

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

ADTGEKID (Spezifikation 2.1.2 V01 ADTGEKID aQua)

STAMMDATEN - PATIENT	
Genau ein Bogen muss ausgefüllt werden	
1-19	Patient
1-19	Patienten Stammdaten
1	KrankenversichertenNr Eindeutige Versicherten-Nummer (Krankenkasse) des Patienten [VERSICHERTENIDNEU] [A-Z]{1}[0-9]{9}
2	KrankenkassenNr Eindeutige Bezeichnung der jeweiligen Krankenkasse oder Versicherung [KASSEIKNR] [0-9]{0,9}
wenn Feld 2 = LEER [BasisErsatzVID]	
3>	Ersatzkode zur KrankenkassenNr [VIDERSATZ]
4	Patienten Nachname Aktueller Nachname des Patienten zum Zeitpunkt der Meldung [NAME]
5	Patienten Titel Alle Titel abgekürzt ggf. durch " " Leerzeichen getrennt [TITEL]
6	Patienten Namenszusatz Alle Namenszusätze ggf. durch " " Leerzeichen getrennt [NAMENZUSATZ]
7	Patienten Vorname Mehrere Vornamen ggf. durch " " Leerzeichen getrennt [VNAME]
8	Patienten Geburtsname [GEBNAME]
9	Patienten Frühere Namen Alle früheren Namen ggf. durch " " Leerzeichen getrennt [FRUEHNAME]
10	Patienten Geschlecht [GESCHLECHTADT]
11	Patienten Geburtsdatum bekannt? [ADTGEBDATUMBEKANNT]
wenn Feld 11 = 1 [BasisGeburtsDatumVoll]	
12>	Patienten Geburtsdatum [ADTGEBDATUM]
wenn Feld 11 = 2 [BasisGeburtsDatumMonat]	
13>	Patienten Geburtsdatum - Monat und Jahr [ADTGEBDATUMMONAT]
wenn Feld 11 = 3 [BasisGeburtsDatumJahr]	
14>	Patienten Geburtsdatum - Jahr [ADTGEBDATUMJAHR]
15	Patienten Straße [STR]
16	Patienten Hausnummer [HAUSNR]
17	Patienten Land [HERKUNFT]
18	Patienten PLZ [PLZ]
19	Patienten Ort [ORT]

MELDUNG	
Mindestens ein Bogen muss ausgefüllt werden	
20-42	Meldung
20	Laufende Nr. Meldung [LFDNRMELDUNG]
21-23	Melder Stammdaten
21	Melder Institutionskennzeichen [IKNRKH] [0-9][9] http://www.dguv.de/arge-ik/index.jsp
22	Melder BSNR [BSNR]
23	Melder ID [IDMELDER]
24-25	Meldebegründung
24	Meldebegründung [MELDEGRUND] I = Patientin/Patient wurde informiert und hat nicht widersprochen A = Ausnahme: Patientenunterrichtung entfallen wegen möglicher gesundheitlicher Nachteile W = Patient hat der personenbezogenen Speicherung widersprochen V = Verstorben
25	Meldeanlass [MELDANLASS] diagnose = Diagnose behandlungsbeginn = Behandlungsbeginn behandlungsende = Behandlungsende statusaenderung = Statusaenderung statusmeldung = Statusmeldung tod = Tod
26-31	Tumorzuordnung
26	Primärtumor ICD-Code [PRIMTUMORICD] [CD]dd(\.ld(d)?? https://www.dimdi.de
27	Diagnosedatum bekannt? [CTUDIAGDATUMBKANNKT] 1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr
wenn Feld 27 = 1 [MeldungDiagnoseDatumVoll]	
28>	Diagnosedatum [CTUDIAGDATUM] .
wenn Feld 27 = 2 [MeldungDiagnoseDatumMonat]	
29>	Diagnosedatum - Monat und Jahr [CTUDIAGDATUMMONAT] .
wenn Feld 27 = 3 [MeldungDiagnoseDatumJahr]	
30>	Diagnosedatum - Jahr [CTUDIAGDATUMJAHR] .
31	Seitenlokalisierung Organspezifische Angabe der betroffenen Seite [SEITENLOK] L = links R = rechts B = beidseitig (sollte bei bestimmten Tumoren 2 Meldungen ergeben) M = Mittellinie/Mittig U = unbekannt T = trifft nicht zu (Seitenangabe nicht sinnvoll, einschließlich Systemerkrankungen)
32-36	Sozialdienstkontakt
wenn Feld 26 IN ICD_MAMMA_KRK [MeldungSozDienstKontakt]	
32>	Sozialdienstkontakt [HATTESOZIALDIENSTKONTAKT] J = Ja N = Nein U = Unbekannt
wenn Feld 32 = 'J' [MeldungSozKontaktDatum]	
33>>	Datum des Sozialdienstkontaktes bekannt? [SOZDKONDATUMBKANNKT] 1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr
wenn Feld 33 = 1 [MeldungSozKontaktDatumVoll]	
34>>>	Datum des Sozialdienstkontaktes [SOZDKONDATUM] .
wenn Feld 33 = 2 [MeldungSozKontaktDatumMonat]	
35>>>	Datum des Sozialdienstkontaktes - Monat und Jahr [SOZDKONDATUMMONAT] .
wenn Feld 33 = 3 [MeldungSozKontaktDatumJahr]	
36>>>	Datum des Sozialdienstkontaktes - Jahr [SOZDKONDATUMJAHR] .
37-41	Studienteilnahme
wenn Feld 26 IN ICD_MAMMA_KRK [MeldungICDStudRek]	
37>	Studienrekrutierung [STUDREKDATUMLIEGTVOR] J = Ja N = Nein - keine Studienteilnahme U = Unbekannt
wenn Feld 37 = 'J' [MeldungStudienrekrutierungBekannt]	
38>>	Datum der Studienrekrutierung bekannt? [STUDREKDATUMBKANNKT] 1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr
wenn Feld 38 = 1 [OpStudRekDatumVoll]	
39>>>	Datum der Studienrekrutierung Einschlussdatum [STUDREKDATUM] .
wenn Feld 38 = 2 [OpStudRekDatumMonat]	
40>>>	Datum der Studienrekrutierung - Jahr und Monat [STUDREKDATUMMONAT] .
wenn Feld 38 = 3 [OpStudRekDatumJahr]	
41>>>	Datum der Studienrekrutierung - Jahr [STUDREKDATUMJAHR] .

