

# Arbeitsgruppe "Einheitliche Datenanalyse"

Stand: 19.08.2021 11:15:12

Seit dem 25. September 2001 hat sich mehrfach eine kleine Arbeitsgruppe, bestehend aus Vertretern der Tumorzentren Chemnitz, Cottbus, Frankfurt/Oder, Jena, Leipzig und Zwickau sowie der Entwickler getroffen, um einen einheitlichen Auswertungsdatensatzes zu entwickeln. Das Ziel dieser Entwicklung ist, den Inhalt der GTDS-Datenbank so darzustellen, daß eine einheitliche Datenanalyse mit optimalem Informationsgehalt und den folgenden Eigenschaften möglich wird:

- sichere und schnellere Auswertungen
- komplexere Auswertung auch durch Nichtinformatiker
- vergleichbarere Auswertungen zwischen den Zentren
- positiv Beeinflussung von Datenerhebung und Datenerfassung durch Rückkopplung an den Erfassenden
- Verbesserung der Tumordokumentation als Instrument des Qualitätsmanagements

Motiviert werden diese Arbeiten durch Erfahrungen mit bisherigen Auswertungen, die gezeigt hatten, daß trotz Unterstützung durch Konzepte wie die Auswertungstabelle teilweise eine erhebliche Nachbearbeitung der Daten notwendig ist, um klinisch bedeutsame Begriffe wie Primärtherapie, Rezidiv, Tumorfreiheit etc. exakt in den Auswertungen herauszufiltern. Dies liegt u.a. daran, daß die Arbeitsweise in den Zentren zum Beispiel unterschiedlich detailliert ist und die Algorithmen zum Füllen der Auswertungstabelle daher unscharfe Angaben berücksichtigen mußten. Da die 5. Auflage der Basisdokumentation zum Teil hier erst Präzisierungen ermöglicht hat, wird diese Grundlage des Auswertungsdatensatzes sein.

Im ersten Schritt wurde die Auswertungstabelle durchgesehen und ergänzt. Auslese-Algorithmen wurden präzisiert und beschrieben. Weitere Schritte betreffen dann Detaildatensätze zu einzelnen Aspekten wie z.B. Metastasen, Therapien etc. . In diesem Zusammenhang können dann zum Beispiel auch organspezifische Datensätze definiert (und programmiert) werden.

Die Arbeiten zum tumorbezogenen Auswertungssatz (Informationen, die einmalig zu jedem Tumor vorliegen) wurden inzwischen abgeschlossen. Dabei konnte derzeit noch keine befriedigende Lösung gefunden werden, das Konzept der durchgeführten Therapie allgemeingültig und ohne Notwendigkeit der Nachbearbeitung herauszuarbeiten. Dies hängt zum einen damit zusammen, daß vorhandene Klassifikationen wie der Operationenschlüssel teilweise nur in unbefriedigender Weise onkologische Therapien repräsentieren. Für andere Therapiemodalitäten wie Bestrahlung und systemische Therapie liegen keine akzeptierten Klassifikationen vor, so daß grundsätzlich eine Gruppierung der Therapie in auswertungsrelevante Klassen erst anhand spezifischer tumorentitätsbezogenen Fragestellungen erfolgen kann. Ein weiterer Grund liegt in der Vielfalt der multimodalen Konzepte, bei denen oft mehrere Detaildatensätze existieren, die sich naturgemäß nur schwer auf einen tumorbezogenen Datensatz abbilden lassen. Problematisch ist auch, daß sich manche Therapieformen wie die Hyperthermie nicht exakt in der Basisdokumentation abbilden lassen.

Der tumorbezogene Auswertungssatz wird als Fortführung der bisherigen Tabelle AUSWERTUNG implementiert und wird daher in gleicher Weise zur Verfügung stehen. Darüber hinaus werden Übersichtsfunktionen seinen Inhalt jederzeit (aus vorhandenen Daten,

Tumorübersicht) tumorbezogen darstellen, so daß die Art und Weise, wie ein Fall in die Auswertung geht, immer transparent ist.

In Zusammenhang mit dieser Tabelle sind weitere Hilfsfunktionen (bzw. Views) implementiert:

### **„\_ALLE“-Views**

Diese Views, die die Bezeichnung „\_ALLE“ im Namen haben, stellen nur Datensätze zur Verfügung, auf die der Benutzer auch Rechte hat, weil er für eine Abteilung arbeitet, die die jeweiligen Patienten betreut. Grundsätzlich haben alle Benutzer (außer OPS\$TUMSYS, dem diese Tabelle gehört) nur Rechte auf die ALLE-Views. Diese werden jedoch durch ein PUBLIC Synonym über den Namen ohne „\_ALLE“ angesprochen.

### **SPSS-Views**

Die SPSS-Views gewährleisten eine glattere Übernahme von Daten in Statistikpakete und wurden für SPSS getestet. Glattere Übernahme bedeutet kürzere Spaltennamen und die Begrenzung der Feldlänge auf 254 Zeichen, einschließlich Ersetzung der in den Daten absichtlich erzeugten Zeilenumbrüche (ALLE\_-Felder).

### **Patids-Views**

Die Patids-Views stellen einen Join zur Tabelle PATIDS her. Über diesen Mechanismus können wie bei den Druckfunktionen die in einer Maske ausgewählten und in der Tabelle PATIDS gemerkten Datensätze bearbeitet werden.

### **Kombinationen**

Views, die mehrere der genannten Namensbestandteile besitzen, vereinigen die jeweiligen Eigenschaften.

### **Spaltenausgabe**

Die Spaltenausgabe ergänzt die genannten Views um die Möglichkeit, Spalten auszuwählen und deren Inhalte in eine Datei zu schreiben. Über die Möglichkeit der Erzeugung eines Pseudo-Datensatzes wird die automatische Erkennung des Datentyps in Statistikpaketen verbessert.

