |
|              | X   |         |      | 7    |
|              | X   | X       |      | 4    |
|              | X   | X       | X    | 1    |
| X            |     |         |      | 17   |
| X            | X   |         |      | 1    |
| X            | X   | X       |      | 2    |
| X            | X   | X       | X    | 0    |



## JSON-Beispiele nicht-öffentliche Datenitems "Covid-19"

Zur Verdeutlichung des Datenitems "current.treatmentlevel.crosstab":

Über die binäre Codierung in "state" wird festgelegt, welchen Kategorien gemäß "columnname" die in "value" angegebenen Werte zuzuordnen sind.

Soll z.B. angegeben werden, dass zwei innerorts wohnhafte Patient\*innen auf dem Versorgungsniveau "ICU\_with\_ventilation" behandelt werden, so entspricht dies der Codierung "1110", und die Zahl "2" ist an die siebte Stelle in das "value"-Array einzutragen (die "1110" ist in "state" an siebter Stelle angeführt). In der Codierung "1110" bedeutet die erste Eins, dass diese Patient\*innen in der in "columnname" angegebenen Stadt innerorts wohnhaft sind, wobei die zweite und dritte Eins besagen, dass die Patient\*innen auf Intensivstation liegen und beatmet werden, und die Null besagt, dass diese Patient\*innen nicht mit ECMO versorgt werden. Siehe bitte auch das nachfolgende Beispiel. Werte der Beispiele sind willkürlich.

```
{
  "provider": "UKB",
  "dashboard_dataset_version": "0.5.4",
  "exporttimestamp": 1588929963,
  "author": "Universitätsklinikum Bonn",
  "dataitems": [
    {
      "itemname": "current.treatmentlevel.crosstab",
      "itemtype": "aggregated",
      "data": {
        "state": [
          "0000",
          "0100",
          "0110",
          "0111",
          "1000",
          "1100",
          "1110",
          "1111"
        ],
        "columnname": [
          "Bonn",
          "ICU",
          "ICU_with_ventilation",
          "ICU_with_ECMO"
        ],
        "value": [
          46, 4, 7, 1, 17, 1, 2, 0
        ]
      }
    }
  ]
}
```

## Rubrik "Influenza"

### Besondere Festlegungen "Influenza"

- Die Auswertung beginnt ab dem Stichtag **01.09.2022**.

### Parameter und Wertebereiche für Datenitems "Influenza"

|                         |  |
|-------------------------|--|
| infl.infectionstatus    | <p>"Positive"</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Als <b>INFLUENZA-Patient*In</b> gilt, wer mindestens <ul style="list-style-type: none"> <li>eine dokumentierte Influenza-Diagnose ICD-10 J10.0, J10.1, J10.8, J09 oder</li> <li>einen positiven Labornachweis* von "Influenza-Viren" (RT-PCR) hat oder</li> <li>ein gesetztes lokales Dokumentationsmerkmal "Influenza positiv" (o.ä) hat oder hatte.</li> </ul> </li> </ul> <p>"Suspected"</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Als <b>Patient*In mit Verdacht auf INFLUENZA-Infektion</b> gilt, bei wem eine Influenza Diagnose ICD-10 J10.0, J10.1, J10.8, J09 V vorliegt oder eine der ICD-10 Diagnosen J11.0, J11.1, J11.8 codiert hat und/oder wer ein uneindeutiges/grenzwertiges Labortestergebnis* aufweist.</li> </ul> <p>"Negative"</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Als <b>INFLUENZA-negativ-Patient*Innen</b> gilt, wer ausschließlich negative Labornachweise aufweist.</li> </ul> <p>* s. <a href="https://loinc.org/LG32757-3">https://loinc.org/LG32757-3</a><br/>genutzte LOINC codes in observations: 34487-9, 60416-5, 49521-8, 49531-7, 61365-3, 48509-4, 29909-9, 40982-1</p> |
| infl.immunestatus       | <p>Der <b>Immunstatus</b> gemäß des zum Erhebungs-bzw. Dokumentationszeitpunktes bestehenden <b>Impfstatus</b> bezogen auf die aktuelle <b>Influenzasaison</b> zwischen der 40. Kalenderwoche (Anfang Oktober) und der 20. Kalenderwoche (Mitte Mai) .</p> <p>"Complete"</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Impfung</li> </ul> <p>"None"</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Keine Impfung</li> </ul> <p>"Unknown"</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>Information zur Impfung unbekannt, nicht vorliegend</li> </ul>  |
| infl.subtypetestresults | <p>Angaben zu Testergebnissen für die Influenza (Basis-) Subtypen und Sublinien laut WHO (<a href="https://www.who.int/tools/flunet/flunet-summary">https://www.who.int/tools/flunet/flunet-summary</a>); (siehe auch</p>  |

|  |   |
|--|---|
|  | <p><a href="https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/I/Influenza/IPV/IPV_Node.html">https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/I/Influenza/IPV/IPV_Node.html</a>)</p> <p>Anzahl der positiven Testergebnisse für die Influenza-Subtypen bzw. Linien*</p> <p>"A_H1N1",<br/> "A_H3",<br/> "A_H5",<br/> "A_nosub" (ohne Subgruppenbestimmung/not subtyped),<br/> "B_Victoria",<br/> "B_Yamagata",<br/> "B_nosub" (Linie nicht bestimmt/lineage not subtyped)<br/> "AB_nosub" (Linie nicht bestimmt/lineage not subtyped)</p> <p>* Hinweis für die datenschutzrechtliche Prüfung: Mit der Festlegung neuer bzw. weiter ausdifferenzierter Influenza Subtypen oder – Linien im Verlauf der jährlich wiederkehrenden saisonalen Influenza kann die Datensatzbeschreibung und Datenerfassung in Bezug auf dieses Datenitem ohne erneute datenschutzrechtliche Prüfung entsprechend erweitert werden.</p> |
|--|---|

### Definition öffentlicher Datenitems "Influenza"

| Itemname                       | Beschreibung   |
|--------------------------------|--|
| infl.current.treatmentlevel    | <p>Kollektiv: Derzeit in stationärer Behandlung befindliche INFLUENZA-Patient*Innen.</p> <p><u>Aktuelles</u> Versorgungsniveau INFLUENZA-Patient*Innen: Anzahl INFLUENZA-<b>positiver Patient*Innen</b> auf den in "treatmentlevels" definierten Versorgungsniveaus zum Zeitpunkt des Datenexports. Geliefert wird also pro Datenlieferung eine Anzahl (Ganzzahl &gt;= 0) pro Versorgungsniveau.</p> <p>Beispiel: Patient*In, dessen Beatmung beendet werden konnte, der aber noch auf der Intensivstation liegt, wird hier als "ICU" geführt.</p> |
| infl.current.maxtreatmentlevel | <p>Kollektiv: Derzeit in stationärer Behandlung befindliche INFLUENZA-Patient*Innen.</p> <p>Höchstes bisheriges Versorgungsniveau der <u>aktuell</u> stationären <b>INFLUENZA-Patient*Innen</b>: Anzahl der zum Exportzeitpunkt aktuell stationären Patient*Innen mit dem bislang am höchsten</p>  |

|                         |   |
|-------------------------|---|
|                         | <p>beanspruchten Versorgungsniveau wie in "treatmentlevels" definiert.</p> <p>Die Rangfolge der Versorgungsniveaus:<br/>         "Outpatient", "Normal_ward",<br/>         "ICU_undifferentiated", "ICU",<br/>         "ICU_with_ventilation", "ICU_with_ecmo"</p> <p>Geliefert wird also pro Datenlieferung eine Anzahl (Ganzzahl <math>\geq 0</math>) pro Versorgungsniveau.</p> <p>Beispiel: Ein Patient, der auf der Intensivstation beatmet wurde, nun aber auf Normalstation liegt, wird hier als "ICU_with_ventilation" geführt.</p> |
| infl.cumulative.results | <p>Kollektiv: INFLUENZA-Tests aller Patient*Innen, für die ein mit dem Test zusammenhängender ambulanter, vor-, nach-, teil- oder vollstationärer Behandlungsfall existiert (keine Testergebnisse von externen Auftraggebern, wie z.B. Hausärzten, Gesundheitsämtern etc.).</p> <p><b>Anzahl SARS-CoV-2-Tests</b> gemäß Einstufung der Testergebnisse in die Kategorien "Positive", "Suspected", "Negative" Geliefert wird also pro Datenlieferung eine Anzahl (Ganzzahl <math>\geq 0</math>)</p>   |
| infl.cumulative.gender  | <p>Kollektiv: Alle INFLUENZA-Patient*Innen mit einem ambulanten, vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p><b>Anzahlen der INFLUENZA-Patient*Innen nach Geschlecht</b></p> <p>Geliefert wird also pro Datenlieferung eine Anzahl (Ganzzahl <math>\geq 0</math>) pro Geschlecht.</p>   |
| infl.cumulative.age     | <p>Kollektiv: Alle INFLUENZA-Patient*Innen mit einem ambulanten, vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall. Beginn der Datenerfassung ist 01.10.2023.</p> <p><b>Lebensalter aller INFLUENZA-positiver Patient*Innen</b> als aufsteigend sortierte Liste. Die Lebensalter in Altersgruppen wie folgt:<br/>         0 falls <math>&lt;20</math>, 20 für 20-24, 25 für 25-29, 30 für 30-34,..., 85 für 85-89, 90 falls <math>\geq 90</math>, also jeweils das</p>  |

|                                   |   |
|-----------------------------------|---|
|                                   | <p>niedrigste Alter der Gruppe.<br/>Beispiel: [0, 20, 20, 35, 40, 40, 85, 90]</p>   |
| infl.cumulative.maxtreatmentlevel | <p>Kollektiv: Alle INFLUENZA-Patient*Innen mit einem <u>abgeschlossenen</u> ambulanten, vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p>Für alle Versorgungsniveaus gemäß "infl.treatmentlevels" werden die <b>Anzahlen aller INFLUENZA-Patient*Innen</b> angegeben, die <b>auf dem Versorgungsniveau</b> behandelt wurden. Patient*Innen zählen nur einmal in dem maximal genutztem Versorgungsniveau.</p> <p>Die Rangfolge der Versorgungsniveaus:<br/>"Outpatient", "Normal_ward",<br/>"ICU_undifferentiated", "ICU",<br/>"ICU_with_ventilation", "ICU_with_ecmo"</p> <p>Geliefert wird also eine Anzahl (Ganzzahl &gt;= 0) pro Versorgungsniveau.</p> <p>Beispiel: Falls der Behandlungsverlauf "Outpatient" -&gt; "Normal_ward" -&gt; "ICU" -&gt; "ICU_with_ventilation" -&gt; "ICU" -&gt; "Normal_ward" ist, dann zählt der Patient in "ICU_with_ventilation"</p> |
| infl.cumulative.zipcode           | <p>Kollektiv: Alle INFLUENZA-Patient*Innen mit einem hausärztlichen, ambulanten, vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p><b>Postleitzahlen</b> für alle INFLUENZA-<b>positive Patient*Innen</b>, an denen diese ansässig sind, als aufsteigend sortierte Liste. Postleitzahlen können demnach mehrfach auftreten.</p> <p>Hinweis: Postleitzahlen wegen einer ggf. führend enthaltenen "0" nicht als Zahlenwert sondern als String (in Anführungszeichen) geführt.<br/>Patient*Innen aus dem Ausland werden als Missing("null") geführt.</p>   |
| infl.timeline.tests               | <p>Kollektiv: INFLUENZA-PCR-Tests aller Patient*Innen, für die ein mit dem Test zusammenhängender hausärztlicher, ambulanter, vor-, nach-, teil- oder vollstationärer Behandlungsfall existiert. (Keine Testergebnisse von externen Auftraggebern, wie z.B. Hausärzten, Gesundheitsämtern etc. für ambulant, vor-, nach-, teil oder vollstationären Behandlungsfall)</p>  |

|   |  |
|---|--|
|   | <p>Es werden die <b>Anzahlen</b> (Ganzzahlen <math>\geq 0</math>) <b>aller PCR-Test</b> gelistet, die jeweils <b>an</b> den in der Datums-Folge "date" gelisteten <b>Kalendertagen</b> zwischen 00:00 und 24:00 Uhr durchgeführt wurden.</p> <p>Die Datums-Folge "date" sollte möglichst alle Kalendertage seit Auswertungsbeginn bis Vortag der Lieferung (inkl.) umfassen.</p>   |
| infl.timeline.test.positive                           | <p>Kollektiv: INFLUENZA-PCR-Tests aller Patient*Innen, für die ein mit dem Test zusammenhängender hausärztlicher, ambulanter, vor-, nach-, teil- oder vollstationärer Behandlungsfall existiert. (Keine Testergebnisse von externen Auftraggebern, wie z.B. Hausärzten, Gesundheitsämtern etc. für ambulant, vor-, nach-, teil oder vollstationären Behandlungsfall)</p> <p>Es werden die <b>Anzahlen</b> (Ganzzahlen <math>\geq 0</math>) der <b>positiven PCR-Tests</b> gelistet, die jeweils <b>an</b> den in der Datums-Folge "date" gelisteten <b>Kalendertagen</b> zwischen 00:00 und 24:00 Uhr durchgeführt wurden.</p> <p>Die Datums-Folge "date" sollte möglichst alle Kalendertage seit Auswertungsbeginn bis Vortag der Lieferung (inkl.) umfassen.</p> |
| infl.timeline.maxtreatmentlevel                       | <p>Kollektiv: Alle INFLUENZA-Patient*Innen mit einem ambulanten, vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall</p> <p>Für alle <b>Versorgungsniveaus</b> gemäß "treatmentlevels" werden jeweils <b>Anzahlen</b> (Ganzzahlen <math>\geq 0</math>) von INFLUENZA-<b>Patient*Innen</b> angegeben, die jeweils an den in der Datums-Folge "date" gelisteten Kalendertagen zwischen 00:00 und 24:00 Uhr entsprechend versorgt wurden. Patient*innen werden in dem höchsten an dem jeweiligen Tag genutzten Versorgungsniveau gezählt.</p> <p>Die Datums-Folge "date" sollte möglichst alle Kalendertage seit Auswertungsbeginn bis zum Vortag der Lieferung (inkl.) umfassen.</p>   |
| infl.current.age.maxtreatmentlevel.outpatient analog: | <p>Kollektiv: <b>Derzeit in Behandlung</b> befindliche INFLUENZA-Patient*Innen.</p>  |