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

42	Spezifischer Meldeanlass [BOGENFILTER]
	<div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/></div> <div>1 = Diagnose 2 = Operation 3 = Strahlentherapie 4 = Systemische Therapie 5 = Verlauf bis Tod 6 = Tumorkonferenz</div>

<div>DIAGNOSE</div> <div>Höchstens ein Bogen darf ausgefüllt werden</div>		<div>45</div> <div>Primärtumor Topographie ICD-O</div> <div>[PRIMTUMORICDO]</div> <div>Cicdi.i.\d(d)?</div> <div>https://www.dimdi.de/static/de/klassifikationen/icd/icd-o-3/icdo3rev1html/</div> <div></div>		<div>47</div> <div>Diagnosesicherung</div> <div>[DIAGSICHERUNG]</div> <div></div> <div>1 = klinisch ohne tumorspezifische Diagnostik (nur körperliche Untersuchung)</div> <div>2 = klinisch</div> <div>4 = spezifische Tumormarker</div> <div>5 = zytologisch</div> <div>6 = Histologie einer Metastase</div> <div>7 = histologisch</div> <div>9 = unbekannt</div>	
<div>43-146</div> <div>Diagnose</div>		<div>46</div> <div>Primärtumor Topographie ICD-O</div> <div>Freitext</div> <div>[PRIMTUMORTEXT]</div> <div></div>			
<div>43</div> <div>Laufende Nr. Diagnose</div> <div>[LFDNRDIAG]</div> <div></div>					
<div>44</div> <div>Primärtumor Diagnosetext</div> <div>[PRIMTUMDIAGTEXT]</div> <div></div>					

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

DIAGNOSE - FRÜHERE TUMORERKRANKUNGEN	
Bogen kann mehrfach ausgefüllt werden	
48-54	Diagnose - Frühere Tumorerkrankung
48	Laufende Nr. Frühere Tumorerkrankung [LFDNRFUEHTUMORDIAG] <div style="text-align: right;">□ □</div>
49	Frühere Tumorerkrankung [TUMORFRUEH] <div style="text-align: right;">□ □ □ □</div>
50	ICD-Code [ICDCODE] {CD}{d}{d}(\{d\}{d}){d}{d}?? https://www.dimdi.de <div style="text-align: right;">□ □ □ . □ □</div>
51	Diagnosedatum bekannt? [FRUEHDIAGDATUMBEKANNT] <div style="text-align: right;">□</div> 1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr
wenn Feld 51 = 1 [DiagFruehTumDiagDatumVoll]	
52>	Diagnosedatum [FRUEHDIAGDATUM] <div style="text-align: right;">□ □ . □ □ . □ □ □ □</div>
wenn Feld 51 = 2 [DiagFruehTumDiagDatumMonat]	
53>	Diagnosedatum - Monat und Jahr [FRUEHDIAGDATUMMONAT] <div style="text-align: right;">□ □ . □ □ □ □</div>
wenn Feld 51 = 3 [DiagFruehTumDiagDatumJahr]	
54>	Diagnosedatum - Jahr [FRUEHDIAGDATUMJAHR] <div style="text-align: right;">□ □ □ □</div>

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

DIAGNOSE - HISTOLOGIE					
Bogen kann mehrfach ausgefüllt werden					
55-67	Diagnose - Histologie				
55	Laufende Nr. Histologie [LFDNRHISTOLOGIEDIAG]				
56	Tumor Histologiedatum bekannt? [MANIFESTDATUMBKANNTDIAG]				
1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr					
wenn Feld 56 = 1 [DiagHistManiDatumVoll]					
57>	Tumor Histologiedatum [MANIFESTDATUMDIAG]				
wenn Feld 56 = 2 [DiagHistManiDatumMonat]					
58>	Tumor Histologiedatum - Monat und Jahr [MANIFESTDATUMMONATDIAG]				
wenn Feld 56 = 3 [DiagHistManiDatumJahr]					
59>	Tumor Histologiedatum - Jahr [MANIFESTDATUMJAHRDIAG]				
60	Histologie-Einsendenummer [HISTOSENDENRDIAG]				
61	Morphologie-Code nach ICD-O Morphologie [MORPHCODEDIAG] [MORPHCODEDIAG] https://www.dimdi.de/static/de/klassifikationen/icd/icd-o-3/icdo3rev1.html/				
62	Morphologie-Freitext [MORPHTEXTDIAG]				
63	Grading [GRADINGDIAG]				
0 = malignes Melanom der Konjunktiva 1 = gut differenziert 2 = mäßig differenziert 3 = schlecht differenziert 4 = undifferenziert X = nicht bestimmbar L = low grade (G1 oder G2) M = intermediate (G2 oder G3) H = high grade (G3 oder G4) B = Borderline U = unbekannt T = trifft nicht zu					
64	Anzahl der untersuchten Lymphknoten [LKUSUDIAG]				
wenn Feld 64 <= LEER [DiagHistUntersuchteLymphknoten]					
65>	Anzahl der befallenen Lymphknoten [LKBEFALLDIAG]				
66	Anzahl der untersuchten Sentinel-Lymphknoten [SENTINELKUSUDIAG]				
wenn Feld 66 <= LEER [DiagHistSentinelLymphknoten]					
67>	Anzahl der befallenen Sentinel-Lymphknoten [SENTINELKBEFALLDIAG]				

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

DIAGNOSE - FERNMETASTASEN	
Bogen kann mehrfach ausgefüllt werden	
68-73	Diagnose - Fernmetastasen
68	Laufende Nr. Fernmetastase <small>[LFDNRFERNMETADIAG]</small> <div style="text-align: right;">□ □</div>
wenn Feld 73 <> LEER [DiagFMLokVonFernmetastasen]	
69>	Datum der diagnostischen Sicherung von Fernmetastasen bekannt? <small>[FMDIAGDATUMBEKANNTDIAG]</small> <div style="text-align: right;">□</div> 1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr
wenn Feld 69 = 1 [DiagFMDiagnoseDatumVoll]	
70>>	Datum der Fernmetastasen <small>[FMDIAGDATUMDIAG]</small> <div style="text-align: right;">□ □ . □ □ . □ □ □ □</div>
wenn Feld 69 = 2 [DiagFMDiagnoseDatumMonat]	
71>>	Datum der Fernmetastasen - Monat und Jahr <small>[FMDIAGDATUMMONATDIAG]</small> <div style="text-align: right;">□ □ . □ □ □ □</div>
wenn Feld 69 = 3 [DiagFMDiagnoseDatumJahr]	
72>>	Datum der Fernmetastasen - Jahr <small>[FMDIAGDATUMJAHRDIAG]</small> <div style="text-align: right;">□ □ □ □</div>
73	Lokalisation von Fernmetastasen <small>[FMLOKDIAG]</small> <div style="text-align: right;">□ □ □</div> ADR = Nebennieren BRA = Hirn GEN = Generalisierte Metastasierung HEP = Leber LYM = Lymphknoten MAR = Knochenmark OSS = Knochen OTH = Andere Organe PER = Peritoneum PLE = Pleura PUL = Lunge SKI = Haut