### **Aktuelle Änderungen**

Die letzten Änderungen sind grau hinterlegt.

Auswertungs- satz/Tumor	Spaltenname	SPSS Spalte	Beschreibung
	<b>allgemein</b>		
K	Vorgang_Id	vorg_id	
K	Datum_der_Auswertung	ausw_dat	
	Satznummer	satz_nr	(nicht benutzt)
	<b>patientenbezogen</b>		
K	Pat_id	pat_id	Patient.Pat_ID
K	Name	name	Patient.Name
K	Vorame	vorname	Patient.Vorname
K	Geburtsdatum	geb_dat	Patient.Geburtsdatum
K	Geschlecht	sex	Patient.Geschlecht Geschlecht des Patienten (M/W/X)
K	PLZ	plz	Patient.PLZ
K neu	Ortskennzahl	okz	Patient. Fk_Orstabelleokz0
K	Sterbedatum	sterbdat	Patient.Sterbedatum
K	Sterbedatum_exakt	sterdatx	Patient.Sterbedatum_exakt
K	Tumortod	tumortod	Patient.Tumortod (Hinweis: Dieses Item ist nicht tumorbezogen)
K	Autopsie	autopsie	Patient.Autopsie
U	Anzahl_Abteilungen	abt_anz	Anzahl aller betreuenden Abteilungen (gibt Hinweise, ob es mehr als die drei Abteilungen in Abteilung1...3 gibt)
K	Alle_Abteilungen	abt_alle	Abteilung_Patient.Fk_AbteilungAbteil (alle, durch # getrennt)
U	Abteilung1	abt1	Abteilung_Patient.Fk_AbteilungAbteil
U	Abteilung2	abt2	Abteilung_Patient.Fk_AbteilungAbteil
U	Abteilung3	abt3	Abteilung_Patient.Fk_AbteilungAbteil
U	Anzahl_Aerzte	arzt_anz	Anzahl aller betreuenden Ärzte (gibt Hinweise, ob es mehr als die zwei Ärzte in Hausarzt und Arzt1 gibt)

Auswertungs- Spaltenname satz/Tumor	SPSS Spalte	Beschreibung	
K	Alle_Aerzte	arztalle	Arzt_Patient_Bezeichnung.Fk_ArztArzt_ID (alle, durch # getrennt)
K	Hausarzt	arzt_ha	Arzt_Patient_Bezeichnung.Fk_ArztArzt_ID (Hausarzt='J')
U	Arzt1	arzt1	Arzt_Patient_Bezeichnung.Fk_ArztArzt_ID (Hausarzt!='J')
U	Anzahl_Aufenthalte	aufehanz	Anzahl der Einträge in Abteilung_Patient_Bezeichnung
U	Gesamtdauer_Aufenthalte	aufehgd	(Interpretation nur unter bestimmten Rahmenbedingungen sinnvoll)
K	Letzte_info_datum	Linf_dat	Datum der letzten Information zum Patienten (nicht tumorbezogen, auch unter Berücksichtigung von Aufenthalten – ABTEILUNG_PATIENT_BEZIEHUNG sowie Metastasen und Folgeerkrankungen) Im Einzelfall kann dieses Datum nach dem Sterbedatum liegen, z.B. wenn Informationen aus der Autopsie später eingearbeitet wurden. Datum mit Angabe in Letzte_info_datenart und Letzte_info_lfdnr, aus welchem Dokument die Information stammt. Überlebenszeit und Lifestatus werden erst bei Abfragen berechnet
K	Letzte_info_datenart	linf_dart	Siehe Letzte_info_datum
K	Letzte_info_lfdnr	linf_nr	Siehe Letzte_info_datum
U	Anzahl_Tumoren	tumoranz	Anzahl aller Tumoren als Hinweis auf weitere Tumorerkrankungen
	<b>Tumorbezogen</b>		
K	Tumor_id	tumor_id	Tumor.Tumor_ID
K neu	Tumorfolgenummer	tumor_nr	Tumor.Tumorfolgenummer (neu) (wenn leer die laufende Nummer in der Reihe aller nach Diagnosedatum bzw. Diagnosejahr sortierten Tumoren <b>Änderung vom 16. Januar 2002:</b> Vorerkrankungen werden nicht berücksichtigt, da zu unzuverlässig dokumentiert)
K	Aufnahmedatum	aufn_dat	Tumor.Aufnahmedatum (Hinweis: Das Aufnahmedatum wird in den Zentren unterschiedlich gehandhabt)
K	Diagnosedatum	dia_dat	Tumor.Diagnosedatum (Hinweis: Das Diagnosedatum i. S. der ersten ärztlichen Verdachtsdiagnose ist in der Regel nicht erhältlich)