|   |  |
|---|--|
| <p>infl.current.age.maxtreatmentlevel.normal_ward<br/>infl.current.age.maxtreatmentlevel.icu_undifferentiated<br/>infl.current.age.maxtreatmentlevel.icu<br/>infl.current.age.maxtreatmentlevel.icu_with_ventilation<br/>infl.current.age.maxtreatmentlevel.icu_with_ecmo</p>   | <p><b>Lebensalter derzeitiger INFLUENZA-Patient*Innen Ambulant als höchstes Versorgungsniveau</b><br/>als aufsteigend sortierte Liste.</p> <p>Die Lebensalter in Altersgruppen wie folgt anzugeben: <b>0</b> falls &lt;20, <b>20</b> für 20-24, <b>25</b> für 25-29, <b>30</b> für 30-34,..., <b>85</b> für 85-89 , <b>90</b> falls &gt;= 90, also jeweils das niedrigste Alter der Gruppe.<br/>Beispiel: [0, 20, 20, 35, 40, 40, 85, 90]</p>  |
| <p>infl.cumulative.age.maxtreatmentlevel.outpatient analog:<br/>infl.cumulative.age.maxtreatmentlevel.normal_ward<br/>infl.cumulative.age.maxtreatmentlevel.icu_undifferentiated<br/>infl.cumulative.age.maxtreatmentlevel.icu<br/>infl.cumulative.age.maxtreatmentlevel.icu_with_ventilation<br/>infl.cumulative.age.maxtreatmentlevel.icu_with_ecmo</p> | <p>Kollektiv: <b>Alle INFLUENZA-Patient*Innen mit einem <u>abgeschlossenen</u> ambulanten, vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</b> Beginn der Datenerfassung ist 01.10.2023.</p> <p><b>Lebensalter aller INFLUENZA- Patient*Innen mit Ambulant als höchstes Versorgungsniveau</b> als aufsteigend sortierte Liste.</p> <p>Die Lebensalter in Altersgruppen wie folgt anzugeben: <b>0</b> falls &lt;20, <b>20</b> für 20-24, <b>25</b> für 25-29, <b>30</b> für 30-34,..., <b>85</b> für 85-89 , <b>90</b> falls &gt;= 90, also jeweils das niedrigste Alter der Gruppe.<br/>Beispiel: [0, 20, 20, 35, 40, 40, 85, 90]</p> |
| <p>infl.cumulative.inpatient.gender</p>   | <p>Kollektiv: Alle INFLUENZA-Patient*Innen mit mind. einem nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p><b>Anzahl stationärer INFLUENZA-Patient*Innen nach Geschlecht.</b> Geliefert wird also pro Datenlieferung eine Anzahl (Ganzzahl &gt;= 0) pro Geschlecht.</p>  |
| <p>infl.cumulative.outpatient.age analog:<br/>infl.cumulative.outpatientgp.age *</p> <p>* nur Hausarztpraxen</p>  | <p>Kollektiv: Alle INFLUENZA-Patient*Innen mit mind. einem, ambulanten oder vorstationären Behandlungsfall. Beginn der Datenerfassung ist 01.10.2023.</p> <p>Kollektiv Hausarztpraxen: Alle INFLUENZA-Patient*Innen mit mind. einem hausärztlichen Behandlungsfall. Analog: Behandlungsfall</p> <p><b>Lebensalter aller ambulant versorgter INFLUENZA-positiver Patient*Innen</b> bis zum Exportzeitpunkt als aufsteigend sortierte Liste. Die Lebensalter in Altersgruppen wie folgt:<br/>0 falls &lt;20, 20 für 20-24, 25 für 25-29, 30 für 30-34,..., 85 für 85-89 , 90 falls &gt;= 90, also jeweils das</p>                                |

|  |  |
|--|--|
|  | niedrigste Alter der Gruppe.<br>Beispiel: [0, 20, 20, 35, 40, 40, 85, 90]  |
| infl.cumulative.outpatient.gender<br><br>analog:<br>infl.cumulative.outpatientgp.gender*<br><br><br>* nur Hausarztpraxen | Kollektiv: Alle INFLUENZA-Patient*Innen mit mind. einem ambulanten oder vorstationären Behandlungsfall.<br><br>Kollektiv Hausarztpraxen: Alle INFLUENZA-Patient*Innen mit mind. einem hausärztlichen Behandlungsfall.<br><br><b>Anzahl</b> für alle <b>ambulant versorgten INFLUENZA-Patient*Innen</b> nach <b>Geschlecht</b> . Geliefert wird also pro Datenlieferung eine Anzahl (Ganzzahl >= 0) pro Geschlecht.   |
| infl.cumulative.inpatient.age  | Kollektiv: Alle INFLUENZA-Patient*Innen mit mind. einem nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall. Beginn der Datenerfassung ist 01.10.2023.<br><br><b>Lebensalter aller stationärer versorgter INFLUENZA-positiver Patient*Innen</b> bis zum Exportzeitpunkt als aufsteigend sortierte Liste. Die Lebensalter in Altersgruppen wie folgt:<br>0 falls <20, 20 für 20-24, 25 für 25-29, 30 für 30-34, ..., 85 für 85-89, 90 falls >= 90, also jeweils das niedrigste Alter der Gruppe.<br>Beispiel: [0, 20, 20, 35, 40, 40, 85, 90] |
| infl.timeline.deaths   | Kollektiv: Alle INFLUENZA-Patient*Innen mit einem vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.<br><br>Es werden die <b>Anzahlen</b> (Ganzzahlen >= 0) von <b>INFLUENZA-Patient*Innen</b> angegeben, die <b>an</b> den in der Datums-Folge "date" gelisteten <b>Kalendertagen</b> zwischen 00:00 und 24:00 Uhr <b>in stationärer Behandlung verstorben</b> sind.<br><br>Die Datums-Folge "date" sollte möglichst alle Kalendertage seit Auswertungsbeginn bis Vortag der Lieferung (inkl.) umfassen.                            |
| infl.cumulative.lengthofstay.hospital  | Kollektiv: Alle INFLUENZA-Patient*Innen mit mind. einem <u>abgeschlossenen</u> vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.<br><br><b>Verweildauer in Tagen im Krankenhaus</b> für alle INFLUENZA-Patient*Innen. Sollte Patient*In   |



|   |  |
|---|--|
|   | mehrere INFLUENZA-Fälle haben, wird deren Verweildauer addiert.  |
| infl.cumulative.lengthofstay.hospital.alive | <p>Kollektiv: Alle INFLUENZA-Patient*Innen mit einem vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p><b>Verweildauer im Krankenhaus in Tagen</b> für alle INFLUENZA-Patient*Innen <b>mit einer anderen Entlassart als "Tod"</b>. Sollte Patient*In mehrere INFLUENZA-Fälle haben, wird deren Verweildauer addiert.</p>   |
| infl.cumulative.lengthofstay.hospital.dead  | <p>Kollektiv: Alle INFLUENZA-Patient*Innen mit einem vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall, die im Krankenhaus verstorben sind.</p> <p><b>Verweildauer im Krankenhaus in Tagen</b> für alle INFLUENZA-Patient*Innen <b>mit der Entlassart "Tod"</b>. Sollte Patient*In mehrere INFLUENZA-Fälle haben, wird deren Verweildauer addiert.</p>                                       |
| infl.cumulative.lengthofstay.icu            | <p>Kollektiv: Alle INFLUENZA-Patient*Innen mit einem <u>abgeschlossenen</u> vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p><b>Verweildauer auf ICU in Stunden</b> für alle INFLUENZA-Patient*Innen (ggf. als Summe aller ICU-Aufenthalte innerhalb des Falls). Sollte Patient*In mehrere INFLUENZA-Fälle haben, wird deren Verweildauer addiert.</p>                              |
| infl.cumulative.lengthofstay.icu.alive      | <p>Kollektiv: Alle INFLUENZA-Patient*Innen mit einem vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p><b>Verweildauer auf ICU in Stunden</b> für alle INFLUENZA-Patient*Innen <b>mit einer anderen Entlassart als "Tod"</b> haben (ggf. als Summe aller ICU-Aufenthalte innerhalb des Falls). Sollte Patient*In mehrere INFLUENZA-Fälle haben, wird deren Verweildauer addiert.</p> |
| infl.cumulative.lengthofstay.icu.dead       | <p>Kollektiv: Alle INFLUENZA-Patient*Innen mit einem vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall, die im Krankenhaus verstorben sind.</p> <p><b>Verweildauer auf ICU in Stunden</b> für alle INFLUENZA-Patient*Innen <b>mit der Entlassart</b></p>   |

|   |  |
|---|--|
|   | <p><b>"Tod"</b> (ggf. als Summe aller ICU-Aufenthalte innerhalb des Falls). Sollte Patient*In mehrere INFLUENZA-Fälle haben, wird deren Verweildauer addiert.</p>  |
| <p>infl.cumulative.immunestatus.outpatient<br/>analog:</p> <p>infl.cumulative.immunestatus.outpatientgp *</p> <p>infl.cumulative.immunestatus.normal_ward</p> <p>infl.cumulative.immunestatus.icu_undifferentiated</p> <p>infl.cumulative.immunestatus.icu</p> <p>infl.cumulative.immunestatus.icu_with_ventilation</p> <p>infl.cumulative.immunestatus.icu_with_ecmo</p> <p>* nur Hausarztpraxen</p> | <p>Kollektiv: alle Patient*Innen mit einem ambulanten, vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p>Kollektiv Hausarztpraxen: alle Patient*Innen mit mind. einem hausärztlichen Behandlungsfall.</p> <p>Für alle Kategorien gemäß "infl.immunestatus" (Immunisierungsstatus) wird jeweils die <b>Anzahl</b> (Ganzzahl <math>\geq 0</math>) der <b>INFLUENZA-Patient*Innen</b> angegeben, die <b>insgesamt ambulant versorgt</b> wurden, seit Aufzeichnungsbeginn bis inklusive zum Vortag der Datenlieferung.</p> <p>Analoge Dataitems für auf Normalstation, auf ICU etc. versorgte Patient*innen, siehe "infl.treatmentlevels".</p>   |
| <p>infl.timeline.immunestatus.outpatient<br/>analog:</p> <p>infl.timeline.immunestatus.outpatientgp *</p> <p>infl.timeline.immunestatus.normal_ward</p> <p>infl.timeline.immunestatus.icu_undifferentiated</p> <p>infl.timeline.immunestatus.icu</p> <p>infl.timeline.immunestatus.icu_with_ventilation</p> <p>infl.timeline.immunestatus.icu_with_ecmo</p> <p>* nur Hausarztpraxen</p>               | <p>Kollektiv: alle Patient*Innen mit einem ambulanten, vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p>Kollektiv Hausarztpraxen: alle Patient*Innen mit mind. einem hausärztlichen Behandlungsfall.</p> <p>Für alle Kategorien gemäß "infl.immunestatus" (Immunisierungsstatus) wird jeweils die Anzahl (Ganzzahlen <math>\geq 0</math>) von <b>INFLUENZA-Patient*Innen</b> angegeben, die <b>an</b> den in der Datums-Folge "date" gelisteten <b>Kalendertagen</b> zwischen 00:00 und 24:00 Uhr <b>insgesamt ambulant versorgt</b> wurden.</p> <p>Die Datums-Folge "date" sollte möglichst alle Kalendertage seit Auswertungsbeginn bis Vortag der Lieferung (inkl.) umfassen.</p> <p>Analoge Dataitems für auf Normalstation, auf ICU etc. versorgte Patient*innen, siehe "treatmentlevels".</p> |
| <p>infl.cumulative.subtypetestresults</p>   | <p>Kollektiv: alle Patient*Innen mit einem ambulanten, vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p>Für alle Kategorien gemäß "infl.subtypetestresults" (Subtypen bzw. Linien) wird die <b>Anzahl der</b></p>   |

|                                  |  |
|----------------------------------|--|
|                                  | <b>Testergebnisse</b> angegeben, so wie insgesamt seit Aufzeichnungsbeginn bis zum Vortag der Datenlieferung (inklusive) dokumentiert.   |
| infl.timeline.subtypetestresults | <p>Kollektiv: alle Patient*Innen mit einem ambulanten, vor-, nach-, teil- oder vollstationären Behandlungsfall.</p> <p>Für alle Kategorien gemäß "infl.subtypetestresults" werden jeweils <b>Anzahlen</b> (Ganzzahlen <math>\geq 0</math>) von <b>Testergebnissen</b> angegeben, die jeweils <b>an</b> den in der Datums-Folge "date" gelisteten <b>Kalendertagen</b> zwischen 00:00 und 24:00 Uhr erhoben wurden.</p> <p>Die Datums-Folge "date" sollte möglichst alle Kalendertage seit Auswertungsbeginn bis Vortag der Lieferung (inkl.) umfassen.</p> |

## JSON-Beispiele "Influenza"

(Werte willkürlich)

```
{
  "provider": "UKB",
  "dashboard_dataset_version": "0.5.4",
  "exporttimestamp": 1588929963,
  "author": "Universitätsklinikum Bonn",
  "dataitems": [
    {
      "itemname": "infl.current.treatmentlevel",
      "itemtype": "aggregated",
      "data": {"Outpatient": 275,
        "Normal_ward": 75,
        "ICU": 24,
        "ICU_with_ventilation": 13,
        "ICU_with_ecmo": 2,
        "ICU_undifferentiated": 5}
    },
    {
      "itemname": "infl.current.maxtreatmentlevel",
      "itemtype": "aggregated",
      "data": {"Outpatient": 256,
        "Normal_ward": 145,
        "ICU": 103,
        "ICU_with_ventilation": 25,
        "ICU_with_ecmo": 8,
        "ICU_undifferentiated": 0}
    },
  ],
}
```

```
{
  "itemname": "infl.cumulative.results",
  "itemtype": "aggregated",
  "data": {"Positive": 765,
    "Suspected": 34,
    "Negative": 567}
},
{
  "itemname": "infl.cumulative.gender",
  "itemtype": "aggregated",
  "data": {"Male": 1234,
    "Female": 1243,
    "Diverse": 2}
},
{
  "itemname": "infl.cumulative.age",
  "itemtype": "list",
  "data": [0,0,0,20,20,25,25,30,35,40,50,55,60,60,65,70,80,85,90,90]
},
{
  "itemname": "infl.cumulative.maxtreatmentlevel",
  "itemtype": "aggregated",
  "data": {"Outpatient": 1234,
    "Normal_ward": 245,
    "ICU": 365,
    "ICU_with_ventilation": 254,
    "ICU_with_ecmo": 23,
    "ICU_undifferentiated": 0}
},
{
  "itemname": "infl.cumulative.zipcode",
  "itemtype": "list",
  "data": ["53111","53113","53113","53115","53117","53121","53125",
    "53127","53177","53177","53177"]
},
{
  "itemname": "infl.timeline.tests",
  "itemtype": "list",
  "data": {"date": [1588291200,1588377600,1588464000,1020470400],
    "value": [158,161,120,115,120]}
},
{
  "itemname": "infl.timeline.test.positive",
  "itemtype": "list",
  "data": {"date": [1588291200,1588377600,1588464000,1588567000],
```

```

      "value": [15,12,18,15]}
    },
    {
      "itemname": "infl.timeline.maxtreatmentlevel",
      "itemtype": "list",
      "data": {"Outpatient": [12,23,34,45],
        "Normal_ward": [1,2,3,4],
        "ICU": [5,4,3,2],
        "ICU_with_ventilation": [9,8,7,6],
        "ICU_with_ecmo": [5,6,7,8],
        "ICU_undifferentiated ": [1,2,3,4],
        "date": [1588291200,1588377600,1588464000,1588567000]}
    },
    {
      "itemname": "infl.cumulative.inpatient.gender",
      "itemtype": "aggregated",
      "data": {"Male": 1,
        "Female": 2,
        "Diverse": 3}
    },
    {
      "itemname": "infl.cumulative.outpatient.age",
      "itemtype": "list",
      "data": [0,0,0,20,25,25,30,40,50,55,60,65,70,85,90,90]
    },
    {
      "itemname": "infl.cumulative.outpatientgp.age",
      "itemtype": "list",
      "data": [0,0,0,20,25,25,30,40,50,55,60,65,70,85,90,90]
    },
    {
      "comment": "Die Templates zur Erfassung der Lebensalter current und cumulative von Patient*innen mit maximalem Versorgungsniveau outpatient, normal_ward, icu_undifferentiated, icu, icu_with_ventilation, icu_with_ecmo sind alle analog wie folgt aufgebaut:"},
    {
      "itemname": "infl.cumulative.age.maxtreatmentlevel.outpatient",
      "itemtype": "list",
      "data": [0,0,0,20,25,25,30,40,50,55,60,65,70,85,90,90]
    },
    {
      "itemname": "infl.cumulative.outpatient.gender",
      "itemtype": "aggregated",
      "data": {"Male": 123,