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

DIAGNOSE		wenn Feld 81 <> LEER [DiagTNMTC]		88-91 TNM-Klassifikation L-, V-, Pn-, S-Kategorie	
Höchstens ein Bogen darf ausgefüllt werden					
74-109	TNM-Klassifikation			88	TNM L-Kategorie [TNMLDIAG]
74-91	Klinische TNM-Klassifikation				
74	TNM Datum bekannt? [TNMDATUMBEKANNTDIAG]	82>	TNM T-Kategorie [TNMTDIAG] Schlüssel 2		
	1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr	83	TNM m-Symbol [TNMMDIAG]		L0 = Keine Lymphgefäßinvasion L1 = Lymphgefäßinvasion LX = Lymphgefäßinvasion kann nicht beurteilt werden
wenn Feld 74 = 1 [DiagTNMDatumVoll]		84	TNM c/p/u-Präfix N [TNMCPUNDIAG]	89	TNM V-Kategorie [TNMVDIAG]
75>	TNM Datum [TNMDATUMDIAG]		c = Kategorie wurde durch klinische Angaben festgestellt, bzw. erfüllt die Kriterien für p nicht p = Feststellung der Kategorie erfolgte durch eine pathohistologische Untersuchung, mit der auch der höchste Grad der jeweiligen Kategorie hätte festgestellt werden können u = Feststellung mit Ultraschall (Unterkategorie von c mit besonderer diagnostischer Relevanz, z.B. beim Rektumkarzinom)		V0 = Keine Veneninvasion V1 = Mikroskopische Veneninvasion V2 = Makroskopische Veneninvasion VX = Veneninvasion kann nicht beurteilt werden
wenn Feld 74 = 2 [DiagTNMDatumMonat]		wenn Feld 84 <> LEER [DiagTNMNN]		90	TNM Pn-Kategorie [TNMPNDIAG]
76>	TNM Datum - Monat und Jahr [TNMDATUMMONATDIAG]	85>	TNM N-Kategorie entitätsspezifisch, einschließlich Zusatzangaben wie (i+/-) und (mol+/-) [TNMNDIAG]		Pn0 = Keine perineurale Invasion Pn1 = Perineurale Invasion PnX = Perineurale Invasion kann nicht beurteilt werden
wenn Feld 74 = 3 [DiagTNMDatumJahr]		86	TNM c/p/u-Präfix M [TNMCPUMDIAG]	wenn Feld 26 IN ICD_HODEN [MeldungPTNms]	
77>	TNM Datum - Jahr [TNMDATUMJAHRDIAG]		c = Kategorie wurde durch klinische Angaben festgestellt, bzw. erfüllt die Kriterien für p nicht p = Feststellung der Kategorie erfolgte durch eine pathohistologische Untersuchung, mit der auch der höchste Grad der jeweiligen Kategorie hätte festgestellt werden können u = Feststellung mit Ultraschall (Unterkategorie von c mit besonderer diagnostischer Relevanz, z.B. beim Rektumkarzinom)	91>	TNM S-Kategorie [TNMSDIAG]
78	TNM y-Symbol [TNMYDIAG]		Schlüssel 3		S0 = Serumtumormarker innerhalb der normalen Grenzen S1 = Wenigstens einer der Serumtumormarker erhöht: LDH < 1,5N Und HCG < 5000 Und AFP < 1000 S2 = Wenigstens einer der Serumtumormarker erhöht: LDH = 1,5 - 10N Oder HCG = 5000 - 50000 Oder AFP 1000 - 10000 S3 = Wenigstens einer der Serumtumormarker erhöht: LDH > 10N Oder HCG > 50000 Oder AFP > 10000 SX = Werte der Serumtumormarker nicht verfügbar oder entsprechende Untersuchungen nicht vorgenommen
79	TNM r-Symbol [TNMRDIAG]	wenn Feld 86 <> LEER [DiagTNMM2C]		92-109	Pathologische TNM-Klassifikation
	r = Klassifikation erfolgte zur Beurteilung eines Rezidivs	87>	TNM M-Kategorie Teilweise entitätsspezifisch, einschließlich Zusatzangaben wie (i+/-) und (mol+/-) [TNMMD2DIAG]	92	TNM Datum bekannt? [TNMDATUMBEKANNTDIAGPATH]
80	TNM a-Symbol [TNMADIAG]		0 = 0 0(i-) = 0(i-) 0(i+) = 0(i+) 0(mol-) = 0(mol-) 0(mol+) = 0(mol+) 1 = 1 1a = 1a 1b = 1b 1c = 1c 1d = 1d 1e = 1e		1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr
81	TNM c/p/u-Präfix T [TNMCPUTDIAG]			wenn Feld 92 = 1 [DiagTNMpathDatumVoll]	
	c = Kategorie wurde durch klinische Angaben festgestellt, bzw. erfüllt die Kriterien für p nicht p = Feststellung der Kategorie erfolgte durch eine pathohistologische Untersuchung, mit der auch der höchste Grad der jeweiligen Kategorie hätte festgestellt werden können u = Feststellung mit Ultraschall (Unterkategorie von c mit besonderer diagnostischer Relevanz, z.B. beim Rektumkarzinom)			93>	TNM Datum [TNMDATUMDIAGPATH]

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

wenn Feld 92 = 2 [DiagTNMpathDatumMonat] 94> TNM Datum - Monat und Jahr [TNMDATUMMONATDIAGPATH] <div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> </div>		102 TNM c/p/u-Präfix N [TNMCPUNDIAGPATH] <div> <div></div> </div> <p>c = Kategorie wurde durch klinische Angaben festgestellt, bzw. erfüllt die Kriterien für p nicht</p> <p>p = Feststellung der Kategorie erfolgte durch eine pathohistologische Untersuchung, mit der auch der höchste Grad der jeweiligen Kategorie hätte festgestellt werden können</p> <p>u = Feststellung mit Ultraschall (Unterategorie von c mit besonderer diagnostischer Relevanz, z.B. beim Rektumkarzinom)</p>	107 TNM V-Kategorie [TNMVDIAGPATH] <div> <div></div> <div></div> </div> <p>V0 = Keine Veneninvasion V1 = Mikroskopische Veneninvasion V2 = Makroskopische Veneninvasion VX = Veneninvasion kann nicht beurteilt werden</p>
wenn Feld 92 = 3 [DiagTNMpathDatumJahr] 95> TNM Datum - Jahr [TNMDATUMJAHRDIAGPATH] <div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> </div>		103 TNM N-Kategorie entitätsspezifisch, einschließlich Zusatzangaben wie (i+/-) und (mol+/-) [TNMNDIAGPATH] <div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> </div> <p>Schlüssel 3</p>	108 TNM Pn-Kategorie [TNMPNDIAGPATH] <div> <div></div> <div></div> <div></div> </div> <p>Pn0 = Keine perineurale Invasion Pn1 = Perineurale Invasion PnX = Perineurale Invasion kann nicht beurteilt werden</p>
96 TNM y-Symbol [TNMYDIAGPATH] <div> <div></div> </div> <p>y = Klassifikation erfolgte während oder nach initialer multimodaler Therapie</p>	104 TNM c/p/u-Präfix M [TNMCPUMDIAGPATH] <div> <div></div> </div> <p>c = Kategorie wurde durch klinische Angaben festgestellt, bzw. erfüllt die Kriterien für p nicht</p> <p>p = Feststellung der Kategorie erfolgte durch eine pathohistologische Untersuchung, mit der auch der höchste Grad der jeweiligen Kategorie hätte festgestellt werden können</p> <p>u = Feststellung mit Ultraschall (Unterategorie von c mit besonderer diagnostischer Relevanz, z.B. beim Rektumkarzinom)</p>	109 TNM S-Kategorie [TNMSDIAGPATH] <div> <div></div> <div></div> </div> <p>S0 = Serumtumormarker innerhalb der normalen Grenzen S1 = Wenigstens einer der Serumtumormarker erhöht: LDH < 1,5N Und HCG < 5000 Und AFP < 1000 S2 = Wenigstens einer der Serumtumormarker erhöht: LDH = 1,5 - 10N Oder HCG = 5000 - 50000 Oder AFP 1000 - 10000 S3 = Wenigstens einer der Serumtumormarker erhöht: LDH > 10N Oder HCG > 50000 Oder AFP > 10000 SX = Werte der Serumtumormarker nicht verfügbar oder entsprechende Untersuchungen nicht vorgenommen</p>	
97 TNM r-Symbol [TNMRDIAGPATH] <div> <div></div> </div> <p>r = Klassifikation erfolgte zur Beurteilung eines Rezidivs</p>	105 TNM M-Kategorie Teilweise entitätsspezifisch, einschließlich Zusatzangaben wie (i+/-) und (mol+/-) [TNMM2DIAGPATH] <div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> </div> <p>0 = 0 0(i-) = 0(i-) 0(i+) = 0(i+) 0(mol-) = 0(mol-) 0(mol+) = 0(mol+) 1 = 1 1a = 1a 1b = 1b 1c = 1c 1d = 1d 1e = 1e</p>		
98 TNM a-Symbol [TNMADIAGPATH] <div> <div></div> </div> <p>a = Klassifikation erfolgte durch Autopsie</p>	106-109 TNM-Klassifikation L-, V-, Pn-, S-Kategorie [TNMLDIAGPATH] <div> <div></div> <div></div> </div> <p>L0 = Keine Lymphgefäßinvasion L1 = Lymphgefäßinvasion LX = Lymphgefäßinvasion kann nicht beurteilt werden</p>		
99 TNM c/p/u-Präfix T [TNMCPUTDIAGPATH] <div> <div></div> </div> <p>c = Kategorie wurde durch klinische Angaben festgestellt, bzw. erfüllt die Kriterien für p nicht</p> <p>p = Feststellung der Kategorie erfolgte durch eine pathohistologische Untersuchung, mit der auch der höchste Grad der jeweiligen Kategorie hätte festgestellt werden können</p> <p>u = Feststellung mit Ultraschall (Unterategorie von c mit besonderer diagnostischer Relevanz, z.B. beim Rektumkarzinom)</p>			
100 TNM T-Kategorie [TNMTDIAGPATH] <div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> </div> <p>Schlüssel 2</p>			
101 TNM m-Symbol [TNMMDIAGPATH] <div> <div></div> <div></div> <div></div> <div></div> </div>			