Auswertungs- Spaltenname satz/Tumor	SPSS Spalte	Beschreibung	
K	Diagnosetext	dia_txt	Tumor.Diagnosetext
K	Lokalisation	lok	Lokalisation.Fk_LokalisationLok (Es wird davon ausgegangen, daß genau eine Hauptlokalisierung vorhanden ist, ansonsten erfolgt eine Warnung durch Prüfroutinen)
U	Lokalisation2	lok2	Lokalisation.Fk_LokalisationLok
K	Lok_seite	lokseite	Lokalisation.Seite
K	Lok_auflage	lok_aufl	Lokalisation.Fk_LokalisationAuf
U	Lok_haupt_neben	lok_hn	Lokalisation.Haupt_Neben
K	Icd9	dia_icd9	Tumor.ICD9
K	Icd10	diaicd10	Tumor.ICD10
U	Anzahl_histologien	hist_anz	
K	Histologie	hist	Histologie.Fk_Histologie_Shis (Im allgemeinen wird die Histologie ausgewählt, bei der im Feld "DIAGNOSE" ein "J" steht, genaue Erläuterung des Algorithmus am Ende der Tabelle)
K neu	Histologie2	hist2	Histologie.Fk_Histologie_Shis (weitere Haupthistologie, die dem gleichen Dokument zugeordnet ist für die in der Basisdokumentation genannten Fälle:  Lunge Kombiniertes Haferzellkarzinom, z.B. Hafer- und Plattenepithelkarzinom (ICD-O 8042/3 und 8070/3)  Mamma: Invasives duktales Karzinom mit überwiegender intraduktaler Komponente - ICD-O 8500/3 und 8500/2 - sowie die seltenen Mischtypen von Karzinomen mit Metaplasie (z.B. Plattenepithel- und Spindelzelltyp - ICD-O 8570/3 und 8572/3 - oder Plattenepitheltyp und knorpelig-knöcherner Typ - ICD-O 8570/3 und 8571/3).  Bei Mamma wird die 8500/3 in das erste Feld übernommen. Dieser Eintrag enthält auch das Grading.
K	Histo_grading	histgrad	Histologie.Grading
K	Histo_Lfdnr	hist_nr	Histologie.LfdNr
K	Histo_Auflage	histauf	Histologie.Fk_Histologie_Sauf

Auswertungs- satz/Tumor	Spaltenname	SPSS Spalte	Beschreibung
K	Histo_Haupt_Neben	hist_hn	Histologie.Haupt_Neben
K	Histo_Diagnose	histdiag	Histologie.Diagnose
U	Histo_Herkunft	histherk	Histologie.Herkunftt
K neu	Letzter_Status_datum	lsta_dat	Datum der letzten Information zum Tumor (auf der Grundlage differenzierter Einträge in LEISTUNGSZUSTAND.GESAMTBEURTEILUNG, und der Beurteilungsfelder für Primärtumor, Lymphknoten und Metastasen in VERLAUF und TUMORBEURTEILUNG)
K neu	Letzter_Status_datenart	lstaart	
K neu	Letzte_Status_lfdnr	lsta_nr	
K neu	Letzter_Status	lsta_ges lsta_prim lsta_lym lsta_met	Die Konkatenation der Einträge für LEISTUNGSZUSTAND.GESAMTBEURTEILUNG, und die Beurteilungsfelder für Primärtumor, Lymphknoten und Metastasen in VERLAUF und TUMORBEURTEILUNG
	<b>Klinisches und pathologisches TNM</b>		allgemein: bevorzugt werden TNM-Einträge, die als auswertungsrelevant gekennzeichnet sind. In manchen Fällen kann es wünschenswert sein, nur ein TNM zu erhalten. Für diesen Fall werden Sichten bereitgestellt, die einem ggf. vorhandenen pathologischen TNM (p_p_T mit "p" belegt) den Vorzug geben.  (genaue Erläuterung am Ende der Tabelle)
K	Klin_tnm_auflage	ctnmauf	TNM.Auflage
U	Klin_tnm_lfdnr	ctnm_nr	TNM.LfdNr
U	Klin_tnm_herkunft	ctnmherk	TNM.Herkunft
K	Klin_tnm_datum	ctnm_dat	TNM.Erstellt
K neu	Klin_Y_Symbol	ctnm_y	TNM.Y_Symbol
K	Klin_p_t	ctnm_pt	TNM.P_T
K	Klin_t	ctnm_t	TNM.T
K	Klin_m	ctnm_mul	TNM.M
K	Klin_p_n	ctnm_pn	TNM.P_N
K	Klin_n	ctnm_n	TNM.N

Auswertungs- satz/Tumor	Spaltenname	SPSS Spalte	Beschreibung
K	Klin_p_m	ctnm_pm	TNM.P_M
K	Klin_met	ctnm_m	TNM.Met
K	Klin_L	ctnm_l	TNM.L
K	Klin_V	ctnm_v	TNM.V
K	Klin_S	ctnm_s	TNM.S
K	C_stadium	c_uicc	TNM.Stadium  Bei nicht eingetragenen Stadium wird dies berechnet, sofern ein entsprechender Parameter gesetzt ist
K	Klin_tnm_auswertungs_relevant	ctnmarel	TNM.Auswertungs_Relevant  Falls dieser TNM nachträglich berechnet wird, ist der Inhalt "G". Beschreibung am Ende der Tabelle
K	P_tnm_auflage	ptnmaufl	TNM.Auflage
U	P_tnm_lfdnr	ptnm_nr	TNM.LfdNr
U	P_tnm_herkunft	ptnmherk	TNM.Herkunft
K	P_tnm_datum	ptnm_dat	TNM.Erstellt
K neu	P_Y_Symbol	ptnm_y	TNM.Y_Symbol
K	P_p_t	ptnm_pt	TNM.P_T
K	P_t	ptnm_t	TNM.T
K	P_M	ptnm_mul	TNM.M
K	P_p_n	ptnm_pn	TNM.P_N
K	P_n	ptnm_n	TNM.N
K	P_p_m	ptnm_pm	TNM.P_M
K	P_met	ptnm_m	TNM.Met
K	P_L	ptnm_l	TNM.L
K	P_V	ptnm_v	TNM.V
K	P_S	ptnm_s	TNM.S