```

```

        "Female": 135,
        "Diverse": 2}
    },
    {
        "itemname": "infl.cumulative.outpatientgp.gender",
        "itemtype": "aggregated",
        "data": {"Male": 123,
            "Female": 135,
            "Diverse": 2}
    },
    {
        "itemname": "infl.cumulative.inpatient.age",
        "itemtype": "list",
        "data": [0,0,20,25,25,35,50,55,60,70,80,85,90,90]
    },
    {
        "itemname": "infl.timeline.deaths",
        "itemtype": "list",
        "data": {"date": [1588291200,1588377600,1588464000, 1588567000],
            "value": [0,1,0,1]}
    },
    {
        "itemname": "infl.cumulative.lengthofstay.hospital",
        "itemtype": "list",
        "data": [2,4,15,17,20,22,25,25,30]
    },
    {
        "itemname": "infl.cumulative.lengthofstay.hospital.alive",
        "itemtype": "list",
        "data": [2,15,17,20,25,30]
    },
    {
        "itemname": "infl.cumulative.lengthofstay.hospital.dead",
        "itemtype": "list",
        "data": [4,22,25]
    },
    {
        "itemname": "infl.cumulative.lengthofstay.icu",
        "itemtype": "list",
        "data": [14,22,28,48,72,96,98,105,110]
    },
    {
        "itemname": "infl.cumulative.lengthofstay.icu.alive",
        "itemtype": "list",
        "data": [14,22,48,72,98,105]
    }

```

```

    },
    {
        "itemname": "infl.cumulative.lengthofstay.icu.dead",
        "itemtype": "list",
        "data": [28,96,110]
    },

    { "comment": "Die Templates zur Erfassung des Immunstatus cumulative und timeline
    von Patient*innen mit maximalem Versorgungsniveau outpatient, outpatientgp,
    normal_ward, icu_undifferentiated, icu, icu_with_ventilation, icu_with_ecmo sind
    alle analog wie folgt aufgebaut:"},
    {
        "itemname": "infl.cumulative.immunestatus.outpatientgp",
        "itemtype": "aggregated",
        "data": {
            "Complete": 456,
            "None": 346,
            "Unknown": 2568
        },
    },
    {
        "itemname": "infl.timeline.immunestatus.outpatient",
        "itemtype": "list",
        "data": {
            "Complete": [12,68,76],
            "None": [56,45,32,27],
            "Unknown": [167,245,341,156],
            "date": [1588291200,1588377600,1588464000,1588567000]}
    },
    {
        "itemname": "infl.cumulative.subtypetestresults",
        "itemtype": "aggregated",
        "data": {
            "A_H1N1": 378,
            "A_H3": 451,
            "A_H5": 239,
            "A_nosub": 459,
            "B_Victoria": 345,
            "B_Yamagata": 215,
            "B_nosub": 689,
            "Unknown": 12,
            "Negative": 5679
        },
    },
    {
        "itemname": "infl.timeline.subtypetestresults",
        "itemtype": "list",
    }

```

```
"data": {  
  "A_H1N1": [16,8,5,0],  
  "A_H3": [0,8,15,0],  
  "A_H5": [0,2,6,3],  
  "A_nosub": [2,7,4,12],  
  "B_Victoria": [2,1,3,3],  
  "B_Yamagata": [4,7,3,5],  
  "B_nosub": [12,2,5,0],  
  "Unknown": [10,8,5,7],  
  "Negative": [124,203,89,136],  
  "date": [1588291200,1588377600,1588464000,1588567000]}  
}  
}
```



## Rubrik "Kiradar"

### Besondere Festlegungen "Kiradar"

- Die Auswertung beginnt ab dem Stichtag **01.01.2020**

### Parameter und Wertebereiche für Datenitems "Kiradar"

#### a) der Kinder- und Jugendpsychiatrie / Child and adolescent psychiatry

| Parameter                      | Wertebereich und Beschreibung  |
|--------------------------------|--|
| <b>Patient*Innen_KJP</b>       |  |
| kjp_patients                   | Alle Patient*Innen mit mindestens einer diagnostizierten Störung gemäß "Diagnosen_KJP" im Rahmen eines Falls, zu dessen Aufnahmedatum das Alter des/der Patient*In in eine der "Alterklassen_KJP" fällt.   |
| <b>Diagramme_KJP</b>           |  |
| kjp_diagnoses_all              | "Alle Kinder- und Jugendpsychiatrischen Erkrankungen" / "All child and adolescent psychiatric disorders" gemäß aller "Diagnosen_KJP".  |
| <b>Diagnosen_KJP</b>           |  |
| disorders-due-to-substance-use | <b>"Substanzbezogene Störungen" / "Disorders due to substance use"</b><br>- 'F1: Psychische und Verhaltensstörungen durch psychotrope Substanzen'<br>ICD-Codes: F10.0, F10.1, F10.2, F10.3, F10.4, F10.5, F10.6, F10.7, F10.8, F10.9, F11.0, F11.1, F11.2, F11.3, F11.4, F11.5, F11.6, F11.7, F11.8, F11.9, F12.0, F12.1, F12.2, F12.3, F12.4, F12.5, F12.6, F12.7, F12.8, F12.9, F13.0, F13.1, F13.2, F13.3, F13.4, F13.5, F13.6, F13.7, F13.8, F13.9, F14.0, F14.1, F14.2, F14.3, F14.4, F14.5, F14.6, F14.7, F14.8, F14.9, F15.0, F15.1, F15.2, F15.3, F15.4, F15.5, F15.6, F15.7, F15.8, F15.9, F16.0, F16.1, F16.2, F16.3, F16.4, F16.5, F16.6, F16.7, F16.8, F16.9, F17.0, F17.1, F17.2, F17.3, F17.4, F17.5, F17.6, F17.7, F17.8, F17.9, F18.0, F18.1, F18.2, F18.3, F18.4, F18.5, F18.6, F18.7, F18.8, F18.9, F19.0, F19.1, F19.2, F19.3, F19.4, F19.5, F19.6, F19.7, F19.8, F19.9 |
| psychotic-disorders            | <b>"Psychotische Störungen" / "Psychotic disorders"</b><br>- 'F2: Schizophrenie, schizotype und wahnhafte Störungen'<br>ICD-Codes: F20.0, F20.1, F20.2, F20.3, F20.4, F20.5, F20.6, F20.8, F20.9, F21, F22.0, F22.8, F22.9, F23.0, F23.1, F23.2, F23.3, F23.8, F23.9, F24, F25.0, F25.1, F25.2, F25.8, F25.9, F28, F29   |
| mood-disorders-periodic        | <b>"Affektive Störungen (phasisch)" / "Mood disorders (periodic)"</b><br>- 'F31: Bipolare affektive Störung'<br>- 'F33: Rezidivierende depressive Störung'<br>ICD-Codes: F31.0, F31.1, F31.2, F31.3, F31.4, F31.5, F31.6, F31.7, F31.8, F31.9, F33.0, F33.1, F33.2, F33.3, F33.4, F33.8, F33.9   |
| mood-disorders-non-periodic    | <b>"Affektive Störungen (nicht-phasisch)" / "Mood disorders (non-periodic)"</b><br>- 'F30: Manische Episode'<br>- 'F32: Depressive Episode'<br>- 'F34: Anhaltende affektive Störungen'<br>- 'F38: Andere affektive Störungen'<br>- 'F39: Nicht näher bezeichnete affektive Störung'<br>- 'F92.0: Störung des Sozialverhaltens mit depressiver Störung'<br>ICD-Codes: F30.0, F30.1, F30.2, F30.8, F30.9, F32.0, F32.1, F32.2, F32.3, F32.8, F32.9, F34.0, F34.1, F34.8, F34.9, F38.0, F38.1, F38.8, F39, F92.0  |

|  |   |
|--|---|
| anxiety-disorders                        | <b>"Angststörungen" / "Anxiety disorders"</b><br>- 'F40: Phobische Störungen'<br>- 'F41: Andere Angststörungen'<br>- 'F93: Emotionale Störungen des Kindesalters'<br>- 'F94.0: Elektiver Mutismus'<br>ICD-Codes: F40.0, F40.00, F40.01, F40.1, F40.2, F40.8, F40.9, F41.0, F41.1, F41.2, F41.3, F41.8, F41.9, F93.0, F93.1, F93.2, F93.3, F93.8, F93.9, F94.0   |
| obsessive-compulsive-disorder            | <b>"Zwangserkrankung" / "Obsessive compulsive disorder"</b><br>- 'F42: Zwangsstörung'<br>ICD-Codes: F42.0, F42.1, F42.2, F42.8, F42.9   |
| stress-related-disorders                 | <b>"Stress-assoziierte Erkrankungen" / "Stress related disorders"</b><br>- 'F43: Reaktionen auf schwere Belastungen und Anpassungsstörungen'<br>- 'F44: Dissoziative Störungen [Konversionsstörungen]'<br>- 'F94.1: Reaktive Bindungsstörung des Kindesalters'<br>- 'F94.2: Bindungsstörung des Kindesalters mit Enthemmung'<br>ICD-Codes: F43.0, F43.1, F43.2, F43.8, F43.9, F44.0, F44.1, F44.2, F44.3, F44.4, F44.5, F44.6, F44.6+, F44.7, F44.8, F44.80, F44.81, F44.82, F44.88, F44.88+, F44.9, F94.1, F94.2   |
| eating-disorders                         | <b>"Essstörungen" / "Eating disorders"</b><br>- 'F50: Essstörungen'<br>ICD-Codes: F50.0, F50.00, F50.01, F50.08, F50.1, F50.2, F50.3, F50.4, F50.5, F50.8, F50.9  |
| intellectual-developmental-disorders     | <b>"Intelligenzminderungen" / "Intellectual developmental disorders"</b><br>- 'F7: Intelligenzstörung'<br>ICD-Codes: F70.0, F70.1, F70.8, F70.9, F71.0, F71.1, F71.8, F71.9, F72.0, F72.1, F72.8, F72.9, F73.0, F73.1, F73.8, F73.9, F74.0, F74.1, F74.8, F74.9, F78.0, F78.1, F78.8, F78.9, F79.0, F79.1, F79.8, F79.9   |
| specific-developmental-disorders         | <b>"Umschriebene Entwicklungsstörungen" / "Specific developmental disorders"</b><br>- 'F80: Umschriebene Entwicklungsstörungen des Sprechens und der Sprache'<br>- 'F81: Umschriebene Entwicklungsstörungen schulischer Fertigkeiten'<br>- 'F82: Umschriebene Entwicklungsstörung der motorischen Funktionen'<br>- 'F83: Kombinierte umschriebene Entwicklungsstörungen'<br>- 'F88: Andere Entwicklungsstörungen'<br>- 'F89: Nicht näher bezeichnete Entwicklungsstörung'<br>- 'F98.5: Stottern [Stammeln]'<br>- 'F98.6: Poltern'<br>ICD-Codes: F80.0, F80.1, F80.2, F80.20, F80.28, F80.3, F80.8, F80.9, F81.0, F81.1, F81.2, F81.3, F81.8, F81.9, F82.0, F82.1, F82.2, F82.9, F83, F88, F89, F98.5, F98.6 |
| autism-spectrum                          | <b>"Autismus-Spektrum" / "Autism spectrum"</b><br>- 'F84: Tief greifende Entwicklungsstörungen'<br>- 'F94.8: Sonstige Störungen sozialer Funktionen mit Beginn in der Kindheit'<br>- 'F94.9: Störung sozialer Funktionen mit Beginn in der Kindheit, nicht näher bezeichnet'<br>ICD-Codes: F84.0, F84.1, F84.2, F84.3, F84.4, F84.5, F84.8, F84.9, F94.8, F94.9   |
| attention-deficit-hyperactivity-disorder | <b>"Aktivitäts- und Aufmerksamkeitsstörungen" / "Attention deficit hyperactivity disorder"</b><br>- 'F90: Hyperkinetische Störungen'<br>ICD-Codes: F90.0, F90.1, F90.8, F90.9   |
| conduct-disorders                        | <b>"Disruptive Verhaltensstörungen" / "Conduct disorders"</b><br>- 'F90.1: Hyperkinetische Störung des Sozialverhaltens'<br>- 'F91: Störungen des Sozialverhaltens'<br>- 'F92: Kombinierte Störung des Sozialverhaltens und der Emotionen'<br>ICD-Codes: F90.1, F91.0, F91.1, F91.2, F91.3, F91.8, F91.9, F92.0, F92.8, F92.9   |
| other-psychological-disorders            | <b>"Andere psychische Störungen" / "Other psychological disorders"</b><br>- 'F0: Organische, einschließlich symptomatischer psychischer Störungen'  |

|                          |  |
|--------------------------|--|
|                          | <ul style="list-style-type: none"> <li>- 'F45: Somatoforme Störungen'</li> <li>- 'F48: Andere neurotische Störungen'</li> <li>- 'F51: Nichtorganische Schlafstörungen'</li> <li>- 'F52: Sexuelle Funktionsstörungen, nicht verursacht durch eine organische Störung oder Krankheit'</li> <li>- 'F53: Psychische oder Verhaltensstörungen im Wochenbett, anderenorts nicht klassifiziert'</li> <li>- 'F54: Psychologische Faktoren oder Verhaltensfaktoren bei anderenorts klassifizierten Krankheiten'</li> <li>- 'F55: Schädlicher Gebrauch von nichtabhängigkeitserzeugenden Substanzen'</li> <li>- 'F59: Nicht näher bezeichnete Verhaltensauffälligkeiten bei körperlichen Störungen und Faktoren'</li> <li>- 'F6: Persönlichkeits- und Verhaltensstörungen'</li> <li>- 'F95: Ticstörungen'</li> <li>- 'F98.0: Nichtorganische Enuresis'</li> </ul> <p>Enuresis'</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- 'F98.1: Nichtorganische Enkopresis'</li> <li>- 'F98.2: Fütterstörung im frühen Kindesalter'</li> <li>- 'F98.3: Pica im Kindesalter'</li> <li>- 'F98.4: Stereotype Bewegungsstörungen'</li> <li>- 'F98.8: Sonstige näher bezeichnete Verhaltens- und emotionale Störungen mit Beginn in der Kindheit und Jugend'</li> <li>- 'F98.9: Nicht näher bezeichnete Verhaltens- oder emotionale Störungen mit Beginn in der Kindheit und Jugend'</li> <li>- 'F99: Psychische Störung ohne nähere Angabe'</li> </ul> <p>ICD-Codes: F00.0, F00.1, F00.2, F00.9, F01.0, F01.1, F01.2, F01.3, F01.8, F01.9, F02.0, F02.1, F02.2, F02.3, F02.4, F02.8, F03, F04, F05.0, F05.1, F05.8, F05.9, F06.0, F06.1, F06.2, F06.3, F06.4, F06.5, F06.6, F06.7, F06.8, F06.9, F07.0, F07.1, F07.2, F07.8, F07.9, F09, F45.0, F45.1, F45.2, F45.3, F45.30, F45.31, F45.32, F45.33, F45.34, F45.37, F45.38, F45.39, F45.4, F45.40, F45.41, F45.8, F45.9, F48.0, F48.1, F48.8, F48.9, F51.0, F51.1, F51.2, F51.3, F51.4, F51.5, F51.8, F51.9, F52.0, F52.1, F52.2, F52.3, F52.4, F52.5, F52.6, F52.7, F52.8, F52.9, F53.0, F53.1, F53.8, F53.9, F54, F55.0, F55.1, F55.2, F55.3, F55.4, F55.5, F55.6, F55.8, F55.9, F59, F60.0, F60.1, F60.2, F60.3, F60.30, F60.31, F60.4, F60.5, F60.6, F60.7, F60.8, F60.9, F61, F62.0, F62.1, F62.8, F62.80, F62.88, F62.9, F63.0, F63.1, F63.2, F63.3, F63.8, F63.9, F64.0, F64.1, F64.2, F64.8, F64.9, F65.0, F65.1, F65.2, F65.3, F65.4, F65.5, F65.6, F65.8, F65.9, F66.0, F66.1, F66.2, F66.8, F66.9, F68.0, F68.1, F68.8, F69, F95.0, F95.1, F95.2, F95.8, F95.9, F98.0, F98.00, F98.01, F98.02, F98.08, F98.1, F98.2, F98.3, F98.4, F98.40, F98.41, F98.49, F98.8, F98.80, F98.88, F98.9, F99</p> |
| <b>Altersklassen_KJP</b> | <b>"Alterklassen Kinder- und Jugendpsychiatrie" / "Age groups child and youth psychiatry"</b>  |
| age_kjp_0-2y             | "Alter <=2 Jahre" / "Age <=2 years"  |
| age_kjp_3-5y             | "Alter 3<=5 Jahre" / "Age 3<=5 years"  |
| age_kjp_6-8y             | "Alter 6<=8 Jahre" / "Age 6<=8 years"  |
| age_kjp_9-11y            | "Alter 9<=11 Jahre" / "Age 9<=11 years"  |
| age_kjp_12-14y           | "Alter 12<=14 Jahre" / "Age 12<=14years"   |
| age_kjp_15-17y           | "Alter 15<=17 Jahre" / "Age 15<=17 years"  |