Diagnose - Weitere Klassifikationen	
Bogen kann mehrfach ausgefüllt werden	
110-117	Diagnose - Weitere Klassifikationen
110	<p>Laufende Nr. Weitere Klassifikation [LFDNRWEITKLASSDIAG]</p> <p style="text-align: right;">□□</p>
111	<p>Weitere Klassifikation: Datum bekannt? [WKDATUMBKANNTDIAG]</p> <p style="text-align: right;">□</p> <p>1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr</p>
wenn Feld 111 = 1 [DiagWKDatumVoll]	
112>	<p>Weitere Klassifikation: Datum [WKDATUMDIAG]</p> <p style="text-align: right;">□□.□□.□□□□</p>
wenn Feld 111 = 2 [DiagWKDatumMonat]	
113>	<p>Weitere Klassifikation: Datum - Monat und Jahr [WKDATUMMONATDIAG]</p> <p style="text-align: right;">□□.□□□□</p>
wenn Feld 111 = 3 [DiagWKDatumJahr]	
114>	<p>Weitere Klassifikation: Datum - Jahr [WKDATUMJAHRDIAG]</p> <p style="text-align: right;">□□□□</p>
115	<p>Weitere Klassifikation: Name [WKNAMEDIAG]</p> <p>□□□□□□□□□□□□□□□□</p> <p style="text-align: right;">□□□□</p> <p>Schlüssel 4</p>
wenn Feld 115 = 'sonstige' [DiagWeitereKlassifikationSonstige]	
116>	<p>Weitere Klassifikation: Sonstige [WKNAMESONSTIGEDIAG]</p> <p>□□□□□□□□□□□□□□□□</p> <p>□□□□□□□□□□□□□□□□</p> <p>□□□□□□□□□□□□□□□□</p> <p>□□□□□□□□□□□□□□□□</p> <p>□□□□□□□□□□□□□□□□</p> <p style="text-align: right;">□□□□</p>

117	<p>Weitere Klassifikation: Stadium</p> <p>z.B. Ann-Arbor (Stadium I - IV, Zusatz mit den Ausprägungen A, B, E und S)</p> <p>[WKSTADIUMDIAG]</p>
-----	--

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

DIAGNOSE	
Höchstens ein Bogen darf ausgefüllt werden	
118-121	Organspezifische Dokumentation: Mammakarzinom
wenn Feld 26 IN ICD_MAMMA [Meldung]CDMamma]	
118>	Prätherapeutischer Menopausenstatus Prämenopausal umfasst Perimenopausal [PRAEMENOPSTAT] <div> <input type="checkbox"/> </div> 1 = Prämenopausal 3 = Postmenopausal U = unbekannt
119>	HormonrezeptorStatus: Östrogen [HORMREZSTAOEST] <div> <input type="checkbox"/> </div> P = positiv (IRS >= 1) N = negativ U = unbekannt
120>	HormonrezeptorStatus: Progesteron [HORMREZSTAPROG] <div> <input type="checkbox"/> </div> P = positiv (IRS >= 1) N = negativ U = unbekannt
121>	Her2neu Status [HER2NEUSTATUS] <div> <input type="checkbox"/> </div> P = positiv, d.h. (IHC +++) Oder (IHC ++ und ISH (FISH, CISH o. Ä.) positiv) N = negativ U = unbekannt
122-126	Organspezifische Dokumentation: Kolorektales Karzinom
wenn Feld 26 IN ICD_REKTUM [Meldung]CDRektum]	
122>	Rektum: Abstand des Tumorunterrandes zur Anokutanlinie bekannt [REKTUMHATANOKUTANLINIE] <div> <input type="checkbox"/> </div> J = Ja U = Nein, unbekannt
wenn Feld 122 = 'J' [DiagRektumAbstandAnokutanlinie]	
123>>	Rektum: Abstand des Tumorunterrandes zur Anokutanlinie [REKTUMABSTANDANOKUTANLINIE] <div> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> cm </div>
wenn Feld 26 IN ICD_REKTUM [Meldung]CDRektum]	
124>	Rektum: MRT oder Dünnschicht-CT durchgeführt mit Angabe Abstand mesorektale Faszie [CTMRTDURCHGEFUEHRT] <div> <input type="checkbox"/> </div> J = Ja D = durchgeführt, aber Abstand nicht angegeben N = Nein (MRT/CT nicht durchgeführt) U = unbekannt
wenn Feld 124 = 'J' [DiagHatCtMrtBekommen]	
125>>	Rektum: Abstand zur mesorektalen Faszie [REKTUMMRTDUENNEMESOREKTALEFASZIE] <div> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> mm </div>
wenn Feld 26 IN ICD_KRK [MeldungRASMutation]	
126>	Mutation K-ras-Onkogen [RASMUTATION] <div> <input type="checkbox"/> </div> W = Wildtyp M = Mutation U = unbekannt N = nicht untersucht
127-144	Organspezifische Dokumentation: Prostatakarzinom
127	Primärer Gleason Grad zum Gleason-Score [GLEASONGRADPRIMAERDIAG] <div> <input type="checkbox"/> </div> 1 = 1 2 = 2 3 = 3 4 = 4 5 = 5
128	Sekundärer Gleason Grad zum Gleason-Score [GLEASONGRADSEKUNDAERDIAG] <div> <input type="checkbox"/> </div> 1 = 1 2 = 2 3 = 3 4 = 4 5 = 5
129	Ergebnis Gleason-Score [GLEASONSCOREDIAG] <div> <input type="text"/> <input type="text"/> </div> 2 = 2 3 = 3 4 = 4 5 = 5 6 = 6 7 = 7 7a = 7a 7b = 7b 8 = 8 9 = 9 10 = 10
130	Anlass Gleason [GLEASONSCOREANLASSDIAG] <div> <input type="checkbox"/> </div> O = Op S = Stanze U = Unbekannt
131	Datum der Entnahme der Stanzen bekannt? [DATUMSTANZENBEKANNTDIAG] <div> <input type="checkbox"/> </div> 1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr
wenn Feld 131 = 1 [DiagDatumStanzenVoll]	
132>	Datum der Entnahme der Stanzen [DATUMSTANZENDIAG] <div> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> </div>
wenn Feld 131 = 2 [DiagDatumStanzenMonat]	
133>	Datum der Entnahme der Stanzen - Monat und Jahr [DATUMSTANZENMONATDIAG] <div> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> </div>
wenn Feld 131 = 3 [DiagDatumStanzenJahr]	
134>	Datum der Entnahme der Stanzen - Jahr [DATUMSTANZENJAHRDIAG] <div> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> </div>
135	Anzahl der entnommenen Stanzen [ANZAHLSTANZENDIAG] <div> <input type="text"/> <input type="text"/> </div>
136	Anzahl der positiven Stanzen [ANZAHLPOSSTANZENDIAG] <div> <input type="text"/> <input type="text"/> </div>