Auswertungs- Spaltenname satz/Tumor	SPSS Spalte	Beschreibung
K	P_stadium	p_uicc TNM.Stadium Bei nicht eingetragenen Stadium wird dies berechnet, sofern ein entsprechender Parameter gesetzt ist
K	P_tnm_auswertungs_relevant	ptnmarel TNM.Auswertungs_Relevant Falls dieser TNM nachträglich berechnet wird, ist der Inhalt "G". Beschreibung am Ende der Tabelle
	<b>Ann Arbor</b>	Die erste Ann Arbor Klassifikation (Diagnose vor Verlauf, dann Sortierung nach LfdNr des Verlaufs als Näherung für zeitliche Reihenfolge)
U	Ann_arbor_lfdnr	aa_nr Ann_Arbor.LfdNr
U	Ann_arbor_herkunft	aa_herk Ann_Arbor.Herkunft
K	Ann_arbor_datum	aa_dat Ann_Arbor.Erstellt (Datum des zugeordneten Dokuments)
K	Ann_arbor_stadium	aa_stad Ann_Arbor.Stadium
K	Ann_arbor_allgemein	aa_allg Ann_Arbor.Allgemein
K neu	Ann_Arbor_Extra	aa_extra Ann_Arbor.Extra
	<b>Sonstige Klassifikationen</b>	Bevorzugt werden die Klassifikationen mit einem in der Basisdokumentation definierten Kürzel. Zweites Kriterium ist die zeitliche Ordnung (erste zuerst). Um die Vergleichbarkeit von Daten über weitere definierte Kürzel zu erleichtern, wird in Gießen eine Sammlung sonstiger häufig gebräuchlicher Klassifikationen angelegt, denen dann auch ein Kürzel zugewiesen wird.
U	Anzahl_sonstige	so_anz Anzahl aller sonstigen Klassifikationen (gibt Hinweise, wenn es mehr als die eine detaillierter ausgegebene sonstige Klassifikation gibt)
K	Sonstige_name	so_bez Klassifikation.Klassifikation_Nam
K neu	Sonstige_Kuerzel	so_kuerz Klassifikation.Kuerzel zugehöriges Kürzel aus Klassifikation
U	Sonstige_id	so_id Sonstige_Klassifik.Fk_StadieneinteFk
U	Sonstige_lfdnr	so_nr Sonstige_Klassifik.LfdNr
U	Sonstige_herkunft	so_herk Sonstige_Klassifik.Herkunft



Auswertungs- satz/Tumor	Spaltenname	SPSS Spalte	Beschreibung
----------------------------	-------------	----------------	--------------

K	Sonstige_datum	so_dat	Datum der Befundung der Klassifikation. Wird zur Zeit nicht gefüllt. (Diagnosedatum bzw. Unters_Datum des zugehörigen Tumors/Verlaufs).
K	Sonstige_stadium	so_stad	Sonstige_Klassifik. Fk_StadieneinteSta Da das Stadium als Klartextfeld eine heterogene Schreibweise von Angaben erlaubt, wird eine Warnung bei Abweichungen ausgegeben.
U	Diagnose_abteilung	dia_abt	Tumor.Fk_AbteilungAbteil ID Nummer des Datensatzeigners
U	Diagnose_df_abt_id	diadfabt	Tumor.Durchfuehrende_Abt_ID ID Nummer der durchführenden Abteilung
U	Diagnose_df_arzt_id	dia_darz	Tumor.Durchfuehrende_Arzt_ID ID Nummer des durchführenden Arztes

Auswertungs- Spaltenname satz/Tumor	SPSS Spalte	Beschreibung
	<b>Primaertherapie</b>	<p>Ausgewertet wird hier nur die Primärtherapie. Sonstige Therapieanlässe wie Rezidive, werden in Spezialdatensätzen definiert.</p> <p>Grundlage der Entscheidung, was ein Primärtherapiedatensatz ist, sind historisch die Kurztherapieeinträge in den Therapien zugeordneten Verläufen, bzw. noch früher Kurztherapieverläufen ohne Therapiesätze. Als Primärtherapie gelten folgende Verlaufsdatensätze:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Eintrag von "J" in TH_ZIEL_PRIMAERTUMOR oder TH_Ziel_Lymphknoten.</li> <li>• Um Systemerkrankungen ausdrücklich mitzuerfassen wurde die Ausschrift des Feldes "der Behandlung von Primärtumor" geändert in "der Behandlung von Primärtumor bzw. primärer Systemerkrankung"</li> </ul> <p>Spätestens seit ADT-GEKID 2014 wurde die Koppelung von Therapien mit Therapieverläufen aufgegeben. Seit Anfang 2018 werden hier auch Einträge in Therapiemasken berücksichtigt. Hier gilt:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Ziel_Primaertumor oder Ziel_Lymphknoten = „J“ (Operation und Bestrahlung)</li> <li>• Ziel_PrimRez = 'P' (systemisch)</li> <li>• ersatzweise, wenn alle Zielangaben leer sind und Intention != R und Ziel_OP_Komplikation != J und Datum vor einem MAX_TH_BEGINN</li> <li>• Der MAX_TH_BEGINN wird folgendermaßen berechnet: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Falls AUSW.MAX_TH_BEGINN_MONATE gesetzt Diagnosedatum + Anzahl der Monate</li> <li>○ Das Datum wird ggf. auf ein Rezidivdatum-1 bzw. SYSDATE gekürzt</li> </ul> </li> </ul>
K	Therapiebeginn	th_begin Unter allen als Primärtherapieverlauf gekennzeichneten Verläufe wird der kleinste Wert von TH_BEGINN (falls nicht gefüllt ersatzweise UNTERS_DATUM) gewählt.