## b.) Pädiatrischen Erkrankungen / Paediatric diseases.

| Parameter                | Wertebereich und Beschreibung  |
|--------------------------|--|
| <b>Patient*Innen_RSV</b> |  |
| rsv_patients             | Alle Patient*Innen mit mindestens einer diagnostizierten Erkrankung gemäß "Diagnosen_RSV" im Rahmen eines Falls, zu dessen Aufnahmedatum das Alter des/der Patient*In in eine der "Altersklassen_RSV" fällt. |
| <b>Diagramme_RSV</b>     |  |
| rsv_diagnoses_all        | "Alle Diagnosen zum respiratorischen Synzytial-Virus" / "All respiratory syncytial virus diagnoses" gemäß "Diagnosen_RSV"  |
| <b>Diagnosen_RSV</b>     |  |
| rsv_acute_bronchitis     | "Akute RSV-Bronchitis (J20.5)" / "Acute RSV bronchitis (J20.5)"  |
| rsv_acute_bronchiolitis  | "Akute RSV-Bronchiolitis (J21.0)" / "Acute RSV bronchiolitis (J21.0)"  |
| rsv_pneumonia            | "RSV-Pneumonie (J12.1)" / "RSV pneumonia (J12.1)"  |
| rsv_caused_disease       | "RSV als Krankheitsursache (B97.4)" / "RSV caused disease (B97.4)"   |
| <b>Altersklassen_RSV</b> |  |
| age_rsv_0-3m             | "Alter <=3 Monate" / "Age <=3 months"  |
| age_rsv_4-5m             | "Alter 4<=5 Monate" / "Age 4<=5 months"  |
| age_rsv_6-11m            | "Alter 6<=11 Monate" / "Age 6<=11 months"  |
| age_rsv_12-23m           | "Alter 12<=23 Monate" / "Age 12<=23 months"  |
| age_rsv_24-35m           | "Alter 24<=35 Monate" / "Age 24<=35 months"  |
| age_rsv_3-5y             | "Alter 3<=5 Jahre" / "Age 3<=5 years"  |
| age_rsv_6-17y            | "Alter 6<=17 Jahre" / "Age 6<=17 years"  |

## c.) übergreifende Kiradar-Definitionen

| Parameter                     | Wertebereich und Beschreibung                                |
|-------------------------------|--|
| <b>Messwerte</b>              |  |
| mean_length_of_stay           | "Durchschnittliche Aufenthaltsdauer" / "Mean length of stay" |
| <b>Zeitabschnitte</b>         |  |
| String-Formate: yyyy, yyyy-mm | Kontinuierliche Jahres- oder Monatsintervalle                |

## Definition öffentlicher Datenitems "Kiradar"

### a.) der Kinder- und Jugendpsychiatrie / Child and adolescent psychiatry

#### Vorbemerkung zum Fallmanagement

##### Step 1 Auswahl:

Die initiale Fallmenge umfasst alle stationären Fälle eines Patient\*innen, deren Startdatum innerhalb der ersten 20 Lebensjahre (ausschließlich Tag des 20. Geburtstags) liegt, und bei denen mindestens eine F\* Diagnose gemäß "Diagnosen\_KJP" vorkommt.

##### Step 2 Fallzusammenlegung:

Aufeinander folgende Fälle eines Patient\*innen werden zu einem neuen Fall zusammengelegt, insoweit in deren zeitlicher Abfolge jeweils zwischen Entlassdatum und Aufnahmedatum weniger oder genau 21 Tage liegen. Für den zusammengelegten Fall wird das Aufnahmedatum auf das Aufnahmedatum des frühesten Ursprungsfalls gesetzt und das Entlassdatum auf das Entlassdatum des spätesten Ursprungsfalls gesetzt. Die Diagnosen der Ursprungsfälle werden in dem zusammengelegten Fall zusammengeführt, wobei jede Diagnose nur einmal gelistet wird (unique union). Patient\*innendaten, die in den Ursprungsfällen variieren, wie z.B. PLZ bei Umzug oder Geschlecht bei Gendertransition, werden aus dem frühesten Ursprungsfall in den zusammengeführten Fall übernommen.

##### Step 3 Filtern:

Nach Abschluss aller Fallzusammenlegungen werden alle Fälle, bei denen der Patient zum Startdatum des Falls 18 Jahre oder älter ist, aus der Fallmenge entfernt.

##### Step 4 Zuordnung zu Diagnoseklassen:

Gemäß "Diagnosen\_KJP" wird jedem verbliebenen Fall auf Basis der mit ihm dokumentierten Diagnosen eine oder mehrere Diagnoseklassen zugeordnet.

| Itemnames KJP                     | Beschreibung KJP  |
|-----------------------------------|---|
| kira.kjp.cumulative.diags.zipcode | <p>Kollektiv: siehe "Patient*Innen_KJP".</p> <p>Generiert für die vom Benutzer ausgewählte Diagnosegruppe gemäß "<b>Diagnosen_KJP</b>" * eine nach Postleitzahlen segmentierte Karte des Bundesgebiets zur Visualisierung des Auftretens der ausgewählten Diagnosegruppe*.</p> <p>*(oder der Gesamtheit aller Diagnosegruppen)</p> <p>Geliefert werden für alle Diagnosegruppen gemäß "Diagnosen_KJP" ("<b>charts</b>") in einer verschachtelten Listenstruktur jeweils die <b>Postleitzahlen</b> der Wohnorte der Patient*Innen gemäß "Patient*Innen_KJP" als <b>aufsteigend sortierte</b> Listen ("<b>values</b>"). Postleitzahlen können demnach mehrfach auftreten. Postleitzahlen sind gekürzt auf die ersten <b>drei Stellen</b> angegeben.</p> <p>Hinweis: Postleitzahlen werden wegen einer ggf. führend enthaltenen "0" nicht als Zahlenwert sondern als String (in Anführungszeichen) geführt. Patient*Innen aus dem Ausland werden als Missing ("null") geführt. Falls für eine Diagnose keine Daten geliefert werden sollen, bleibt die jeweilige Liste leer.</p> |

|  |  |
|--|--|
| <p>kira.kjp.cumulative.diags.<b>age</b></p>          | <p>Kollektiv: siehe "Patient*Innen_KJP".</p> <p>Generiert für jeweils eine vom Benutzer ausgewählte Diagnosegruppe gemäß "<b>Diagnosen_KJP</b>"* ("<b>charts</b>") ein Säulendiagramm, welches die Altersverteilung gemäß "<b>Altersklassen_KJP</b>" ("<b>bars</b>") darstellt. Jede Säule zeigt zwei gestapelte Werte ("<b>stacks</b>"), die <b>Anzahl der Fälle mit</b> mindestens einer Diagnose aus der Diagnosegruppe und die Anzahl der Fälle, die <b>keine</b> Diagnose aus der Diagnosegruppe aufweisen.</p> <p>*(oder der Gesamtheit aller Diagnosen)</p> <p>y-Achse: Anzahl Fälle, x-Achse: Altersklassen</p> <p>Geliefert werden für alle Diagnosegruppen ("<b>charts</b>") jeweils für alle Alterklassen ("<b>bars</b>") die kumulierte Anzahl der Fälle mit und kumulierte Anzahl der Fälle ohne Diagnose in der jeweiligen Diagnosegruppe ("<b>stacks</b>").</p> <p>Hinweis: Für die Zuordnung von Fällen zu Altergruppen ist das Alter zum Startdatum des Falls bestimmend, bei zusammengeführten Fällen ist das Startdatum des ersten Falls bestimmend. Ein Fall, der mehrere Diagnosen derselben Diagnosegruppe trägt, wird nur einmal gezählt.</p> |
| <p>kira.kjp.cumulative.diags.<b>gender</b></p>       | <p>Kollektiv: siehe "Patient*Innen_KJP".</p> <p>Generiert für die Gesamtheit aller Diagnosegruppen gemäß "<b>Diagnosen_KJP</b>" ("<b>bars</b>") ein zusammenfassendes Säulendiagramm ("<b>charts</b>"), in welchem jede Säule die Geschlechterverteilung gemäß "<b>gender</b>" innerhalb der jeweiligen Diagnosegruppen darstellt ("<b>stacks</b>").</p> <p>y-Achse: Anzahl Patient*innen, x-Achse: Diagnosegruppen</p> <p>Geliefert werden für alle Diagnosegruppen ("<b>bars</b>") die Anzahl Patient*innen pro Geschlecht ("<b>stacks</b>").</p> <p>Hinweis: Pro Diagnosegruppe wird ein Patient maximal einmal gezählt.</p>  |
| <p>kira.kjp.cumulative.diags.<b>lengthofstay</b></p> | <p>Kollektiv: siehe "Patient*Innen_KJP".</p> <p>Generiert ein Diagramm ("<b>charts</b>") zur Darstellung der <b>durchschnittlichen Aufenthaltsdauer</b> der Patient*Innen im Erhebungszeitraum. Jede Säule zeigt die Aufenthaltsdauer für die jeweilige Diagnosegruppe ("<b>bars</b>") gemäß "<b>Diagnosen_KJP</b>".</p> <p>y-Achse: Tage, x-Achse: Diagnosegruppen</p>  |

|  |  |
|--|--|
|  | <p>Geliefert werden für alle Diagnosegruppen ("<b>bars</b>") jeweilige durchschnittliche Aufenthaltsdauern gemäß "<b>mean_length_of_stay</b>" ("<b>stacks</b>").</p> <p>Hinweis: Aufenthaltsdauern werden jeweils als <b>arithmetisches Mittel</b> unter Ausschluss 1-tägiger Aufenthalte als Dezimalzahl gerundet auf eine Nachkommastelle berechnet.</p>   |
| kira.kjp.timeline.diags. <b>occurrence</b> | <p>Kollektiv: siehe "Patient*Innen_KJP".</p> <p>Generiert für jeweils eine vom Benutzer ausgewählte Diagnosegruppe gemäß "<b>Diagnosen_KJP</b>" * ("<b>charts</b>") eine Zeitverlaufgraphik, die beginnend am Monat des Stichtags bis zum aktuellen Monat jeweils pro Monat ("<b>bars</b>") innerhalb einer Säule gestapelt zwei Werte ("<b>stacks</b>") darstellt: die <b>Anzahl der Fälle mit</b> mindestens einer Diagnose aus der Diagnosegruppe ("<b>in_group</b>"), und die Anzahl der Fälle, die <b>keine</b> Diagnose aus der Diagnosegruppe aufweisen ("<b>out_group</b>").</p> <p>*(oder der Gesamtheit aller Diagnosen)</p> <p>y-Achse: Anzahl Fälle, x-Achse: Monate</p> <p>Geliefert werden jeweilige Fallzahlen für alle Monate ("<b>bars</b>") und Diagnosegruppen ("<b>stacks</b>").</p> <p>Hinweis: Für die Zuordnung von Fällen zu Diagnosegruppen ist das Startdatum des Falls bestimmend, bei zusammengeführten Fällen ist das Startdatum des ersten Falls bestimmend. Ein Fall, der mehrere Diagnosen derselben Diagnosegruppe trägt, wird nur einmal pro Diagnosegruppe gezählt.</p> |

## b.) pädiatrische Erkrankungen / paediatric diseases.

| Itemnames RSV                             | Beschreibung  |
|---|---|
| kira.rsv.cumulative.diags. <b>zipcode</b> | <p>Kollektiv: Alle Pädiatrie-Patient*Innen.</p> <p><b>Postleitzahlen</b> für alle Pädiatrie-Patient*Innen mit den angeführten "Diagnosen_RSV", an denen diese <b>ansässig</b> sind, als aufsteigend sortierte Liste. Postleitzahlen können demnach mehrfach auftreten.</p> <p>Hinweis: Postleitzahlen werden wegen einer ggf. führend enthaltenen "0" nicht als Zahlenwert sondern als String (in Anführungszeichen) geführt. Patient*Innen aus dem Ausland werden als Missing("null") geführt.</p> |



|  |  |
|--|--|
| <p>kira.rsv.cumulative.diags.<b>age</b></p>          | <p>Kollektiv: Alle Pädiatrie-Patient*Innen.</p> <p>Generiert für die Gesamtheit aller Diagnosen gemäß "<b>Diagnosen_RSV</b>" ("<b>charts</b>") ein Säulendiagramm, welches die Altersverteilung gemäß "<b>Altersklassen_RSV</b>" ("<b>bars</b>") darstellt. Jede Säule ("<b>stacks</b>") zeigt die <b>Anzahl der Patient*Innen</b> in der jeweiligen Alterklasse.</p> <p>y-Achse: Anzahl Patient*innen, x-Achse: Altersklassen</p> <p>Geliefert werden für alle Alterklassen ("<b>bars</b>") die jeweilige Anzahl von Patient*innen kummuliert über alle Diagnosen ("<b>stacks</b>").</p>  |
| <p>kira.rsv.cumulative.diags.<b>gender</b></p>       | <p>Kollektiv: siehe "Patient*Innen_RSV".</p> <p>Generiert für alle Diagnosen gemäß "<b>Diagnosen_RSV</b>" ("<b>bars</b>") ein zusammenfassendes Säulendiagramm ("<b>charts</b>"), in welchem jede Säule die Geschlechterverteilung gemäß "<b>gender</b>" für die jeweilige Diagnose darstellt ("<b>stacks</b>").</p> <p>y-Achse: Anzahl Patient*innen, x-Achse: RSV-Diagnosen</p> <p>Geliefert werden für alle Diagnosen die Anzahl Patient*innen pro Geschlecht ("<b>stacks</b>").</p>  |
| <p>kira.rsv.cumulative.diags.<b>lengthofstay</b></p> | <p>Kollektiv: Alle Pädiatrie-Patient*Innen.</p> <p>Generiert ein Diagramm ("<b>charts</b>") zur Darstellung der <b>durchschnittlichen Aufenthaltsdauer</b> der Patient*Innen im Erhebungszeitraum. Jede Säule zeigt die Aufenthaltsdauer für die jeweilige Diagnose ("<b>bars</b>") gemäß "<b>Diagnosen_RSV</b>" ("<b>stacks</b>").</p> <p>y-Achse: Tage, x-Achse: Diagnosegruppen</p> <p>Geliefert werden für alle Diagnosen ("<b>bars</b>") jeweilige durchschnittliche Aufenthaltsdauern gemäß "mean_length_of_stay" ("<b>stacks</b>").</p> <p>Hinweis: Aufenthaltsdauern werden jeweils als <b>arithmetisches Mittel</b> unter Ausschluss 1-tägiger Aufenthalte als Dezimalzahl gerundet auf eine Nachkommastelle berechnet.</p> |
| <p>kira.rsv.timeline.diags.<b>occurrence</b></p>     | <p>Kollektiv: siehe "Patient*Innen_RSV".</p> <p>Generiert für die Gesamtheit aller Diagnosen gemäß "<b>Diagnosen_RSV</b>" * ("<b>charts</b>") eine Zeitverlaufgraphik, die beginnend mit dem Monat des Stichtag bis zum aktuellen Monat jeweils pro</p>  |



|  |   |
|--|---|
|  | <p>Monat ("<b>bars</b>") innerhalb einer Säule gestapelt die <b>Anzahlen der Patient*Innen</b> (als Ganzzahlen <math>\geq 0</math>) für alle Diagnosen gemäß "Diagnosen_RSV" zeigt ("<b>stacks</b>").</p> <p>y-Achse: Anzahl Patient*innen, x-Achse: Monate</p> <p>Geliefert werden jeweilige Anzahlen Patient*Innen für alle Monate ("<b>bars</b>") und Diagnosen ("<b>stacks</b>").</p> |
|--|---|