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

137	Ca-Befall Stanze - in Prozent [CABEFALLSTANZEPROZENTDIAG] <div style="text-align: right;"> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> % </div>	<div style="background-color: #007bff; color: white; padding: 2px;">146-146</div> Anmerkungen zur Diagnose
138	Ca-Befall Stanze - unbekannt [CABEFALLSTANZEUNBEKANNTDIAG] <div style="text-align: right;"> <input type="checkbox"/> </div> <p>U = Unbekannt</p>	<div style="background-color: #f2f2f2; padding: 2px;">146</div> Anmerkungen [ANMERKUNGDIAG] <div style="border: 1px solid #ccc; height: 200px; margin-top: 5px;"></div>
139	PSA-Wert [PSADIAG] <div style="text-align: right;"> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> , <input type="text"/> <input type="text"/> ng/ml </div>	
140	Datum der Blutentnahme zur PSA-Bestimmung bekannt? [PSADATUMBEKANNTDIAG] <div style="text-align: right;"> <input type="checkbox"/> </div> <p>1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr</p>	
wenn Feld 140 = 1 [DiagPSADatumVol]		
141>	Datum der Blutentnahme zur PSA-Bestimmung [PSADATUMDIAG] <div style="text-align: right;"> <input type="text"/> <input type="text"/> . <input type="text"/> <input type="text"/> . <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> </div>	
wenn Feld 140 = 2 [DiagPSADatumMonat]		
142>	Datum der Blutentnahme zur PSA-Bestimmung - Monat und Jahr [PSADATUMMONATDIAG] <div style="text-align: right;"> <input type="text"/> <input type="text"/> . <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> </div>	
wenn Feld 140 = 3 [DiagPSADatumJahr]		
143>	Datum der Blutentnahme zur PSA-Bestimmung - Jahr [PSADATUMJAHRDIAG] <div style="text-align: right;"> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> </div>	
144	Postoperative Komplikation [KOMPLCLAVIENDINDODIAG] <div style="text-align: right;"> <input type="checkbox"/> </div> <p>J = ja N = keine oder höchstens Grad II U = unbekannt</p>	
145	Allgemeiner Leistungszustand Karnofsky [ALGZUSTANDDIAG] <div style="text-align: right;"> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> % </div> <p>Schlüssel 5</p>	<div style="text-align: right;"> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> </div>

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

OPERATION		154-165 Histologie		160 Morphologie-Freitext
Bogen kann mehrfach ausgefüllt werden				[MORPHTEXTOP]
147-221	Operation	154		
147	Laufende Nr. Operation [LFDNROP]		Tumor Histologiedatum bekannt? [MANIFESTDATUMBKANNTOP]	
			1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr	
148	Intention der Operation [OPINTENTION]	wenn Feld 154 = 1 [OpManiDatumVoll]		
	K = kurativ P = palliativ D = diagnostisch R = Revision/Komplikation S = sonstiges X = Fehlende Angabe	155>	Tumor Histologiedatum [MANIFESTDATUMOP]	
149	OP Datum bekannt? [OPDATUMBKANNT]	wenn Feld 154 = 2 [OpManiDatumMonat]		
	1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr	156>	Tumor Histologiedatum - Monat und Jahr [MANIFESTDATUMMONATOP]	
wenn Feld 149 = 1 [OpOperationsDatumVoll]		wenn Feld 154 = 3 [OpManiDatumJahr]		
150>	OP Datum [OPDATUM]	157>	Tumor Histologiedatum - Jahr [MANIFESTDATUMJAHROP]	
wenn Feld 149 = 2 [OpOperationsDatumMonat]		158	Histologie-Einsendenummer [HISTOSENDENROP]	
151>	OP Datum - Monat und Jahr [OPDATUMMONAT]	159	Morphologie-Code nach ICD-O Morphologie [MORPHCODEOP] <small>icdoidid</small> https://www.dimdi.de/static/de/klassifikationen/icd/icd-o-3/icdo3rev1html/	
wenn Feld 149 = 3 [OpOperationsDatumJahr]				
152>	OP Datum - Jahr [OPDATUMJAHR]			
153	OP OPS [OPOPS] 5-([0-9])(2)([a-zA-Z0-9])(1)\.([a-zA-Z0-9])(1,2))?(;([RLBrib]))? https://www.dimdi.de			
	1. — . 2. — . 3. — . 4. — . 5. — .			