Auswertungs- Spaltenname satz/Tumor	SPSS Spalte	Beschreibung
K neu	Therapieende	th_ende Unter allen als Primärtherapieverlauf gekennzeichneten Verläufe wird der größte Wert von TH_ENDE(falls nicht gefüllt ersatzweise UNTERS_DATUM) gewählt.
K	Primaertherapie	th_prim In allen Primärtherapieverläufe wird jeweils nachgesehen, ob ein Eintrag von "J" in OPERATION, BESTRAHLUNG, CHEMO, HORMON, IMMUN, KMT vorhanden ist. Alle durchgeführten Therapiemodalitäten werden in der genannten Reihenfolge als Kürzel ausgegeben.
	<b>Therapiedetails (Primärtherapie)</b>	<p>Es wird als unmöglich erachtet, aus der derzeitigen Dokumentation in globaler Weise (ohne Berücksichtigung der vorliegenden Tumorentität und ohne Nachbearbeitung) die realisierten Therapiekonzepte zu extrahieren, da unter Berücksichtigung der zeitlichen Abfolge eine übersehbare Vielfalt möglicher Kombinationen der Therapiemodalitäten vorkommen kann und bestimmte neue Therapieformen wie die Hyperthermie nicht eindeutig einer de existierenden Modalität zugeordnet werden können. Deswegen werden im Rahmen des Kerndatensatzes die durchgeführten <b>Primärtherapien</b> (Definition s.o.) getrennt nach den Modalitäten mit bestimmten Details hintereinander (durch Trennzeichen getrennt) gelistet. Dies ermöglicht wenigstens ein effektives visuelles Scannen der Datensätze und über Zeichenkettenfunktionen auch bestimmte Filterungen.</p> <p>Für die Therapiedetails (Kennung U) gilt, daß die jeweilig erste Therapie der entsprechenden Modalität ausgewählt wird. Bei Auswertungen über diese Felder muß jedoch berücksichtigt werden, daß mehrere Datensätze der entsprechenden Modalität existieren können, so daß die gewählten Datensätze das Gesamtbild nicht korrekt wiedergeben.</p>
K neu	Alle_Operationen	op_alle Alle OP-Schlüssel, d.h. Teiloperationen einschließlich Auflage und Datum
U	Anzahl_Operationen	op_anz Anzahl aller Operationen (gibt Hinweise, wenn es mehr als die eine detaillierter ausgegebene Operation gibt)

Auswertungs- satz/Tumor	Spaltenname	SPSS Spalte	Beschreibung
U	Op_Nummer	op_nr	<p>Operation.OP_Nummer</p> <p>Zur Bestimmung des OP-Eintrages werden alle tumorbezogenen OPs und solche mit Tumor_ID 0 &gt; Diagnosedatum folgendermaßen sortiert betrachtet:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Kriterium 1: Falls GTDS-Parameter AUSW.BEVORZUGE_PRIMAER_OP auf Ja: Ziel_Primaertumor vorrangig</li> <li>• Kriterium 2: Wertung von Intention: Diagnostisch letztrangig, Unterstützend tumorfern vorletztrangig</li> <li>• Kriterium 3: OP_Datum</li> </ul> <p>Der erste Datensatz in dieser Sortierung wird nach OP_Nummer, OP_Datum, OP_Abteilung und OP_Bezeichnung übertragen.</p>
U	Op_Datum	op_dat	Operation.OP_Datum
U	Op_Bezeichnung	op_bez	Operation.OP_Bezeichnung
U	Op_Schlüssel	op_schl	Teiloperation.Fk_Operationsscsch der ersten gefundenen Teiloperation
U	Op_schlüssel_auflage	op_aufl	Teiloperation.Fk_Operationsscsch
U	Op_intention	op_inten	Operation.Intention
U	Op_durchgefuehrt	op_durch	Operation.Durchgefuehrt_Von
U	Op_abteilung	op_abt	Operation.Fk_AbteilungAbteil ID Nummer des Datensatzeigners
U	Op_df_abt_id	op_dfabt	Operation.Durchfuehrende_Abt_ID ID Nummer der durchführenden Abteilung
U	Op_df_arzt_id	op_dfarz	Operation.Durchfuehrende_Arzt_ID ID Nummer des durchführenden Arztes
K neu	Alle_Inneren	in_alle	Alle Protokollbezeichnungen einschließlich ID + Datum (Beginn)
U	Anzahl_innere	in_anz	
U	Innere_nummer	in_nr	Internistische_Therapie.LfdNr
U	Innere_protokoll_typ	in_protp	Internistische_Therapie. Protokoll_Typ

Auswertungs- Spaltenname satz/Tumor	SPSS Spalte	Beschreibung	
U	Innere_beginn	in_begin	Internistische_Therapie.Beginn
U	Innere_protokoll_id	in_proid	Internistische_Therapie.Fk_ProtokollProtok
U	Innere_anzahl_Zyklen	in_anzyk	aus INNERE.ANZAHL_ZYKLEN (neues Feld, wenn dies leer ist aus Maximum(ZYKLUS.ZYKLUS_NR)
U	Innere_Freitext	in_txt	Internistische_Therapie.Freitext
U	Innere_abteilung	in_abt	Internistische_Therapie.Fk_AbteilungAbteil ID Nummer des Datensatzeigners
U	Innere_df_abt_id	in_dfabt	Internist_allestische_Therapie.Durchfuehrende_Abt_ID ID Nummer der durchführenden Abteilung
U	Innere_df_arzt_id	in_dfarz	Internistische_Therapie.Durchfuehrende_Arzt_ID ID Nummer des durchführenden Arztes
K neu	Alle_Bestrahlungen	st_alle	Alle Bezeichnungen + Datum (Minimum(Beginn der Teilbestrahlung)) + Hinweis "(RC)" bei kombinierter Radiochemotherapie
U	Anzahl_Bestrahlungen	st_anz	Anzahl aller Bestrahlungsbehandlungen (gibt Hinweise, wenn es mehr als die eine detaillierter ausgegebene Bestrahlungsbehandlung gibt)
U	Bestrahlung_nummer	st_nr	Bestrahlung.LfdNr
U	Bestrahlung_datum	st_dat	Bestrahlung.Datum
U	Bestrahlung_freitext	st_txt	Bestrahlung.Freitext
U	Anzahl_teilbestrahlungen	st_tbanz	Anzahl aller Teilbestrahlungen (gibt Hinweise, wenn es mehr als die eine detaillierter ausgegebene Teilbestrahlung gibt)
U	Teil_bestr_beginn	st_tbbeg	Teilbestrahlung.Beginn erste Teilbestrahlung, ebenso folgende Felder
U	Anzahl_zielgebiete	st_zganz	
U	Zielgebiet1	st_ziel1	Zielgebiet.FK_zielgebiet_SZie erste zwei Zielgebiete der ersten Teilbestrahlung
U	Zielgebiet2	st_ziel2	Zielgebiet.FK_zielgebiet_SZie Teilbestrahlung
U	Applikationsart	st_apart	Teilbestrahlung.Applikationsart