## JSON-Beispiele "Kiradar" Kinder-/Jugendpsychiatrie (KJP)

Die Werte folgender Beispiele sind willkürlich. Es werden generische itemtypes benutzt, nur die farblich hinterlegten Abschnitte sind mit den aktuellen Daten zu füllen.

```
{
  "provider": "UKB",
  "dashboard_dataset_version": "0.5.4",
  "exporttimestamp": 1588929963,
  "author": "Universitätsklinikum Bonn",
  "dataitems": [

    # Generischer Datentyp für eine nach Postleitzahlen des Bundesgebiets gegliederte geographische Karte
    # „charts“: Jeder Eintrag definiert ein Diagramm, hier 14 Diagramme für die Diagnosegruppen, bitte nicht ändern
    # "values": Listet auf erster Ebene ein Array für jede Diagnosegruppe gemäß "charts", und listet auf zweiter Ebene die Postleitzahlen der
    # Wohnorte von Patient*innen mit einem Fall innerhalb der Diagnosegruppe (auf drei führende Stellen gekürzt), siehe Definition
    # des Datenitems. Bitte die Datenstrukturen in "values" gemäß dieser Logik mit den Standortdaten füllen.

    {
      "itemname": "kira.kjp.cumulative.diags.zipcode",
      "itemtype": "chartlist",
      "data": {
        "charts": ["disorders-due-to-substance-use", "psychotic-disorders", "mood-disorders-periodic", "mood-disorders-non-
          periodic", "anxiety-disorders", "obsessive-compulsive-disorder", "stress-related-disorders", "eating-disorders",
          "intellectual-developmental-disorders", "specific-developmental-disorders", "autism-spectrum", "attention-deficit-
          hyperactivity-disorder", "conduct-disorders", "other-psychological-disorders"],
        "values": [
          ["531", "531", "531", "532", "532", "541", "542", "542"],
          ["531", "531", "531", "532", "532", "541", "542", "542"],
          ["531", "531", "531", "532", "532", "541", "542", "542"],
          ["531", "531", "531", "532", "532", "541", "542", "542"],
          ["531", "531", "531", "532", "532", "541", "542", "542"],
          ["531", "531", "531", "532", "532", "541", "542", "542"],
          ["531", "531", "531", "532", "532", "541", "542", "542"],
          ["531", "531", "531", "532", "532", "541", "542", "542"],
          ["531", "531", "531", "532", "532", "541", "542", "542"],
          ["531", "531", "531", "532", "532", "541", "542", "542"],
          ["531", "531", "531", "532", "532", "541", "542", "542"],
          ["531", "531", "531", "532", "532", "541", "542", "542"],
          ["531", "531", "531", "532", "532", "541", "542", "542"],
          ["531", "531", "531", "532", "532", "541", "542", "542"],
          ["531", "531", "531", "532", "532", "541", "542", "542"]
        ]
      }
    }
  ],
},
```

Seite 63 von 96

# Generischer Datentyp für gestapelte Säulendiagramme  
 # „charts“: Jeder Eintrag definiert ein Diagramm, hier 1 zusammenfassendes Diagramm für alle Diagnosegruppen, bitte nicht ändern  
 # "bars": Listet für jedes Diagramm gemäß "charts" Benennungen der Säulen, hier 14 Diagnoseklassen, bitte nicht ändern  
 # "stacks": Listet für jedes Diagramm gemäß "charts" Benennungen zu den gestapelten Säulen-Werten, hier 3 Werte für die Geschlechter, bitte nicht ändern  
 # "values": Listet auf erster Ebene ein Array für jede Diagnosegruppe gemäß "charts", und listet auf zweiter Ebene für jeden Eintrag gemäß "bars" die gestapelt in den Säulen gemäß "stacks" anzuzeigenden Werte (3 für die Geschlechter). Bitte die Datenstrukturen in "values" gemäß dieser Logik mit den Standortdaten füllen.

```
{
  "itemname": "kira.kjp.cumulative.diags.gender",
  "itemtype": "stackedbarcharts",
  "data": {
    "charts": ["kjp_diagnoses_all"],
    "bars": ["disorders-due-to-substance-use", "psychotic-disorders", "mood-disorders-periodic", "mood-disorders-non-periodic", "anxiety-disorders", "obsessive-compulsive-disorder", "stress-related-disorders", "eating-disorders", "intellectual-developmental-disorders", "specific-developmental-disorders", "autism-spectrum", "attention-deficit-hyperactivity-disorder", "conduct-disorders", "other-psychological-disorders"],
    "stacks": ["male", "female", "diverse"],
    "values": [
      [
        [3,5,0], [6,9,0], [7,6,0], [1,0,0], [8,4,0], [5,9,0], [5,6,0], [7,6,0], [10,0,0], [8,8,0], [5,9,0], [5,6,0],
        [2,1,0], [3,4,0]
      ]
    ]
  }
},
```

# Generischer Datentyp für gestapelte Säulendiagramme  
 # „charts“: Jeder Eintrag definiert ein Diagramm, hier 1 zusammenfassendes Diagramm für alle Diagnosegruppen, bitte nicht ändern  
 # "bars": Listet für jedes Diagramm gemäß "charts" Benennungen der Säulen, hier 14 Diagnoseklassen, bitte nicht ändern  
 # "stacks": Listet für jedes Diagramm gemäß "charts" Benennungen zu den gestapelten Säulen-Werten, hier 1 Werte für die Angabe der durchschnittlichen Aufenthaltsdauer, bitte nicht ändern  
 # "values": Listet auf erster Ebene ein Array für jede Diagnosegruppe gemäß "charts", und listet auf zweiter Ebene für jeden Eintrag gemäß "bars" die gestapelt in den Säulen gemäß "stacks" anzuzeigenden Werte (1). Bitte die Datenstrukturen in "values" gemäß dieser Logik mit den Standortdaten füllen.

```
{
  "itemname": "kira.kjp.cumulative.diags.lengthofstay",
  "itemtype": "stackedbarcharts",
  "data": {
    "charts": ["kjp_diagnoses_all"],
    "bars": ["disorders-due-to-substance-use", "psychotic-disorders", "mood-disorders-periodic", "mood-disorders-non-periodic", "anxiety-disorders", "obsessive-compulsive-disorder", "stress-related-disorders", "eating-disorders", "intellectual-developmental-disorders", "specific-developmental-disorders", "autism-spectrum", "attention-deficit-hyperactivity-disorder", "conduct-disorders", "other-psychological-disorders"],
    "stacks": ["mean_length_of_stay"],
    "values": [
      [
        [50], [69], [77], [72], [70], [64], [41], [50], [69], [77], [72], [70], [64], [41]
      ]
    ]
  }
},
```

# Generischer Datentyp für gestapelte Säulendiagramme (Säulen bilden einen Zeitverlauf ab)

# „charts“: Jeder Eintrag definiert ein Diagramm, hier 1 zusammenfassendes Diagramm für alle Diagnosegruppen, bitte nicht ändern

# "bars": Listet für jedes Diagramm gemäß "charts" Benennungen der Säulen, **bitte hier alle Monate in der Notation yyyy-mm beginnend vom Jan. 2020 bis zum Monat der aktuellen Datenlieferung listen.**

# "stacks": Listet für jedes Diagramm gemäß "charts" Benennungen zu den gestapelten Säulen-Werten, hier 14 Diagnosegruppen, bitte nicht ändern

# "values": Listet auf erster Ebene ein Array für jedes Diagramm "charts", und listet auf zweiter Ebene für jeden Eintrag gemäß "bars" die gestapelt in den Säulen gemäß "stacks" anzuzeigenden Werte (14 Diagnosegruppen). Bitte die Datenstrukturen in "values" gemäß dieser Logik mit den Standortdaten füllen.

```
{
  "itemname": "kira.kjp.timeline.diags.occurrence",
  "itemtype": "stackedbarcharts",
  "data": {
    "charts": ["kjp_diagnoses_all"],
    "bars": [{"2020-01", "2020-02", "2020-03", "2020-04", "2020-05", "2020-06"}],
    "stacks": [
      ["disorders-due-to-substance-use", "psychotic-disorders", "mood-disorders-periodic", "mood-disorders-non-periodic", "anxiety-disorders", "obsessive-compulsive-disorder", "stress-related-disorders", "eating-disorders", "intellectual-developmental-disorders", "specific-developmental-disorders", "autism-spectrum", "attention-deficit-hyperactivity-disorder", "conduct-disorders", "other-psychological-disorders"]
    ],
    "values": [
      [
        [5, 4, 0, 1, 5, 0, 0, 6, 3, 5, 9, 2, 6, 1],
        [5, 4, 0, 1, 5, 0, 0, 6, 3, 5, 9, 2, 6, 1],
        [5, 4, 0, 1, 5, 0, 0, 6, 3, 5, 9, 2, 6, 1],
        [5, 4, 0, 1, 5, 0, 0, 6, 3, 5, 9, 2, 6, 1],
        [5, 4, 0, 1, 5, 0, 0, 6, 3, 5, 9, 2, 6, 1],
        [5, 4, 0, 1, 5, 0, 0, 6, 3, 5, 9, 2, 6, 1]
      ]
    ]
  }
}
```

## JSON-Beispiele "Kiradar" Pädiatrie (RSV)

(Werte willkürlich)

```
{
  "provider": "UKB",
  "dashboard_dataset_version": "0.5.4",
  "exporttimestamp": 1588929963,
  "author": "Universitätsklinikum Bonn",
  "dataitems": [

    # Generischer Datentyp für eine nach Postleitzahlen des Bundesgebiets gegliederte geographische Karte
    # "values": Listet auf erster Ebene die Postleitzahlen der Wohnorte von Patient*innen(auf drei führende Stellen gekürzt, aufsteigend sortiert)
    # siehe Definition des Datenitems. Bitte die Datenstrukturen in "values" gemäß dieser Logik mit den Standortdaten füllen.
    {
      "itemname": "kira.rsv.cumulative.diags.zipcode",
      "itemtype": "chartlist",
      "data": {
        "charts": ["rsv_diagnoses_all"],
        "values": [
          ["531", "531", "531", "532", "532", "541", "542", "542"]
        ]
      }
    },

    # Generischer Datentyp für gestapelte Säulendiagramme
    # „charts“: Jeder Eintrag definiert ein Diagramm, hier 1 zusammenfassendes Diagramm für alle Diagnosen, bitte nicht ändern
    # "bars": Listet für jedes Diagramm gemäß "charts" Benennungen der Säulen, hier 7 Altersgruppen, bitte nicht ändern
    # "stacks": Listet für jedes Diagramm gemäß "charts" Benennungen zu den gestapelten Säulen-Werten, hier 4 Werte für die Diagnosen,
    # bitte nicht ändern
    # "values": Listet auf erster Ebene ein Array für jedes Diagramm gemäß "charts", und listet auf zweiter Ebene für jeden Eintrag gemäß
    # "bars" die gestapelt in den Säulen gemäß "stacks" anzuzeigenden Werte (für 4 Diagnosen). Bitte die Datenstrukturen in "values"
    # gemäß dieser Logik mit den Standortdaten füllen.
    {
      "itemname": "kira.rsv.cumulative.diags.age",
      "itemtype": "stackedbarcharts",
      "data": {
        "charts": ["rsv_diagnoses_all"],
        "bars": [
          ["age_rsv_0-3m", "age_rsv_4-5m", "age_rsv_6-11m", "age_rsv_12-23m",
            "age_rsv_24-35m", "age_rsv_3-5y", "age_rsv_6-17y"]
        ],
        "stacks": [
          ["rsv_acute_bronchitis", "rsv_acute_bronchiolitis", "rsv_pneumonia", "rsv_caused_disease"]
        ],
        "values": [
          [
            [1, 5, 0, 0],
            [10, 46, 5, 5],
            [84, 127, 3, 1],
            [260, 135, 2, 54],
            [208, 220, 1, 50],
            [201, 242, 1, 80],
            [199, 301, 1, 90]
          ]
        ]
      }
    }
  ]
}
```

# Generischer Datentyp für gestapelte Säulendiagramme  
 # „charts“: Jeder Eintrag definiert ein Diagramm, hier 1 zusammenfassendes Diagramm für alle Diagnosen, bitte nicht ändern  
 # „bars“: Listet für jedes Diagramm gemäß „charts“ Benennungen der Säulen, hier 4 Diagnosen, bitte nicht ändern  
 # „stacks“: Listet für jedes Diagramm gemäß „charts“ Benennungen zu den gestapelten Säulen-Werten, hier 3 Werte für die Geschlechter, bitte nicht ändern  
 # „values“: Listet auf erster Ebene ein Array für jedes Diagramm gemäß „charts“, und listet auf zweiter Ebene für jeden Eintrag gemäß „bars“ die gestapelt in den Säulen gemäß „stacks“ anzuzeigenden Werte (für 3 Geschlechter). Bitte die Datenstrukturen in „values“ gemäß dieser Logik mit den Standortdaten füllen.

```
{
  "itemname": "kira.rsv.cumulative.diags.gender",
  "itemtype": "stackedbarcharts",
  "data": {
    "charts": ["rsv_diagnoses_all"],
    "bars": [["rsv_acute_bronchitis", "rsv_acute_bronchiolitis", "rsv_pneumonia", "rsv_caused_disease"]],
    "stacks": ["male", "female", "diverse"],
    "values": [
      [[ 57766, 42966, 12 ], [ 2147, 4368, 0 ], [ 16258, 17074, 7 ], [ 950, 619, 0 ]]
    ]
  }
},
```

# Generischer Datentyp für gestapelte Säulendiagramme  
 # „charts“: Jeder Eintrag definiert ein Diagramm, hier 1 zusammenfassendes Diagramm für alle Diagnosen, bitte nicht ändern  
 # „bars“: Listet für jedes Diagramm gemäß „charts“ Benennungen der Säulen, hier 4 Diagnosen, bitte nicht ändern  
 # „stacks“: Listet für jedes Diagramm gemäß „charts“ Benennungen zu den gestapelten Säulen-Werten, hier 1 Werte für die Angabe der durchschnittlichen Aufenthaltsdauer, bitte nicht ändern  
 # „values“: Listet auf erster Ebene ein Array für jedes Diagramm gemäß „charts“, und listet auf zweiter Ebene für jeden Eintrag gemäß „bars“ die gestapelt in den Säulen gemäß „stacks“ anzuzeigenden Werte (für 1 Angabe der durchschnittlichen Aufenthaltsdauer). Bitte die Datenstrukturen in „values“ gemäß dieser Logik mit den Standortdaten füllen.

```
{
  "itemname": "kira.rsv.cumulative.diags.lengthofstay",
  "itemtype": "stackedbarcharts",
  "data": {
    "charts": ["rsv_diagnoses_all"],
    "bars": [["rsv_acute_bronchitis", "rsv_acute_bronchiolitis", "rsv_pneumonia", "rsv_caused_disease"]],
    "stacks": [["mean_length_of_stay"]],
    "values": [
      [[ 50 ], [ 69 ], [ 77 ], [ 72 ], [ 70 ], [ 64 ], [ 41 ]]
    ]
  }
},
```