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

161	Grading [GRADINGOP] <div> <input type="checkbox"/> </div> <p> 0 = malignes Melanom der Konjunktiva 1 = gut differenziert 2 = mäßig differenziert 3 = schlecht differenziert 4 = undifferenziert X = nicht bestimmbar L = low grade (G1 oder G2) M = intermediate (G2 oder G3) H = high grade (G3 oder G4) B = Borderline U = unbekannt T = trifft nicht zu </p>	wenn Feld 166 = 3 [OpTNMDatumJahr]	169> TNM Datum - Jahr [TNMDATUMJAHROP] <div> <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> </div>	wenn Feld 176 ⇔ LEER [OpTNMN]	177> TNM N-Kategorie entitätsspezifisch, einschließlich Zusatzangaben wie (i+/-) und (mol+/-) [TNMNOP] <div> <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> </div> <p>Schlüssel 3</p>
162	Anzahl der untersuchten Lymphknoten [LKUSUOP] <div> <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> </div>	170 TNM y-Symbol [TNMYOP] <div> <input type="checkbox"/> </div> <p>y = Klassifikation erfolgte während oder nach initialer multimodaler Therapie</p>	171 TNM r-Symbol [TNMROP] <div> <input type="checkbox"/> </div> <p>r = Klassifikation erfolgte zur Beurteilung eines Rezidivs</p>	178 TNM c/p/u-Präfix M [TNMCPUMOP] <div> <input type="checkbox"/> </div> <p> c = Kategorie wurde durch klinische Angaben festgestellt, bzw. erfüllt die Kriterien für p nicht p = Feststellung der Kategorie erfolgte durch eine pathohistologische Untersuchung, mit der auch der höchste Grad der jeweiligen Kategorie hätte festgestellt werden können u = Feststellung mit Ultraschall (Unterategorie von c mit besonderer diagnostischer Relevanz, z.B. beim Rektumkarzinom) </p>	
wenn Feld 162 ⇔ LEER [OpUntersuchteLymphknoten]		172 TNM a-Symbol [TNMAOP] <div> <input type="checkbox"/> </div> <p>a = Klassifikation erfolgte durch Autopsie</p>	wenn Feld 178 ⇔ LEER [OpTNMM2]		
163>	Anzahl der befallenen Lymphknoten [LKBEFALLOP] <div> <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> </div>	173 TNM c/p/u-Präfix T [TNMCPUTOP] <div> <input type="checkbox"/> </div> <p> c = Kategorie wurde durch klinische Angaben festgestellt, bzw. erfüllt die Kriterien für p nicht p = Feststellung der Kategorie erfolgte durch eine pathohistologische Untersuchung, mit der auch der höchste Grad der jeweiligen Kategorie hätte festgestellt werden können u = Feststellung mit Ultraschall (Unterategorie von c mit besonderer diagnostischer Relevanz, z.B. beim Rektumkarzinom) </p>	179> TNM M-Kategorie Teilweise entitätsspezifisch, einschließlich Zusatzangaben wie (i+/-) und (mol+/-) [TNMM2OP] <div> <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> </div> <p> 0 = 0 0(i-) = 0(i-) 0(i+) = 0(i+) 0(mol-) = 0(mol-) 0(mol+) = 0(mol+) 1 = 1 1a = 1a 1b = 1b 1c = 1c 1d = 1d 1e = 1e </p>		
164	Anzahl der untersuchten Sentinel-Lymphknoten [SENTINELKUSUOP] <div> <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> </div>	wenn Feld 164 ⇔ LEER [OpSentinellLymphknoten]		180-183 TNM-Klassifikation L-, V-, Pn-, S-Kategorie	
165>	Anzahl der befallenen Sentinel-Lymphknoten [SENTINELKBEFALLOP] <div> <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> </div>	wenn Feld 173 ⇔ LEER [OpTNMT]		180 TNM L-Kategorie [TNMLOP] <div> <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> </div> <p> L0 = Keine Lymphgefäßinvasion L1 = Lymphgefäßinvasion LX = Lymphgefäßinvasion kann nicht beurteilt werden </p>	
166-183	TNM-Klassifikation	174> TNM T-Kategorie [TNMTOP] <div> <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> </div> <p>Schlüssel 2</p>		181 TNM V-Kategorie [TNMVOP] <div> <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> </div> <p> V0 = Keine Veneninvasion V1 = Mikroskopische Veneninvasion V2 = Makroskopische Veneninvasion VX = Veneninvasion kann nicht beurteilt werden </p>	
166	TNM Datum bekannt? [TNMDATUMBKANNTOP] <div> <input type="checkbox"/> </div> <p> 1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr </p>	175 TNM m-Symbol [TNMMOP] <div> <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> </div>			
wenn Feld 166 = 1 [OpTNMDatumVoll]		176 TNM c/p/u-Präfix N [TNMCPUNOP] <div> <input type="checkbox"/> </div> <p> c = Kategorie wurde durch klinische Angaben festgestellt, bzw. erfüllt die Kriterien für p nicht p = Feststellung der Kategorie erfolgte durch eine pathohistologische Untersuchung, mit der auch der höchste Grad der jeweiligen Kategorie hätte festgestellt werden können u = Feststellung mit Ultraschall (Unterategorie von c mit besonderer diagnostischer Relevanz, z.B. beim Rektumkarzinom) </p>			
167>	TNM Datum [TNMDATUMOP] <div> <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/>.<input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> </div>				
wenn Feld 166 = 2 [OpTNMDatumMonat]					
168>	TNM Datum - Monat und Jahr [TNMDATUMMONATOP] <div> <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/>.<input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> </div>				

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

182	TNM Pn-Kategorie [TNMNPNO] <div style="text-align: right;">□ □ □</div> <p>Pn0 = Keine perineurale Invasion Pn1 = Perineurale Invasion PnX = Perineurale Invasion kann nicht beurteilt werden</p>	186	OP Komplikationen [OPKOMP] <div style="text-align: right;">1. □ □ □ 2. □ □ □ 3. □ □ □ 4. □ □ □ 5. □ □ □ 6. □ □ □ 7. □ □ □ 8. □ □ □ 9. □ □ □ 10. □ □ □</div> <p>Schlüssel 6</p>	wenn Feld 26 IN ICD_MAMMA [MeldungICDMamma2] 191> Tumorgröße DCIS zu beurteilen [DCISBEURTEILEN] <div style="text-align: right;">□</div> <p>J = Ja U = Nein, nicht zu beurteilen 0 = kein DCIS, oder invasiver Anteil vorhanden</p>
wenn Feld 26 IN ICD_HODEN [MeldungPTnms2] 183> TNM S-Kategorie [TNMSOP] <div style="text-align: right;">□ □</div> <p>S0 = Serumentumormarker innerhalb der normalen Grenzen S1 = Wenigstens einer der Serumentumormarker erhöht: LDH < 1,5N Und HCG < 5000 Und AFP < 1000 S2 = Wenigstens einer der Serumentumormarker erhöht: LDH = 1,5 - 10N Oder HCG = 5000 - 50000 Oder AFP 1000 - 10000 S3 = Wenigstens einer der Serumentumormarker erhöht: LDH > 10N Oder HCG > 50000 Oder AFP > 10000 SX = Werte der Serumentumormarker nicht verfügbar oder entsprechende Untersuchungen nicht vorgenommen</p>		187-192 Organspezifische Dokumentation: Mammakarzinom wenn Feld 26 IN ICD_MAMMA [MeldungICDMamma2] 187> Präoperative Drahtmarkierung durch Bildgebung gesteuert [PRAEOPDRAHTMARKIERUNG] <div style="text-align: right;">□</div> <p>M = Mammografie S = Sonografie T = MRT N = keine Drahtmarkierung durch Bildgebung U = unbekannt</p>		
184-185	Residualstatus 184 Beurteilung des lokalen Residualstatus nach Abschluss der Operation [RESISTATUSOP] <div style="text-align: right;">□ □ □ □ □ □ □</div> <p>R0 = kein Residualtumor R1 = Mikroskopischer Residualtumor R2 = Makroskopischer Residualtumor R1(is) = In-Situ-Rest R1(cy+) = Cytologischer Rest RX = Vorhandensein von Residualtumor kann nicht beurteilt werden</p>	188> Intraoperatives Präparatröntgen / Sonografie [INTRAOPPRAEPARATKONTROLLE] <div style="text-align: right;">□</div> <p>M = Mammografie S = Sonografie N = Nein U = unbekannt</p>		
185	Gesamtbeurteilung des Residualstatus nach Abschluss Primärtherapie [RESISTATUSGESAMTOP] <div style="text-align: right;">□ □ □ □ □ □ □</div> <p>R0 = kein Residualtumor R1 = Mikroskopischer Residualtumor R2 = Makroskopischer Residualtumor R1(is) = In-Situ-Rest R1(cy+) = Cytologischer Rest RX = Vorhandensein von Residualtumor kann nicht beurteilt werden</p>	189> Tumorgröße invasives Karzinom zu beurteilen [INVASIVESKARZINOMBEURTEILEN] <div style="text-align: right;">□</div> <p>J = Ja U = Nein, nicht zu beurteilen 0 = kein invasives Karzinom</p>		
		wenn Feld 189 = 'J' [OpTumorinvasivesKarzinom] 190>> Tumorgröße invasives Karzinom [INVASIVESKARZINOM] <div style="text-align: right;">□ □ □ mm</div>		
		wenn Feld 191 = 'J' [OpDcis] 192>> Tumorgröße DCIS [DCIS] <div style="text-align: right;">□ □ □ mm</div>		
		193-201 Organspezifische Dokumentation: Kolorektales Karzinom wenn Feld 26 IN ICD_REKTUM [MeldungICDRektum2] 193> Rektum: Minimaler Abstand vom aboralen Resektionsrand bekannt [MINABSTANDRESEKBESANT] <div style="text-align: right;">□</div> <p>J = Ja U = Nein, unbekannt</p>		
		wenn Feld 193 = 'J' [OpRekMinAbResekRand] 194>> Rektum: Minimaler Abstand vom aboralen Resektionsrand [MINABSTANDRESEK] <div style="text-align: right;">□ □ □ mm</div>		
		wenn Feld 26 IN ICD_REKTUM [MeldungICDRektum2] 195> Rektum: Abstand zur circumferentiellen Resektionsebene bekannt [MINABSTCIRCUMRESEKBESANT] <div style="text-align: right;">□</div> <p>J = Ja U = Nein, unbekannt</p>		
		wenn Feld 195 = 'J' [OpRekMinAbCircumResek] 196>> Rektum: Abstand zur circumferentiellen Resektionsebene [MINABSTCIRCUMRESEK] <div style="text-align: right;">□ □ □ mm</div>		
		wenn Feld 26 IN ICD_REKTUM [MeldungICDRektum2] 197> Rektum: Qualität des TME-Präparats [REKTUMQUALITAETTME] <div style="text-align: right;">□</div> <p>1 = Grad 1 (gut) 2 = Grad 2 (moderat) 3 = Grad 3 (schlecht) P = PME durchgeführt L = Lokale Exzision durchgeführt A = Andere Operation durchgeführt U = unbekannt</p>		