Auswertungs- satz/Tumor	Spaltenname	SPSS Spalte	Beschreibung
----------------------------	-------------	----------------	--------------

U	Applikationstechnik	st_apte	Teilbestrahlung.Applikationstechni
U	Gesamtdosis	st_gesdo	Teilbestrahlung.Gesamtdosis
U	Gy_gbq	st_gbq	Teilbestrahlung.Gy_gbq
U	Strahlenart	st_art	Teilbestrahlung.Strahlenart
U	Referenz	st_ref	Teilbestrahlung.Referenz
U	Bestrahlung_abteilung	st_abt	Bestrahlung.Fk_AbteilungAbteil ID Nummer des Datensatzeigners
U	Bestrahlung_df_abt_id	st_dfabt	Bestrahlung.Durchfuehrende_Abt_ID ID Nummer der durchfuehrenden Abteilung
U	Bestrahlung_df_arzt_id	st_dfarz	Bestrahlung.Durchfuehrende_Arzt_ID ID Nummer des durchfuehrenden Arztes
K	Sonstigetherapie	sonst_th	Alle Einträge in VERLAUF.SONSTIGE mit TH_BEGINN ersatzweise UNTERS_DATUM des Verlaufs

Auswertungs- Spaltenname satz/Tumor	SPSS Spalte	Beschreibung	
	<b>Primärer Therapieerfolg</b>		
K neu	Letzte_R_Klassifikation	rkl_last	Verlauf.R_Klassifikation + Verlauf.Residualtumor von allen Primärtherapieerläufen wird die R-Klassifikation des zeitlich letzten Verlaufes ausgewählt.  Die Ausgabe erfolgt zusammen mit der entsprechenden Residuallokalisation
K neu	Anzahl_R_Klassifikationen	rkl_anz	Hier erfolgt die Angabe der Anzahl unterschiedlicher Kombinationen von R-Klassifikation (Primärtherapie) und Residuallokalisation als Hinweis auf eine ggf. vorhandene Dynamik der Beurteilung
U	Erste_R_Klassifikation	rkl_1	Verlauf.R_Klassifikation + Verlauf.Residualtumor
K neu	Zeitpunkt_Tumorfreiheit	tufreizp	Zeitpunkt (UNTERS_DATUM) des ersten Verlaufes mit Tumorfreiheit/kompletter Remission in der Gesamtbeurteilung (Codes OFVMR) oder "K" in allen Feldern PRIMAERTUMOR-LYMPHKNOTEN- METASTASEN  <b>Siehe auch Hinweis unter Datum_Erstes_Rezidiv</b>
U neu	Tumorfreiheit_Verlauf	tufreivl	LfdNr des Verlaufes der Tumorfreiheit
	<b>Rezidivierung</b>		
K	Datum_Erstes_Rezidiv	rez_1dat	UNTERS_DATUM des Verlaufes des ersten Rezidivs  Angabe von R in einem der Felder PRIMAERTUMOR- LYMPHKNOTEN-METASTASEN oder Angabe eines rTNM oder Angabe eines "P" in der Gesamtbeurteilung, sofern vorher Tumorfreiheit bestand  <b>Hinweis:</b> Da bei "R" Angaben in einem der Felder PRIMAERTUMOR-LYMPHKNOTEN-METASTASEN oder einem rTNM nicht auf vorherige Tumorfreiheit geprüft wird, kann es sein, daß der Zeitpunkt_Tumorfreiheit hinter dem Datum des ersten Rezidivs liegt. Das ist bei schlechter Informationslage nicht zu verhindern und muß in Auswertungen gesondert berücksichtigt werden.
U	Erstes_Rezidiv	rez_1	"Verlauf"-LfdNr des Verlaufes des ersten Rezidivs (Details unter Datum_Erstes_Rezidiv). In Klammern dahinter Angabe, wo das Rezidiv auftrat (P)rimärtumor (L)ymphknoten, (M)etastasen, (G)esamtbeurteilung = Progression.