# Generischer Datentyp für gestapelte Säulendiagramme (bilden einen Zeitverlauf ab)  
 # „charts“: Jeder Eintrag definiert ein Diagramm, hier 1 zusammenfassendes Diagramm für alle Diagnosegruppen, bitte nicht ändern  
 # „bars“: Listet für jedes Diagramm gemäß „charts“ Benennungen der Säulen, hier 6 Diagnoseklassen, bitte hier alle Monate in der Notation yyyy-mm beginnend vom Jan. 2020 bis zum Monat der aktuellen Datenlieferung listen.  
 # „stacks“: Listet für jedes Diagramm gemäß „charts“ Benennungen zu den gestapelten Säulen-Werten, hier 4 Diagnosen, bitte nicht ändern  
 # „values“: Listet auf erster Ebene ein Array für jedes Diagramm „charts“, und listet auf zweiter Ebene für jeden Eintrag gemäß „bars“ die gestapelt in den Säulen gemäß „stacks“ anzuzeigenden Werte (4 Diagnosen). Bitte die Datenstrukturen in „values“ gemäß dieser Logik mit den Standortdaten füllen.

```
{
  "itemname": "kira.rsv.timeline.diags.occurrence",
  "itemtype": "stackedbarcharts",
  "data": {
    "charts": ["rsv_diagnoses_all"],
    "bars": [["2020-01", "2020-02", "2020-03", "2020-04", "2020-05", "2020-06"]],
    "stacks": [["rsv_acute_bronchitis", "rsv_acute_bronchiolitis", "rsv_pneumonia", "rsv_caused_disease"]],
    "values": [
      [
        [5, 4, 0, 1, 5, 0, 0, 6, 3, 5, 9, 2, 6, 1],
        [5, 4, 0, 1, 5, 0, 0, 6, 3, 5, 9, 2, 6, 1],
        [5, 4, 0, 1, 5, 0, 0, 6, 3, 5, 9, 2, 6, 1],
        [5, 4, 0, 1, 5, 0, 0, 6, 3, 5, 9, 2, 6, 1],
        [5, 4, 0, 1, 5, 0, 0, 6, 3, 5, 9, 2, 6, 1],
        [5, 4, 0, 1, 5, 0, 0, 6, 3, 5, 9, 2, 6, 1]
      ]
    ]
  }
}
```



## Rubrik "Projekt-Dashboards"

Unter dieser Rubrik werden Projekte zusammenfassend geführt, deren Inhalte und Teilnehmer im weiteren beschrieben sind. Das erste hier realisierte Projekt ist ACRIBiS (Verbesserung der kardiovaskulären Risikoidentifizierung durch Synthese strukturierter klinischer Dokumentation und aus Biosignalen abgeleiteten Phänotypen) ein Medizininformatik-Use Case der MII

### Besondere Festlegungen

- Der Bereich umfasst Darstellungen, die auf der Grundlage von Datenlieferungen von Partner erstellt werden, die sich in definierten Dashboard-Projekten zusammengeschlossen haben.
- Darstellungen können öffentlich allen Dashboard-Nutzer zugänglich sein, oder sind eingeschränkt nach Authorisierung den teilnehmenden Standorten vorbehalten.

## 1. Projekt ACRIBIS (ACR)

### Parameter und Wertebereiche für Datenitems

- Die Auswertung beginnt ab dem Stichtag 01.10.2024
- Alle Patient\*innen haben das ACRIBiS MII-BC-Ergänzungsmodul unterzeichnet

| Parameter                | Wertebereich und Beschreibung   |
|--------------------------|---|
| <b>Lieferanten</b>       |   |
| acr_provider             | Charité Universitätsmedizin Berlin<br>Medizinische Hochschule Hannover<br>Medizinische Universität Lausitz-Carl Thiem<br>Universitätsklinikum Augsburg<br>Universitätsklinikum Bonn<br>Universitätsklinikum Carl Gustav Carus Dresden<br>Universitätsmedizin der Johannes Gutenberg-Universität Mainz<br>Universitätsklinikum Essen<br>Universitätsklinikum Freiburg<br>Universitätsmedizin Göttingen<br>Universitätsklinikum Heidelberg<br>Universitätsklinikum Leipzig<br>Universitätsklinikum Münster<br>Universitätsklinikum Schleswig-Holstein<br>Universitätsklinikum Technische Universität München<br>Universitätsklinikum Ulm<br>Universitätsklinikum Würzburg<br>CHARITE<br>MHH<br>MUL-CT<br>UKAU<br>UKB<br>UKDD<br>UM<br>UME<br>UKFR<br>UMG<br>UKHD<br>UKL<br>UKM<br>UKSH<br>TUM<br>UKU<br>UKW |
| <b>Rekrutierung</b>      |   |
| acr_recruitment_consent  | "ACRIBiS MII-BC" / "ACRIBiS MII-BC"<br>Die Gruppe der Patient*innen, die das ACRIBiS MII-BC-Ergänzungsmodul unterzeichnet haben.  |
| acr_recruitment_followup | "Nachfolgeuntersuchung" / "Follow-up"<br>Die Gruppe der Patient*innen, die das ACRIBiS MII-BC-Ergänzungsmodul unterzeichnet haben, und bei denen folgend auf die Aufnahmeuntersuchung nach 12 Monaten oder später eine Nachfolgeuntersuchung erfolgte.  |

| Kohorten      |   |
|---------------|---|
| acr_cohort_1  | <p><b>"Kohorte 1" / "Cohort 1"</b><br/>(Barcelona-Bio-HF 3.0 Score)</p> <p>Die Gruppe der Patient*innen, die das ACRIBiS MII-BC-Ergänzungsmodul unterzeichnet haben, die die allgemeinen Ein- und Ausschlusskriterien erfüllen und die folgende <u>Entlassdiagnosen</u> aufweisen bzw. nicht besitzen.</p> <p><b>Einschluss:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Alter: ≥18 Jahre</li> <li>• Chronische Herzinsuffizienz (<b>ICD: I50</b>) gemäß der European Society of Cardiology-Leitlinie</li> </ul> <p><b>Ausschluss:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Angeborene Fehlbildungen des Herzens</li> <li>• Kardiogener Schock (<b>ICD: R57.0</b>),</li> <li>• Mitralklappenstenose (<b>ICD: I05.0, I05.2</b>),</li> <li>• Angeborene Fehlbildung der Aorten- und der Mitralklappe (<b>ICD: Q23</b>),</li> <li>• Angeborene Fehlbildungen der Herzhöhlen und verbindender Strukturen (<b>ICD: Q20</b>),</li> <li>• Angeborene Fehlbildungen der Herzsepten (<b>ICD: Q21</b>),</li> <li>• Angeborene Fehlbildungen der Pulmonal- und der Trikuspidalklappe (<b>ICD: Q22</b>),</li> <li>• Sonstige angeborene Fehlbildungen des Herzens (<b>ICD: Q24</b>)</li> </ul> |
| acr_cohort_k2 | <p><b>"Kohorte 2" / "Cohort 2"</b><br/>(CHA<sub>2</sub>DS<sub>2</sub>VAScore)</p> <p>Die Gruppe der Patient*innen, die das ACRIBiS MII-BC-Ergänzungsmodul unterzeichnet haben, die die allgemeinen Ein- und Ausschlusskriterien erfüllen und die folgende <u>Entlassdiagnosen</u> aufweisen bzw. nicht besitzen.</p> <p><b>Einschluss:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Alter: ≥18 Jahre</li> <li>• Dokumentiertes Vorhofflimmern (<b>ICD: I48</b>) (EKG oder Holter Aufnahmen) innerhalb der letzten 12 Monate (oder bei <b>Index-Hospitalisierung</b> ???)</li> </ul> <p><b>Ausschluss:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Angeborene Fehlbildungen des Herzens</li> </ul>  |
| acr_cohort_k3 | <p><b>"Kohorte 3" / "Cohort 3"</b><br/>(SMART-Score)</p> <p>Die Gruppe der Patient*innen, die das ACRIBiS MII-BC-Ergänzungsmodul unterzeichnet haben, die die allgemeinen Ein- und Ausschlusskriterien erfüllen und die folgende <u>Entlassdiagnosen</u> aufweisen bzw. nicht besitzen.</p> <p><b>Einschluss:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Alter: ≥18 Jahre</li> </ul>  |

|                            |  |
|----------------------------|--|
|                            | <ul style="list-style-type: none"> <li>• Akuter Myokardinfarkt (<b>ICD: I21</b>),</li> <li>• Akutes Koronarsyndrom (<b>ICD: I24</b>),</li> <li>• Koronare und arterielle Revaskularisierung (Bypassoperation (<b>OPS: 5-361, 5-362</b>), Gefäßangioplastie (<b>OPS: 8-836.0, 8-36.1, 836.2</b>)),</li> <li>• Nachgewiesene Arteriosklerose in der Bildgebung (Koronarangiografie (<b>OPS: 1-275</b>), arterieller Ultraschall),</li> <li>• Schlaganfall (<b>ICD: I63</b>),</li> <li>• TIA (<b>ICD: G45.9</b>),</li> <li>• Aortenaneurysma (<b>ICD: I71</b>),</li> <li>• Periphere arterielle Verschlusskrankheit (<b>ICD: I70.2</b>)</li> </ul> <p><b>Ausschluss:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Angeborene Fehlbildungen des Herzens</li> </ul> |
| <b>Diagramme</b>           |  |
| acr_project                | <b>"Projekt ACRIBiS" / "Project ACRIBiS"</b>   |
| acr_all_cohorts            | <b>"Alle ACRIBiS Kohorten" / "All cohorts defined for ACRIBiS"</b><br>Gesamtheit aller für ACRIBiS definierten Kohorten  |
| <b>Messwerte</b>           |  |
| acr_number_patients        | <b>"Anzahl Patient*innen" / "Number of patients"</b>   |
| acr_number_patients_cohort | <b>"Anzahl Patient*innen Kohorte" / "Number of patients cohort"</b><br>Anzahl der Patient*innen, die die Ein- und Ausschlusskriterien der jeweiligen Kohorte erfüllen  |

## Definition Datenitems

### Vorbemerkungen

#### Sichtbarkeit von Datenitems

- Die Datenitems "acr.current.recruitment" und "acr.timeline.recruitment" sind in der der öffentlichen Ansicht des Dashboards sichtbar. Alle anderen Datenitem sind ausschließlich den Projektpartnern gemäß "acr\_provider" vorbehalten.
- Mit einer Standort-Anmeldung am Dashboard erhalten die Projektpartner gemäß "acr\_provider" Zugriff auf die eigene Drilldown-Standortansicht und die aller Projektpartner.

#### Zählung von Patient:innen

- Patient\*innen werden in verschiedenen Kohorten gemäß "Patient\*Innen\_ACR" ggf. mehrfach gezählt, wenn sie die Ein- und Ausschlusskriterien mehrerer Kohorten erfüllen. Innerhalb einer Kohorte werden Patient:innen maximal einmal gezählt.

| Datenitems               | Beschreibung   |
|--------------------------|--|
| acr.current.recruitment  | <p>Kollektiv: Patient*innen, die mindestens der Datennutzungs- und Recontacting-Option des MII Broad Consent sowie dem ACRIBiS MII-BC-Ergänzungsmodul – Option Follow up - zugestimmt haben</p> <p>Es werden die aktuelle Anzahl rekrutierter Patient*innen (gemäß "acr_recruitment_consent") und die aktuelle Anzahl rekrutierter Patient*innen mit dokumentierter Followup-Untersuchung (gemäß "acr_recruitment_followup") als Ganzzahlen <math>\geq 0</math> angegeben.</p>   |
| acr.timeline.recruitment | <p>Kollektiv: Patient*innen, die mindestens der Datennutzungs- und Recontacting-Option des MII Broad Consent sowie dem ACRIBiS MII-BC-Ergänzungsmodul – Option Follow up - zugestimmt haben</p> <p>Für jeden Wert in der Datumsfolge "date" werden (gemäß "acr_recruitment_status") jeweils die aktuelle Anzahl rekrutierter Patient*innen (gemäß "acr_recruitment_consent") und die aktuelle Anzahl rekrutierter Patient*innen mit dokumentierter Followup-Untersuchung (gemäß "acr_recruitment_followup") als Ganzzahlen <math>\geq 0</math> angegeben.</p> <p>Die Datums-Folge "date" umfasst alle Kalendertage seit Auswertungsbeginn bis zum Vortag der Lieferung (inkl.) umfassen.</p> |

|  |   |
|--|---|
| <p>acr.current.dischargediams.kohorts</p>  | <p>Kollektiv: Patient*innen, die Teil einer Kohorte (gemäß "Kohorten") sind.</p> <p>Für alle <b>Kohorten</b> gemäß "Kohorten" werden die <b>Anzahlen</b> (Ganzzahlen <math>\geq 0</math>) der Patient:innen angegeben, für die am aktuellen Kalendertag zum Zeitpunkt der Datenausleitung eine Kombination von Entlassdiagnosen dokumentiert ist, welche laut Entlassdokumentation die Ein- und Ausschlusskriterien der jeweiligen Kohorte vollständig erfüllt.</p> <p>Patient:innen können für mehrere Kohorten gezählt werden, für eine Kohorte jedoch maximal einmal.</p>  |
| <p>acr.timeline.dischargediams.kohorts</p> | <p>Kollektiv: Patient*innen, die Teil einer Kohorte (gemäß "Kohorten") sind.</p> <p>Für alle <b>Kohorten</b> gemäß "Kohorten" werden die <b>Anzahlen</b> (Ganzzahlen <math>\geq 0</math>) der Patient:innen angegeben, für die jeweils an den in der Datums-Folge "date" gelisteten Kalendertagen zum Zeitpunkt der Datenausleitung eine Kombination von Entlassdiagnosen dokumentiert ist, welche laut Entlassdokumentation die Ein- und Ausschlusskriterien der jeweiligen Kohorten vollständig erfüllen.</p> <p>Patient:innen können für mehrere Kohorten gezählt werden, für eine Kohorte jedoch maximal einmal.</p> <p>Die Datums-Folge "date" umfasst alle Kalendertage seit Auswertungsbeginn bis zum Vortag der Lieferung (inkl.) umfassen.</p> |

## JSON-Beispiele

Die Werte folgender Beispiele sind willkürlich. Es werden generische Itemtypes benutzt, nur die farblich hinterlegten Abschnitte sind mit den aktuellen Daten zu füllen.

```
{
  "provider": "UKB",
  "dashboard_dataset_version": "0.5.4",
  "exporttimestamp": 1588929963,
  "author": "Universitätsklinikum Bonn",
  "dataitems": [
    # Generischer Datentyp für gestapelte Säulendiagramme
    # „charts“: Jeder Eintrag definiert ein Diagramm, hier 1 zusammenfassendes Diagramm für das Projekt ACRIBiS, bitte nicht ändern
    # "bars": Listet für jedes Diagramm gemäß "charts" Benennungen der Säulen, hier 2 Angaben zum Rekrutierungsstatus, bitte nicht ändern
    # "stacks": Listet für jedes Diagramm gemäß "charts" Benennungen zu den gestapelten Säulen-Werten, hier 1 Wert für die Gesamtzahl jeweiliger Patient*innen, bitte nicht ändern
    # "values": Listet auf erster Ebene ein Array für jede Diagnosegruppe gemäß "charts", und listet auf zweiter Ebene für jeden Eintrag gemäß "bars" die gestapelt in den Säulen gemäß "stacks" anzuzeigenden Werte. Bitte die Datenstrukturen in "values" gemäß dieser Logik mit den Standortdaten füllen.
    {
      "itemname": "acr.current.recruitment",
      "itemtype": "stackedbarcharts",
      "data": {
        "charts": ["acr_project"],
        "bars": [["acr_recruitment_consent", "acr_recruitment_followup"]],
        "stacks": [["acr_number_patients"]],
        "values": [
          [
            143, 5
          ]
        ]
      }
    },
    # Generischer Datentyp für Zeitverläufe
    # "acr_recruitment_consent": Ein Array gleicher Länge wie "date" bestehend aus einer Abfolge von Ganzzahlen, die für jeweiligen (gleicher Index im Array) Messzeitpunkt in "date" (Tag) den zugehörigen Messwert (Anzahl Patient*innen) angibt.
    # "acr_recruitment_followup": Ein Array gleicher Länge wie "date" bestehend aus einer Abfolge von Ganzzahlen, die für jeweiligen (gleicher Index im Array) Messzeitpunkt in "date" (Tag) den zugehörigen Messwert (Anzahl Patient*innen) angibt.
    # "date": Ein Array bestehend aus einer Abfolge von Ganzzahlen, die für jeden Tag ab dem Stichtag ununterbrochen bis zum aktuellen Datum einen Messzeitpunkt (als unix-time-stamps) angibt. Messzeitpunkte können innerhalb eines Tages beliebig liegen.
    # Bitte die Arrays in "values" und "date" gemäß dieser Logik mit den Standortdaten füllen.
    {
      "itemname": "acr.timeline.recruitment",
      "itemtype": "list",
      "data": {
        "acr_recruitment_consent": [38,71,109,143],
        "acr_recruitment_followup": [3,3,20,43],
        "date": [1588291200,1588377600,1588464000,1588567000]
      }
    },
    # Generischer Datentyp für gestapelte Säulendiagramme
    # „charts“: Jeder Eintrag definiert ein Diagramm, hier 1 zusammenfassendes Diagramm für alle Diagnosegruppen, bitte nicht ändern
    # "bars": Listet für jedes Diagramm gemäß "charts" Benennungen der Säulen, hier 3 Kohortendefinitionen, bitte nicht ändern
  ]
}
```