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

wenn Feld 26 IN ICD_KRK [MeldungICDKrk] 198> Art des Eingriffs [ARTEINGRIFF] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/></div> E = Elektiveingriff N = Notfalleingriff U = unbekannt		203 Sekundärer Gleason Grad zum Gleason-Score [GLEASONGRADSEKUNDAEROP] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/></div> 1 = 1 2 = 2 3 = 3 4 = 4 5 = 5	210 Anzahl der entnommenen Stenzen [ANZAHLSTANZENOP] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/></div>
wenn Feld 26 IN ICD_REKTUM [MeldungICDRektum2] 199> Rektum: Präoperative Anzeichnung der Stomaposition [REKTUMANZEICHNUNGSTOMAPOSITION] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/></div> D = Anzeichnung durchgeführt N = Anzeichnung nicht durchgeführt K = kein Stoma S = Stoma angelegt, Anzeichnung nicht bekannt U = unbekannt		204 Ergebnis Gleason-Score [GLEASONSCOREOP] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/></div> 2 = 2 3 = 3 4 = 4 5 = 5 6 = 6 7 = 7 7a = 7a 7b = 7b 8 = 8 9 = 9 10 = 10	211 Anzahl der positiven Stenzen [ANZAHLPOSSTANZENOP] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/></div>
200> Rektumkarzinom: Anastomosensuffizienz [GRADREKTANASTINSUFFIZIENZ] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/></div> B = Anastomosensuffizienz Grad B C = Anastomosensuffizienz Grad C K = keine Insuffizienz oder höchstens Grad A U = unbekannt		205 Anlass Gleason [GLEASONSCOREANLASSOP] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/></div> O = Op S = Stanze U = Unbekannt	212 Ca-Befall Stanze - in Prozent [CABEFALLSTANZEPROZENTOP] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> %</div>
wenn Feld 26 IN ICD_KRK [MeldungICDKrk] 201> ASA-Klassifikation [ASA] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/></div> 1 = normaler, ansonsten gesunder Patient 2 = Patient mit leichter Allgemeinerkrankung 3 = Patient mit schwerer Allgemeinerkrankung und Leistungseinschränkung 4 = Patient mit inaktivierender Allgemeinerkrankung, ständige Lebensbedrohung 5 = moribunder Patient		206 Datum der Entnahme der Stenzen bekannt? [DATUMSTANZENBEKANNTOP] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/></div> 1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr	213 Ca-Befall Stanze - unbekannt [CABEFALLSTANZEUNBEKANNTOP] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/></div> U = Unbekannt
wenn Feld 26 IN ICD_KRK [MeldungICDKrk] 202-219 Organspezifische Dokumentation: Prostatakarzinom		wenn Feld 206 = 1 [OpDatumStanzenVoll] 207> Datum der Entnahme der Stenzen [DATUMSTANZENOP] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/>.<input type="checkbox"/><input type="checkbox"/>.<input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/></div>	214 PSA-Wert [PSAOP] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/>,<input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/></div>
202 Primärer Gleason Grad zum Gleason-Score [GLEASONGRADPRIMAEROP] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/></div> 1 = 1 2 = 2 3 = 3 4 = 4 5 = 5		wenn Feld 206 = 2 [OpDatumStanzenMonat] 208> Datum der Entnahme der Stenzen - Monat und Jahr [DATUMSTANZENMONATOP] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/>.<input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/></div>	215 Datum der Blutentnahme zur PSA-Bestimmung bekannt? [PSADATUMBEKANNTOP] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/></div> 1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr
		wenn Feld 206 = 3 [OpDatumStanzenJahr] 209> Datum der Entnahme der Stenzen - Jahr [DATUMSTANZENJAHROP] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/></div>	wenn Feld 215 = 1 [OpPSADatumVoll] 216> Datum der Blutentnahme zur PSA-Bestimmung [PSADATUMOP] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/>.<input type="checkbox"/><input type="checkbox"/>.<input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/></div>
			wenn Feld 215 = 2 [OpPSADatumMonat] 217> Datum der Blutentnahme zur PSA-Bestimmung - Monat und Jahr [PSADATUMMONATOP] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/>.<input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/></div>
			wenn Feld 215 = 3 [OpPSADatumJahr] 218> Datum der Blutentnahme zur PSA-Bestimmung - Jahr [PSADATUMJAHROP] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/></div>
			219 Postoperative Komplikation [KOMPLCLAVIENDINDOOP] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/></div> J = ja N = keine oder höchstens Grad II U = unbekannt

220- 221	Anmerkungen zur Operation	221	Anmerkungen
220	Opérateur [OPÉRATEUR] <div style="border: 1px solid black; height: 180px; margin-top: 10px;"></div> <div style="position: absolute; bottom: 10px; right: 10px;">□ □ □ □</div>		[ANMERKUNG OP] <div style="border: 1px solid black; height: 360px; margin-top: 10px;"></div> <div style="position: absolute; bottom: 10px; right: 10px;">□ □ □ □</div>

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

STRAHLENTHERAPIE	
Bogen kann mehrfach ausgefüllt werden	
222-247	Strahlentherapie
222	Laufende Nr. Strahlentherapie [LFDNRST] <div style="text-align: right;"> <input type="checkbox"/> <input type="checkbox"/> </div>
223	Intention der Strahlentherapie [STINTENTION] <div style="text-align: right;"> <input type="checkbox"/> </div> <p> K = kurativ P = palliativ S = sonstiges X = keine Angabe </p>
224	Strahlentherapie - Stellung zur OP [OPSTELLUNGST] <div style="text-align: right;"> <input type="checkbox"/> </div> <p> O = ohne Bezug zu einer operativen Therapie A = adjuvant N = neoadjuvant I = intraoperativ S = sonstiges </p>