Auswertungs- satz/Tumor	Spaltenname	SPSS Spalte	Beschreibung
	<b>Metastasierung</b>		
K	Datum_Erste_Metastase	met_1dat	Metastase.Datum_des_Auftrete
K	Anzahl_Metastasen	met_anz	Anzahl aller dokumentierten Metastasen (unabhängig vom Zeitpunkt des Auftretens)
K neu	Alle_Metastasen	met_alle	Alle Einträge in Metastase (Schlüssel, Auflage, Datum_des_Auftretens)
K	Metastase1	met_1	Metastase.Fk_LokalisationLok + Metastase.Fk_LokalisationAuf + Metastase.Freitext erste Metastase in der zeitlichen Ordnung
K	Metastase2	met_2	s.o. zweite Metastase in der zeitlichen Ordnung
	<b>Folgeerkrankungen</b>		
K neu	Alle_Folgeerkrankungen	folgalle	Alle Einträge in Folgeerkrankung mit der Kennung "F" in Folge_Begleit (Schlüssel, Auflage, Datum, Bezeichnung) durch Trennzeichen getrennt
K neu	Alle_Begleiterkrankungen	beg_alle	Alle Einträge in Folgeerkrankung mit der Kennung "B" in Folge_Begleit (Schlüssel, Auflage, Datum), Bezeichnung durch Trennzeichen getrennt
U	Anzahl_Folgeerkrankungen	folg_anz	Anzahl der Einträge in Folgeerkrankung mit der Kennung "F" in Folge_Begleit. Gibt Hinweise wenn es mehr als die zwei detailliert beschriebenen Folgeerkrankungen gibt.
U	Folgeerkrankung1	folg_1	Zeitliche erste Folgeerkrankung. Schlüssel + Auflage + ";" + Freitext. Zum Einsatz kommen die Schlüssel der Basisdokumentation, alternativ ggf. die ICD
U	Folgeerkrankung2	folg_2	Zeitliche zweite Folgeerkrankung. Schlüssel + Auflage + ";" + Freitext. Zum Einsatz kommen die Schlüssel der Basisdokumentation, alternativ ggf. die ICD
	<b>Vorerkrankungen</b>		
K neu	Alle_Vorerkrankungen	vor_alle	Alle Einträge in Vorerkrankungen (Schlüssel, Auflage, Datum, Bezeichnung) durch Trennzeichen getrennt



Auswertungs- satz/Tumor	SPSS Spalte	Beschreibung
----------------------------	----------------	--------------

	<b>Nachsorge</b>		
U	Anzahl_nachsorgen	ns_anz	Anzahl aller Verläufe mit Nachsorge='J' oder Erfass_AnI in ('L','N')
K	Beginn_nachsorge	ns_begin	Datum des zeitlich ersten Verlaufs mit Nachsorge = 'J' oder Erfass_AnI in ('L','N')
K	Letzte_na_ohne_progression	nsloprog	Zeitpunkt (UNTERS_DATUM) des letzten Verlaufs mit Tumorfreiheit/kompletter Remission in der Gesamtbeurteilung (Codes OFVMR) oder "K" in allen Feldern PRIMAERTUMOR-LYMPHKNOTEN-METASTASEN <b>nach</b> erster Tumorfreiheit und <b>vor</b> erstem Rezidiv (falls Rezidiv vorhanden)
U	Register	register	Kennung des Quelle, falls Datensätze zusammengeführt werden (wird mit SYSTEMWEITE_PARAMETER.GKR_ZENTRUM_ID gefüllt)

## Anhang: Beschreibung einiger wichtiger Algorithmen

### Histologie-Algorithmus

Mit einem SQL-Statement in der Art

```
SELECT Fk_Histologie_sHis,
       Lfdnr,
       Fk_VerlaufLfdnr,
       Fk_Histologie_sAuf,
       Haupt_Neben,
       Diagnose,
       Herkunft,
       Grading,
       Datum
FROM Histologie
WHERE Fk_TumorFk_Patient = pn
      AND Fk_TumorTumor_ID = TO_NUMBER(tn)
ORDER BY
  nvl(Diagnose, 'X'),      /* Diagnostisch relevant zuerst */
  Datum,
  nvl(Haupt_Neben, 'X'), /* Haupthistologien bevorzugen */
  decode(substr(Fk_Histologie_sHis, 5, 1), /* Dignität bewerten */
         '3', 1,
         '2', 2,
         '1', 3,
         '6', 4,
         '9', 5,
         '0', 6
  );
```

werden alle Histologien des aktuellen Patienten zum aktuellen Tumor, geordnet nach diagnostisch relevant, Datum, (etc, siehe ORDER BY) durchlaufen.

Für jeden Eintrag wird eine Bewertung vorgenommen. Ist die erreichte Bewertung höher als eine vorherige beste, wird der neue Datensatz als bester gespeichert. Die Bewertung erfolgt folgendermaßen:

- Die Bewertung fängt mit einem Wert von 0 an. Positive Werte bedeuten "besser", negative "schlechter". Je nach dem Inhalt des Histologie - Feldes (HISTOLOGIE.Fk\_Histologie\_sHis) folgt nun eine Bewertung
- +5 bei diagnostisch relevant
- +1 bei Haupthistologie
- +2 wenn es sich um eine "85003" (Spezialfall Mamma, diese Histologie soll verwendet werden), 80423 oder 85703 handelt
- -5 wenn das Feld leer ist oder mit "X" oder "X" anfängt oder mit "%" beginnt (wertlose Leercodes)
- -2 wenn das Feld mit "999" oder "8000" anfängt (unspezifische Codes)
- -1 wenn das Feld mit "800" anfängt (unspezifische Codes)

Die Histologie mit der höchsten Bewertung kommt in das Feld AUSWERTUNG.Histologie, haben mehrere die gleiche Bewertung, die erste (frühere).

Im Endeffekt kommen auf diese Weise gewöhnlich in erster Linie die diagnostisch relevanten Histologien, sofern diese Kennzeichnung fehlt die älteste (früheste) brauchbare Histologie

## Anhang: Beschreibung einiger wichtiger Algorithmen

nach AUSWERTUNG.Histologie, ist nur eine da, dann diese (wenn nicht leer). Die anderen Felder (Auflage, Grading, usw.) gehören dann zu dieser Histologie.

Bei der Anzahl\_Histologien werden alle untersuchten gezählt, gleich ob schlecht oder gut.