# "stacks": Listet für jedes Diagramm gemäß "charts" Benennungen zu den gestapelten Säulen-Werten, hier 1 Wert für die Gesamtzahl der Patient\*innen zur jeweiligen Kohorte, bitte nicht ändern  
 # "values": Listet auf erster Ebene ein Array für jede Diagnosegruppe gemäß "charts", und listet auf zweiter Ebene für jeden Eintrag gemäß "bars" die gestapelt in den Säulen gemäß "stacks" anzuzeigenden Werte (1 Gesamtzahl von Patient\*innen zur jeweiligen Kohorte). Bitte die Datenstrukturen in "values" gemäß dieser Logik mit den Standortdaten füllen.

```
{
  "itemname": "acr.current.dischargediahs.cohorts",
  "itemtype": "stackedbarcharts",
  "data": {
    "charts": ["acr_all_cohorts"],
    "bars": [["acr_cohort_k1", "acr_cohort_k2", "acr_cohort_k3"]],
    "stacks": [["acr_number_patients_cohort"]],
    "values": [
      [
        [45], [50], [48]
      ]
    ]
  }
},
# Generischer Datentyp für Zeitverläufe
# "date": Ein Array bestehend aus einer Abfolge von Ganzzahlen, die für jeden Tag ab dem Stichtag ununterbrochen bis zum
aktuellen Datum einen Messzeitpunkt (als unix-time-stamps) angibt. Messzeitpunkte können innerhalb eines Tages beliebig
liegen.
# "acr_cohort_k1", "acr_cohort_k2", "acr_cohort_k3": Drei Arrays gleicher Länge wie "date" bestehend aus einer Abfolge von
Ganzzahlen, die für jeweiligen (gleicher Index im Array) Messzeitpunkt in "date" (Tag) den zugehörigen Messwert (Anzahl
Patient*innen zur jeweiligen Kohorte) angibt.
# Bitte die Arrays in "values" und "date" gemäß dieser Logik mit den Standortdaten füllen.
{
  "itemname": "acr.timeline.dischargediahs.cohorts",
  "itemtype": "list",
  "data": {
    "acr_cohort_k1": [12,23,34,45],
    "acr_cohort_k2": [10,20,39,50],
    "acr_cohort_k3": [16,28,36,48],
    "date": [1588291200,1588377600,1588464000,1588567000]
  }
}
]
```

## Templates

### JSON-Templates öffentliche Dataitems "Covid-19"

```
{
  "provider": "",
  "dashboard_dataset_version": "0.5.4",
  "exporttimestamp": 0,
  "author": "",
  "dataitems": [
    {
      "itemname": "current.treatmentlevel",
      "itemtype": "aggregated",
      "data": {
        "Outpatient": 0,
        "Normal_ward": 0,
        "ICU": 0,
        "ICU_with_ventilation": 0,
        "ICU_with_ecmo": 0,
        "ICU_undifferentiated": 0
      }
    },
    {
      "itemname": "current.maxtreatmentlevel",
      "itemtype": "aggregated",
      "data": {
        "Outpatient": 0,
        "Normal_ward": 0,
        "ICU": 0,
        "ICU_with_ventilation": 0,
        "ICU_with_ecmo": 0,
        "ICU_undifferentiated": 0
      }
    },
    {
      "itemname": "cumulative.results",
      "itemtype": "aggregated",
      "data": {
        "Positive": 0,
        "Borderline_suspected": 0,
        "Negative": 0
      }
    },
    {
      "itemname": "cumulative.gender",
      "itemtype": "aggregated",
      "data": {
        "Male": 0,
        "Female": 0,
        "Diverse": 0
      }
    }
  ]
}
```



```

    }
  },
  {
    "itemname": "cumulative.age",
    "itemtype": "list",
    "data":
    [0, "...", 20, "...", 25, "...", 30, "...", 35, "...", 40, "...", 45, "...", 50, "...", 55, "...", 60, "...", 65, "...", 70, "...", 7
    5, "...", 80, "...", 85, "...", 90, "..."]
  },
  {
    "itemname": "cumulative.maxtreatmentlevel",
    "itemtype": "aggregated",
    "data": {
      "Outpatient": 0,
      "Normal_ward": 0,
      "ICU": 0,
      "ICU_with_ventilation": 0,
      "ICU_with_ecmo": 0,
      "ICU_undifferentiated": 0
    }
  },
  {
    "itemname": "cumulative.zipcode",
    "itemtype": "list",
    "data": ["00000", "...", "99999", "null", "...", "null"]
  },
  {
    "itemname": "timeline.tests",
    "itemtype": "list",
    "data": {
      "date": [1580079600, "..."],
      "value": [0, "..."]
    }
  },
  {
    "itemname": "timeline.test.positive",
    "itemtype": "list",
    "data": {
      "date": [1580079600, "..."],
      "value": [0, "..."]
    }
  },
  {
    "itemname": "timeline.maxtreatmentlevel",
    "itemtype": "list",
    "data": {
      "Outpatient": [0, "..."],
      "Normal_ward": [0, "..."],
      "ICU": [0, "..."],
      "ICU_with_ventilation": [0, "..."],
      "ICU_with_ecmo": [0, "..."],

```

```

        "ICU_undifferentiated": [0,"..."],
        "date": [1580079600,"..."]
    },
    {
        "comment": "Die Templates zur Erfassung der Lebensalter current und cumulative von Patient*innen mit maximalem Versorgungsniveau outpatient, normal_ward, icu_undifferentiated, icu, icu_with_ventilation, icu_with_ecmo sind alle analog wie folgt aufgebaut:"},
        {
            "itemname": "current.age.maxtreatmentlevel.outpatient",
            "itemtype": "list",
            "data": [0,0,"..."]
        },
        {
            "itemname": "current.age.maxtreatmentlevel.normal_ward" },
        {
            "itemname": "current.age.maxtreatmentlevel.icu" },
        {
            "itemname": "current.age.maxtreatmentlevel.icu_with_ventilation" },
        {
            "itemname": "current.age.maxtreatmentlevel.icu_with_ecmo" },
        {
            "itemname": "current.age.maxtreatmentlevel.icu_undifferentiated" },
        {
            "itemname": "cumulative.age.maxtreatmentlevel.outpatient" },
        {
            "itemname": "cumulative.age.maxtreatmentlevel.normal_ward" },
        {
            "itemname": "cumulative.age.maxtreatmentlevel.icu" },
        {
            "itemname": "cumulative.age.maxtreatmentlevel.icu_with_ventilation" },
        {
            "itemname": "cumulative.age.maxtreatmentlevel.icu_with_ecmo" },
        {
            "itemname": "cumulative.age.maxtreatmentlevel.icu_undifferentiated" },

        {
            "itemname": "cumulative.inpatient.gender",
            "itemtype": "aggregated",
            "data": {
                "Male": 0,
                "Female": 0,
                "Diverse": 0
            }
        },
        {
            "itemname": "cumulative.outpatient.age",
            "itemtype": "list",
            "data":
            [0,"...",20,"...",25,"...",30,"...",35,"...",40,"...",45,"...",50,"...",55,"...",60,"...",65,"...",70,"...",75,"...",80,"...",85,"...",90,"..."]
        },
        {
            "itemname": "cumulative.outpatientgp.age",
            "itemtype": "list",
            "data":
            [0,"...",20,"...",25,"...",30,"...",35,"...",40,"...",45,"...",50,"...",55,"...",60,"...",65,"...",70,"...",75,"...",80,"...",85,"...",90,"..."]
        },
    },
    {

```

```

    "itemname": "cumulative.outpatient.gender",
    "itemtype": "aggregated",
    "data": {
        "Male": 0,
        "Female": 0,
        "Diverse": 0
    }
},
{
    "itemname": "cumulative.outpatientgp.gender",
    "itemtype": "aggregated",
    "data": {
        "Male": 0,
        "Female": 0,
        "Diverse": 0
    }
},
{
    "itemname": "cumulative.inpatient.age",
    "itemtype": "list",
    "data": [
        0, "...", 20, "...", 25, "...", 30, "...", 35, "...", 40, "...", 45, "...", 50, "...", 55, "...", 60, "...", 65, "...", 70, "...", 75, "...", 80, "...", 85, "...", 90, "..."]
    ]
},
{
    "itemname": "timeline.deaths",
    "itemtype": "list",
    "data": {
        "date": [1580079600, "..."],
        "value": [0, "..."]
    }
},
{
    "itemname": "cumulative.lengthofstay.hospital",
    "itemtype": "list",
    "data": [0, "..."]
},
{
    "itemname": "cumulative.lengthofstay.hospital.alive",
    "itemtype": "list",
    "data": [0, "..."]
},
{
    "itemname": "cumulative.lengthofstay.hospital.dead",
    "itemtype": "list",
    "data": [0, "..."]
},
{
    "itemname": "cumulative.lengthofstay.icu",
    "itemtype": "list",
    "data": [0, "..."]
}

```

```

},
{
  "itemname": "cumulative.lengthofstay.icu.alive",
  "itemtype": "list",
  "data": [0, "..."]
},
{
  "itemname": "cumulative.lengthofstay.icu.dead",
  "itemtype": "list",
  "data": [0, "..."]
},

```

{ "comment": "Die Templates zur Erfassung des Immunstatus **cumulative** und **timeline** von Patient\*innen mit maximalem Versorgungsniveau **outpatient**, **outpatientgp**, **normal\_ward**, **icu\_undifferentiated**, **icu**, **icu\_with\_ventilation**, **icu\_with\_ecmo** sind alle analog wie folgt aufgebaut:" },

```

{
  "itemname": "cumulative.immunestatus.outpatient",
  "itemtype": "aggregated",
  "data": {
    "Complete": 0,
    "Incomplete": 0,
    "None": 0,
    "Unknown": 0
  }
},
{
  "itemname": "cumulative.age.maxtreatmentlevel.outpatientgp" },
{
  "itemname": "current.age.immunestatus.normal_ward" },
{
  "itemname": "current.age.immunestatus.icu" },
{
  "itemname": "current.age.immunestatus.icu_with_ventilation" },
{
  "itemname": "current.age.immunestatus.icu_with_ecmo" },
{
  "itemname": "current.age.immunestatus.icu_undifferentiated" },
{
  "itemname": "timeline.immunestatus.outpatient",
  "itemtype": "aggregated",
  "data": {
    "Complete": [0, "..."],
    "Incomplete": [0, "..."],
    "None": [0, "..."],
    "Unknown": [0, "..."],
    "date": [1580079600, "..."]
  }
},
{
  "itemname": "timeline.age.immunestatus.outpatientgp" },
{
  "itemname": "timeline.age.immunestatus.normal_ward" },
{
  "itemname": "timeline.age.immunestatus.icu" },
{
  "itemname": "timeline.age.immunestatus.icu_with_ventilation" },
{
  "itemname": "timeline.age.immunestatus.icu_with_ecmo" },
{
  "itemname": "timeline.age.immunestatus.icu_undifferentiated" },

```

```
{
  "itemname": "cumulative.varianttestresults",
  "itemtype": "aggregated",
  "data": {
    "Alpha": 0,
    "Beta": 0,
    "Gamma": 0,
    "Delta": 0,
    "Omikron": 0,
    "OtherVOC": 0,
    "NonVOC": 0
  }
},
{
  "itemname": "timeline.varianttestresults",
  "itemtype": "list",
  "data": {
    "Alpha": [0, "..."],
    "Beta": [0, "..."],
    "Gamma": [0, "..."],
    "Delta": [0, "..."],
    "Omikron": [0, "..."],
    "OtherVOC": [0, "..."],
    "NonVOC": [0, "..."],
    "Unknown": [0, "..."],
    "Negative": [0, "..."],
    "date": [1580079600, "..."]
  }
},
{
  "itemname": "current.wardsvisited",
  "itemtype": "statsmean",
  "data": {
    "Mean": 0,
    "Standard_dev": 0,
    "Sample_size": 0
  }
},
{
  "itemname": "current.nosocomialcases.possible",
  "itemtype": "statsmean",
  "data": {
    "Mean": 0,
    "Standard_dev": 0,
    "Sample_size": 0
  }
},
{
  "itemname": "current.nosocomialcases.probable",
  "itemtype": "statsmean",
```

```

    "data": {
      "Mean": 0,
      "Standard_dev": 0,
      "Sample_size": 0
    }
  },
  {
    "itemname": "current.predictivediseases",
    "itemtype": "aggregated",
    "data": {
      "No_finding": 0,
      "Single_finding": 0,
      "Multiple_findings": 0
    }
  },
  {
    "itemname": "timeline.predictivediseases",
    "itemtype": "list",
    "data": {
      "No_finding": [0, "..."],
      "Single_finding": [0, "..."],
      "Multiple_findings": [0, "..."],
      "date": [1580079600, "..."]
    }
  },
  {
    "itemname": "current.causehospitalization",
    "itemtype": "aggregated",
    "data": {
      "Comorbidity": 0,
      "Unclear": 0,
      "Causative": 0
    }
  },
  {
    "itemname": "timeline.causehospitalization",
    "itemtype": "list",
    "data": {
      "Comorbidity": [0, "..."],
      "Unclear": [0, "..."],
      "Causative": [0, "..."],
      "date": [1580079600, "..."]}
  },
  {
    "itemname": "current.rbmortalityrisk",
    "itemtype": "list",
    "data": {
      "Mortality_risk": [0, "..."]
    }
  },

```

```
{
  "itemname": "timeline.rbmortalityrisk",
  "itemtype": "listnestedarrays",
  "data": {"date": [1580079600,"..."],
    "Mortality_risk": [ [0,"..."], "...", [0,"..."] ],
    "Patient_deceased": [0,"..."]
  }
},
{
  "itemname": "cumulative.rbmortalityrisk.roc",
  "itemtype": "listtupel",
  "data": {
    "Rbmortalityrisk_roc": [ [0,0], "...", [0,0] ]
  }
},
{
  "itemname": "current.renalreplacementrisk",
  "itemtype": "list",
  "data": {
    "Renalreplacement_risk": [0,"..."]
  }
},
{
  "itemname": "timeline.renalreplacementrisk",
  "itemtype": "listnestedarrays",
  "data": {"date": [1580079600,"..."],
    "Renalreplacement_risk": [ [0,"..."], "...", [0,"..."] ],
    "Renalreplacement_therapy": [0,"..."]
  }
},
{
  "itemname": "cumulative.renalreplacementrisk.roc",
  "itemtype": "listtupel",
  "data": {
    "Renalreplacementrisk_roc": [ [0,0], "...", [0,0] ]
  }
},
{
  "itemname": "timeline.icubedoccupancy",
  "itemtype": "listprediction",
  "data": {
    "ICU_beds_occupancy": [0,"..."],
    "Last_lower": [0,"..."],
    "Last_upper": [0,"..."],
    "date": [1580079600,"..."]}
  }
}
]
```