Das zweite Feld AUSWERTUNG.Histologie2 wird nur gefüllt, wenn eine zweite Histologie existiert, die

- zum gleichen Dokument gehört
- und zu den vorgesehenen „Mischtypen“ gehört, also (FF.Histologie ist die relevante, tmp\_his die potentielle zweite Histologie)

```
IF      (FF.Histologie = '85003' AND tmp_his = '85002')
-      OR (FF.Histologie = '80423' AND tmp_his = '80703')
-      OR (FF.Histologie = '85703' AND tmp_his = '85723')
-      OR (FF.Histologie = '85703' AND tmp_his = '85713')
-      THEN
-      FF.Histologie2 := tmp_his;
-      END IF;
```

## TNM-Algorithmus

Mit einem SQL-Statement in der Art

```
SELECT Lfdnr,
       Herkunft,
       Erstellt,
       Y_Symbol,
       M,
       P_T, T,
       P_N, N,
       P_M, Met,
       L,V,S,
       Auflage,
       Stadium ,
       Auswertungs_relevant
FROM   TNM
WHERE  Fk_TumorFk_Patient = :PAT_ID
       AND Fk_TumorTumor_ID = :TUMOR_ID
       AND UPPER(NVL(R_Symbol, 'X')) <> 'R'
ORDER By
       DECODE( Auswertungs_relevant, 'J', 'A', 'j', 'A', 'z'),
       DECODE( LOWER(NVL(P_T, 'x')) , 'p', 'p', 'A'),
       DECODE( Herkunft, 'D', 'D', 'V', 'V', 'Z') , Erstellt ;
```

werden alle TNM des aktuellen Patienten zum aktuellen Tumor selektiert, rTNM (Rezidiv) erwiesen sich jedoch als störend und werden von der where-Klausel ausgeschlossen.

Die Ordnungs-Reihenfolge sieht so aus

- TNM , die als auswertungs\_relevant gekennzeichnet sind, werden immer bevorzugt
- erst kommen die klinischen, dann die pathologischen
- innerhalb dieser kommen
  - erst die aus Diagnosedaten
  - dann die aus Verläufen
  - dann die aus anderen Dokumenten

## **Anhang: Beschreibung einiger wichtiger Algorithmen**

In dieser Reihenfolge werden die TNM durchgegangen. Es gelten folgende Kriterien

- TNM mit ausschließlich leeren Feldern oder "x" darin werden ignoriert
- von den anderen wird genommen
  - das erste greifbare nicht-"p"-TNM ins klinische TNM

das erste greifbare pTNM ins p-TNM

Haben einige Histologien kein Datum, ist die Ordnung gestört und es können unerwartete Effekte auftreten.

### **Algorithmus zur Generierung des besten TNM**

Bei der Generierung des besten TNM werden alle vorhandenen TNM-Einträge chronologisch aufsteigend analysiert. Das heißt Satz für Satz wird überprüft, ob für die jeweilige T, N oder M -Kategorie eine differenziertere Aussage als bei den vorherigen Sätzen erreicht werden kann. In diesem Fall überschreibt die jeweilige Kategorie die bisherige Information. Als Datum für die Sortierung wird das Datum des TNM-Befundes, wenn leer, das des zugehörigen Dokuments genommen.

Unter allen differenzierten Angaben wird grundsätzlich die zeitlich letzte genommen. Wird ein Befund übernommen, so werden gleichzeitig das zugehörige p-Symbol und der Certainty-Faktor und, im Falle der T-Kategorie, L und V Kategorie übernommen.

Am Schluß entscheidet das Vorhandensein eines "p" für T, ob der zusammengestellte TNM als klinischer oder pathologischer TNM gewertet wird. Im entsprechenden Feld "Auswertungsrelevant" wird dann ein "G" eingetragen, um diesen Befund als generiert zu kennzeichnen. Das Datum dieses TNM wird das höchste gefundene Datum eines berücksichtigten TNM.

Folgende TNM-Sätze werden für die Zusammenstellung der Kategorien nicht berücksichtigt:

- Das y-Symbol ist nicht leer
- Das r-Symbol ist nicht leer

Darüber hinaus können Abbruchkriterien definiert werden, die die Zahl der zu berücksichtigenden TNM-Einträge begrenzt:

- Abbruch beim ersten "rTNM" (r-Symbol ist nicht leer)
- Abbruch nach einem bestimmten Zeitraum (z.B. halbes Jahr)

Grundsätzlich gilt für jede Kategorie:

- Sie darf nicht leer sein.
- Das zugehörige p-Symbol muß "p", "c" oder leer sein.
- Der zugehörige C-Faktor muß leer, "X" oder "1"- "5" sein.

Sind diese Bedingungen erfüllt, so gilt für **T** und **N**:

- Klinische Befunde werden nur berücksichtigt, wenn noch kein pathologischer Befund eingetragen ist. Ist dies erfüllt:
  - Ein bestehender Eintrag von X oder ein fehlender Eintrag wird immer überschrieben

## **Anhang:** Beschreibung einiger wichtiger Algorithmen

- Ein von X verschiedener Eintrag überschreibt immer einen bestehenden Eintrag. Dies gilt jedoch nur, wenn damit ein autoptischer TNM (C5) keinen pathologischen TNM überschreibt, sprich, wenn nicht der Tumor bereits zu Lebzeiten mittels OP gesichert wurde.

Im Falle der M-Kategorie gilt eine andere Gewichtung, da pathologische Befunde anders gewertet werden müssen (pMX und pM0 haben eine schwache Aussagekraft):

- Es wird nur die erste Stelle der M-Kategorie berücksichtigt
- Bestehende Einträge, die von 0, 1, und X verschieden sind, werden auf alle Fälle überschrieben.
- Ein pM1 überschreibt alle anderen Einträge
- M1 überschreibt 0 und X
- Nur klinische M0 überschreiben 0 und X
- Nur klinische MX überschreiben X

Anschließend wird für die M-Kategorie noch überprüft, ob in der Tabelle Metastasen Datensätze vorhanden sind, die zeitlich vor oder gleich dem höchsten gefundenen TNM-Datum sind. Wenn nicht bereits M1 eingetragen ist, wird M1 als klinischer M1 Befund eingetragen.