## JSON-Templates nicht-öffentliche Dataitems "Covid-19"

```
{
  "provider": "",
  "dashboard_dataset_version": "0.5.4",
  "exporttimestamp": 0,
  "author": "",
  "dataitems": [
    {
      "itemname": "current.treatmentlevel.crosstab",
      "itemtype": "aggregated",
      "data": {
        "state": [
          "0000",
          "0100",
          "0110",
          "0111",
          "1000",
          "1100",
          "1110",
          "1111"
        ],
        "columnname": [
          "Stadt in welcher die Uniklinik ansässig ist",
          "ICU",
          "ICU_with_ventilation",
          "ICU_with_ECMO"
        ],
        "value": [0,0,0,0,0,0,0,0]
      }
    }
  ]
}
```



## JSON-Templates "Influenza"

```
{
  "provider": "",
  "dashboard_dataset_version": "0.5.4",
  "exporttimestamp": 0,
  "author": "",
  "dataitems": [
    {
      "itemname": "infl.current.treatmentlevel",
      "itemtype": "aggregated",
      "data": {
        "Outpatient": 0,
        "Normal_ward": 0,
        "ICU": 0,
        "ICU_with_ventilation": 0,
        "ICU_with_ecmo": 0,
        "ICU_undifferentiated": 0
      }
    },
    {
      "itemname": "infl.current.maxtreatmentlevel",
      "itemtype": "aggregated",
      "data": {
        "Outpatient": 0,
        "Normal_ward": 0,
        "ICU": 0,
        "ICU_with_ventilation": 0,
        "ICU_with_ecmo": 0,
        "ICU_undifferentiated": 0
      }
    },
    {
      "itemname": "infl.cumulative.results",
      "itemtype": "aggregated",
      "data": {
        "Positive": 0,
        "Suspected": 0,
        "Negative": 0
      }
    },
    {
      "itemname": "infl.cumulative.gender",
      "itemtype": "aggregated",
      "data": {
        "Male": 0,
        "Female": 0,
        "Diverse": 0
      }
    }
  ],
}
```

```
{
  "itemname": "infl.cumulative.age",
  "itemtype": "list",
  "data":
  [0,"...",20,"...",25,"...",30,"...",35,"...",40,"...",45,"...",50,"...",55,"...",60,"...",65,"...",70,"...",7
  5,"...",80,"...",85,"...",90,"..."]
},
{
  "itemname": "infl.cumulative.maxtreatmentlevel",
  "itemtype": "aggregated",
  "data": {
    "Outpatient": 0,
    "Normal_ward": 0,
    "ICU": 0,
    "ICU_with_ventilation": 0,
    "ICU_with_ecmo": 0,
    "ICU_undifferentiated": 0
  }
},
{
  "itemname": "infl.cumulative.zipcode",
  "itemtype": "list",
  "data": ["00000","...", "99999","null","...", "null"]
},
{
  "itemname": "infl.timeline.tests",
  "itemtype": "list",
  "data": {
    "date": [1580079600,"..."],
    "value": [0,"..."]}
},
{
  "itemname": "infl.timeline.test.positive",
  "itemtype": "list",
  "data": {
    "date": [1580079600,"..."],
    "value": [0,"..."]
  }
},
{
  "itemname": "infl.timeline.maxtreatmentlevel",
  "itemtype": "list",
  "data": {
    "Outpatient": [0,"..."],
    "Normal_ward": [0,"..."],
    "ICU": [0,"..."],
    "ICU_with_ventilation": [0,"..."],
    "ICU_with_ecmo": [0,"..."],
    "ICU_undifferentiated": [0,"..."],
    "date": [1580079600,"..."]
  }
}
```

```

    }
  },
  {
    "comment": "Die Templates zur Erfassung der Lebensalter current und cumulative von Patient*innen mit maximalem Versorgungsniveau outpatient, normal_ward, icu_undifferentiated, icu, icu_with_ventilation, icu_with_ecmo sind alle analog wie folgt aufgebaut:",
    {
      "itemname": "infl.current.age.maxtreatmentlevel.outpatient",
      "itemtype": "list",
      "data": [0,0,"..."]
    },
    {
      "itemname": "infl.current.age.maxtreatmentlevel.normal_ward" },
    {
      "itemname": "infl.current.age.maxtreatmentlevel.icu" },
    {
      "itemname": "infl.current.age.maxtreatmentlevel.icu_with_ventilation" },
    {
      "itemname": "infl.current.age.maxtreatmentlevel.icu_with_ecmo" },
    {
      "itemname": "infl.current.age.maxtreatmentlevel.icu_undifferentiated" },
    {
      "itemname": "infl.cumulative.age.maxtreatmentlevel.outpatient" },
    {
      "itemname": "infl.cumulative.age.maxtreatmentlevel.normal_ward" },
    {
      "itemname": "infl.cumulative.age.maxtreatmentlevel.icu" },
    {
      "itemname": "infl.cumulative.age.maxtreatmentlevel.icu_with_ventilation" },
    {
      "itemname": "infl.cumulative.age.maxtreatmentlevel.icu_with_ecmo" },
    {
      "itemname": "infl.cumulative.age.maxtreatmentlevel.icu_undifferentiated" },

    {
      "itemname": "infl.cumulative.inpatient.gender",
      "itemtype": "aggregated",
      "data": {
        "Male": 0,
        "Female": 0,
        "Diverse": 0
      }
    },
    {
      "itemname": "infl.cumulative.outpatient.age",
      "itemtype": "list",
      "data":
      [0,"...",20,"...",25,"...",30,"...",35,"...",40,"...",45,"...",50,"...",55,"...",60,"...",65,"...",70,"...",75,"...",80,"...",85,"...",90,"..."]
    },
    {
      "itemname": "infl.cumulative.outpatientgp.age",
      "itemtype": "list",
      "data":
      [0,"...",20,"...",25,"...",30,"...",35,"...",40,"...",45,"...",50,"...",55,"...",60,"...",65,"...",70,"...",75,"...",80,"...",85,"...",90,"..."]
    },
    {
      "itemname": "infl.cumulative.outpatient.gender",
      "itemtype": "aggregated",

```

```

    "data": {
      "Male": 0,
      "Female": 0,
      "Diverse": 0
    }
  },
  {
    "itemname": "infl.cumulative.outpatientgp.gender",
    "itemtype": "aggregated",
    "data": {
      "Male": 0,
      "Female": 0,
      "Diverse": 0
    }
  },
  {
    "itemname": "infl.cumulative.inpatient.age",
    "itemtype": "list",
    "data": [
      0, "...", 20, "...", 25, "...", 30, "...", 35, "...", 40, "...", 45, "...", 50, "...", 55, "...", 60, "...", 65, "...", 70, "...", 75, "...", 80, "...", 85, "...", 90, "..."]
    ]
  },
  {
    "itemname": "infl.timeline.deaths",
    "itemtype": "list",
    "data": {
      "date": [1580079600, "..."],
      "value": [0, "..."]
    }
  },
  {
    "itemname": "infl.cumulative.lengthofstay.hospital",
    "itemtype": "list",
    "data": [0, "..."]
  },
  {
    "itemname": "infl.cumulative.lengthofstay.hospital.alive",
    "itemtype": "list",
    "data": [0, "..."]
  },
  {
    "itemname": "infl.cumulative.lengthofstay.hospital.dead",
    "itemtype": "list",
    "data": [0, "..."]
  },
  {
    "itemname": "infl.cumulative.lengthofstay.icu",
    "itemtype": "list",
    "data": [0, "..."]
  },
  {

```

```

    "itemname": "infl.cumulative.lengthofstay.icu.alive",
    "itemtype": "list",
    "data": [0, "..."]
  },
  {
    "itemname": "infl.cumulative.lengthofstay.icu.dead",
    "itemtype": "list",
    "data": [0, "..."]
  },

```

{ "comment": "Die Templates zur Erfassung des Immunstatus **cumulative** und **timeline** von Patient\*innen mit maximalem Versorgungsniveau **outpatient**, **outpatientgp**, **normal\_ward**, **icu\_undifferentiated**, **icu**, **icu\_with\_ventilation**, **icu\_with\_ecmo** sind alle analog wie folgt aufgebaut:"},

```

{
  "itemname": "infl.cumulative.immunestatus.outpatient",
  "itemtype": "aggregated",
  "data": {
    "Complete": 0,
    "None": 0,
    "Unknown": 0
  }
},
{
  "itemname": "infl.cumulative.age.maxtreatmentlevel.outpatientgp" },
{
  "itemname": "infl.current.age.immunestatus.normal_ward" },
{
  "itemname": "infl.current.age.immunestatus.icu" },
{
  "itemname": "infl.current.age.immunestatus.icu_with_ventilation" },
{
  "itemname": "infl.current.age.immunestatus.icu_with_ecmo" },
{
  "itemname": "infl.current.age.immunestatus.icu_undifferentiated" },
{
  "itemname": "infl.timeline.immunestatus.outpatient",
  "itemtype": "aggregated",
  "data": {
    "Complete": [0, "..."],
    "Incomplete": [0, "..."],
    "None": [0, "..."],
    "Unknown": [0, "..."],
    "date": [1580079600, "..."]
  }
},
{
  "itemname": "infl.timeline.age.immunestatus.outpatientgp" },
{
  "itemname": "infl.timeline.age.immunestatus.normal_ward" },
{
  "itemname": "infl.timeline.age.immunestatus.icu" },
{
  "itemname": "infl.timeline.age.immunestatus.icu_with_ventilation" },
{
  "itemname": "infl.timeline.age.immunestatus.icu_with_ecmo" },
{
  "itemname": "infl.timeline.age.immunestatus.icu_undifferentiated" },
{
  "itemname": "infl.cumulative.subtypetestresults",
  "itemtype": "aggregated",

```

```

    "data" :{
      "A_H1N1": 0,
      "A_H3": 0,
      "A_H5": 0,
      "A_nosub": 0,
      "B_Victoria": 0,
      "B_Yamagata": 0,
      "B_nosub": 0,
      "Unknown": 0,
      "Negative": 0}
  },
  {
    "itemname": "infl.timeline.subtypetestresults",
    "itemtype": "list",
    "data": {
      "A_H1N1": [0, "..."],
      "A_H3": [0, "..."],
      "A_H5": [0, "..."],
      "A_nosub": [0, "..."],
      "B_Victoria": [0, "..."],
      "B_Yamagata": [0, "..."],
      "B_nosub": [0, "..."],
      "Unknown": [0, "..."],
      "Negative": [0, "..."],
      "date": [1580079600, "..."]
    }
  }
]
}

```



Seite 92 von 96



```

    "bars": ["disorders-due-to-substance-use", "psychotic-disorders", "mood-disorders-periodic", "mood-disorders-non-
        periodic", "anxiety-disorders", "obsessive-compulsive-disorder", "stress-related-disorders", "eating-disorders",
        "intellectual-developmental-disorders", "specific-developmental-disorders", "autism-spectrum", "attention-deficit-
        hyperactivity-disorder", "conduct-disorders", "other-psychological-disorders"]],
    "stacks": [{"mean_length_of_stay"}],
    "values": [
        [
            [], [], [], [], [], [], [], [], [], [], [], [], [], []
        ]
    ]
}
},
{
    "itemname": "kira.kjp.timeline.diags.occurrence",
    "itemtype": "stackedbarcharts",
    "data": {
        "charts": ["kjp_diagnoses_all"],
        "bars": [""],
        "stacks": ["disorders-due-to-substance-use", "psychotic-disorders", "mood-disorders-periodic", "mood-disorders-non-
            periodic", "anxiety-disorders", "obsessive-compulsive-disorder", "stress-related-disorders", "eating-disorders",
            "intellectual-developmental-disorders", "specific-developmental-disorders", "autism-spectrum", "attention-
            deficit-hyperactivity-disorder", "conduct-disorders", "other-psychological-disorders"]],
        "values": [
            [
                [ , , , , , , , , , , , , , ]
            ]
        ]
    }
},
{
    "itemname": "kira.rsv.cumulative.diags.zipcode",
    "itemtype": "chartlist",
    "data": {
        "charts": ["rsv_diagnoses_all"],
        "values": [
            []
        ]
    }
},
{
    "itemname": "kira.rsv.cumulative.diags.age",
    "itemtype": "stackedbarcharts",
    "data": {
        "charts": ["rsv_diagnoses_all"],
        "bars": ["age_rsv_0-3m", "age_rsv_4-5m", "age_rsv_6-11m", "age_rsv_12-23m",
            "age_rsv_24-35m", "age_rsv_3-5y", "age_rsv_6-17y"]],
        "stacks": ["rsv_acute_bronchitis", "rsv_acute_bronchiolitis", "rsv_pneumonia", "rsv_caused_disease"]],
        "values": [
            [
                [ , , , ], [ , , , ], [ , , , ], [ , , , ], [ , , , ], [ , , , ], [ , , , ]
            ]
        ]
    }
}

```

```

    ]
  }
},
{
  "itemname": "kira.rsv.cumulative.diags.gender",
  "itemtype": "stackedbarcharts",
  "data": {
    "charts": ["rsv_diagnoses_all"],
    "bars": [["rsv_acute_bronchitis", "rsv_acute_bronchiolitis", "rsv_pneumonia", "rsv_caused_disease"]],
    "stacks": ["male", "female", "diverse"],
    "values": [
      [ [ , , ], [ , , ], [ , , ], [ , , ] ]
    ]
  }
},
{
  "itemname": "kira.rsv.cumulative.diags.lengthofstay",
  "itemtype": "stackedbarcharts",
  "data": {
    "charts": ["rsv_diagnoses_all"],
    "bars": [["rsv_acute_bronchitis", "rsv_acute_bronchiolitis", "rsv_pneumonia", "rsv_caused_disease"]],
    "stacks": [["mean_length_of_stay"]],
    "values": [
      [ [ ], [ ], [ ], [ ], [ ], [ ], [ ] ]
    ]
  }
},
{
  "itemname": "kira.rsv.timeline.diags.occurrence",
  "itemtype": "stackedbarcharts",
  "data": {
    "charts": ["rsv_diagnoses_all"],
    "bars": [[""]],
    "stacks": [["rsv_acute_bronchitis", "rsv_acute_bronchiolitis", "rsv_pneumonia", "rsv_caused_disease"]],
    "values": [
      [ [ , , , ] ]
    ]
  }
}
]
}

```

## JSON-Templates "Projekte-Dashboard"

### a) ACRIBIS (ACR)

```
{
  "provider": "",
  "dashboard_dataset_version": "0.5.4",
  "exporttimestamp": 0,
  "author": "",
  "dataitems": [
    {
      "itemname": "acr.current.recruitment",
      "itemtype": "stackedbarcharts",
      "data": {
        "charts": ["acr_project"],
        "bars": [["acr_recruitment_consent", "acr_recruitment_followup"]],
        "stacks": [["acr_number_patients"]],
        "values": [
          [
            [], []
          ]
        ]
      }
    },
    {
      "itemname": "acr.timeline.recruitment",
      "itemtype": "list",
      "data": {
        "acr_recruitment_consent": [0, "..."],
        "acr_recruitment_followup": [0, "..."],
        "date[1580079600, "..."]
      }
    },
    {
      "itemname": "acr.current.dischargediahs.cohorts",
      "itemtype": "stackedbarcharts",
      "data": {
        "charts": ["acr_all_cohorts"],
        "bars": [["acr_cohort_k1", "acr_cohort_k2", "acr_cohort_k3"]],
        "stacks": [["acr_number_patients_cohort"]],
        "values": [
          [
            [], [], []
          ]
        ]
      }
    },
    {
      "itemname": "acr.timeline.dischargediahs.cohorts",
      "itemtype": "list",
      "data": {
```

```
"acr_cohort_k1": [0, "..."],  
"acr_cohort_k2": [0, "..."],  
"acr_cohort_k3": [0, "..."],  
"date": [1580079600, "..."]  
}  
}  
]  
}
```