STRAHLENTHERAPIE - BESTRAHLUNG	
Mindestens ein Bogen muss ausgefüllt werden	
225-240	Strahlentherapie - Bestrahlung
225	Laufende Nr. Bestrahlung [LFDNRBESTRAHLUNGST]
226	Strahlentherapie Beginn bekannt? [STBEGINNDATUMBEKANNT]
wenn Feld 226 = 1 [STBeginnDatumVoll]	
227>	Strahlentherapie Beginn [STBEGINNDATUM]
wenn Feld 226 = 2 [STBeginnDatumMonat]	
228>	Strahlentherapie Beginn - Monat und Jahr [STBEGINNDATUMMONAT]
wenn Feld 226 = 3 [STBeginnDatumJahr]	
229>	Strahlentherapie Beginn - Jahr [STBEGINNDATUMJAHR]
230	Strahlentherapie Ende bekannt? [STENDEDATUMBEKANNT]
wenn Feld 230 = 1 [STEndeDatumVoll]	
231>	Strahlentherapie Ende [STENDEDATUM]
wenn Feld 230 = 2 [STEndeDatumMonat]	
232>	Strahlentherapie Ende - Monat und Jahr [STENDEDATUMMONAT]
wenn Feld 230 = 3 [STEndeDatumJahr]	
233>	Strahlentherapie Ende - Jahr [STENDEDATUMJAHR]

234	Strahlentherapie Applikationsart [APPLIKATION]
235	Strahlentherapie Zielgebiet [ZIELGEBIET]
236	Strahlentherapie Seite Zielgebiet [ZIELGEBIETSEITE]
237	Strahlentherapie Gesamtdosis Numerisch mit der Benennung Gy oder GBq [GESAMTDOSIS]
238	Einheit Strahlentherapie Gesamtdosis [DOSISEINHEITGES]
239	Strahlentherapie Einzeldosis Numerisch mit der Benennung Gy oder GBq [EINZELDOSIS]

240	Einheit Strahlentherapie Einzeldosis [DOSISEINHEITEINZEL]
-----	--

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

STRAHLENTHERAPIE	
Bogen kann mehrfach ausgefüllt werden	
241	Strahlentherapie Ende Grund [STENDEGRUND] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/></div> <p> A = Abbruch wegen Nebenwirkungen E = Reguläres Ende V = Patient verweigert weitere Therapie P = Abbruch wegen Progress U = unbekannt S = Abbruch aus sonstigen Gründen </p>
242-243	Residualstatus
242	Gesamtbeurteilung des Residualstatus nach Abschluss Primärtherapie [RESISTATUSGESAMTST] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/></div> <p> R0 = kein Residualtumor R1 = Mikroskopischer Residualtumor R2 = Makroskopischer Residualtumor R1(is) = In-Situ-Rest R1(cy+) = Cytologischer Rest RX = Vorhandensein von Residualtumor kann nicht beurteilt werden </p>
243	Beurteilung des lokalen Residualstatus nach Abschluss der Operation [RESISTATUSST] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/><input type="checkbox"/></div> <p> R0 = kein Residualtumor R1 = Mikroskopischer Residualtumor R2 = Makroskopischer Residualtumor R1(is) = In-Situ-Rest R1(cy+) = Cytologischer Rest RX = Vorhandensein von Residualtumor kann nicht beurteilt werden </p>

[illegible]

[illegible]

SYSTEMISCHE THERAPIE	
Bogen kann mehrfach ausgefüllt werden	
248-269	Systemische Therapie
248	Laufende Nr. Systemischen Therapie [LFDNRSYST] <div style="text-align: right; margin-top: 20px;"> <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> </div>
249	Intention der systemischen Therapie [SYSTINTENTION] <div style="text-align: right; margin-top: 20px;"> <input type="checkbox"/> </div> <p style="margin-top: 20px;">K = kurativ P = palliativ S = sonstiges X = keine Angabe</p>
250	Systemische Therapie - Stellung zur OP [OPSTELLUNGSYST] <div style="text-align: right; margin-top: 20px;"> <input type="checkbox"/> </div> <p style="margin-top: 20px;">O = ohne Bezug zu einer operativen Therapie A = adjuvant N = neoadjuvant I = intraoperativ S = sonstiges</p>
251	Art der systemischen oder abwartenden Therapie [THERAPIEART] <div style="text-align: right; margin-top: 20px;"> 1. <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> 2. <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> 3. <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> 4. <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> 5. <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> 6. <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> 7. <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> 8. <input type="checkbox"/><input type="checkbox"/> </div> <p style="margin-top: 20px;">CH = Chemotherapie HO = Hormontherapie IM = Immun- und Antikörpertherapie KM = Knochenmarkstransplantation WS = Wait and see AS = Active Surveillance ZS = Zielgerichtete Substanzen SO = Sonstiges</p>

SYSTEMISCHE THERAPIE - SUBSTANZ					
Bogen kann mehrfach ausgefüllt werden					
253- 254	Systemische Therapie - Substanzen				
253	Laufende Nr. Substanz [LFDNRSUBSTANZSYST]				
254	Therapie Substanz [SUBSTANZ]				

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

SYSTEMISCHE THERAPIE	
Bogen kann mehrfach ausgefüllt werden	
255-282	Dauer
255	Systemische Therapie Beginn bekannt? [SYSTBEGINNDATUMBEKANNT] <input type="checkbox"/> 1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr
wenn Feld 255 = 1 [SYSTBeginnDatumVoll]	
256>	Systemische Therapie Beginn [SYSTBEGINNDATUM] <input type="text"/>
wenn Feld 255 = 2 [SYSTBeginnDatumMonat]	
257>	Systemische Therapie Beginn - Monat und Jahr [SYSTBEGINNDATUMMONAT] <input type="text"/>
wenn Feld 255 = 3 [SYSTBeginnDatumJahr]	
258>	Systemische Therapie Beginn - Jahr [SYSTBEGINNDATUMJAHR] <input type="text"/>
259	Systemische Therapie Ende bekannt? [SYSTEMENDEDATUMBEKANNT] <input type="checkbox"/> 1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr
wenn Feld 259 = 1 [SYSTEMEndeDatumVoll]	
260>	Systemische Therapie Ende [SYSTEMENDEDATUM] ((([0-2]d)((3[01]))).(((0d)((1[0-2]))).((18 19 20)d))d <input type="text"/>
wenn Feld 259 = 2 [SYSTEMEndeDatumMonat]	
261>	Systemische Therapie Beginn - Monat und Jahr [SYSTEMENDEDATUMMONAT] <input type="text"/>
wenn Feld 259 = 3 [SYSTEMEndeDatumJahr]	
262>	Systemische Therapie Ende - Jahr [SYSTEMENDEDATUMJAHR] <input type="text"/>
263	Therapie Ende Grund [SYSTEMENDEGRUND] <input type="checkbox"/> A = Abbruch wegen Nebenwirkungen E = reguläres Ende V = Patient verweigert weitere Therapie R = reguläres Ende mit Dosisreduktion P = Abbruch wegen Progress U = unbekannt S = Abbruch aus sonstigen Gründen
264-265	Residualstatus
264	Gesamtbeurteilung des Residualstatus nach Abschluss Primärtherapie [RESISTATUSGESAMTSYST] <input type="text"/> R0 = kein Residualtumor R1 = Mikroskopischer Residualtumor R2 = Makroskopischer Residualtumor R1(is) = In-Situ-Rest R1(cy+) = Cytologischer Rest RX = Vorhandensein von Residualtumor kann nicht beurteilt werden
265	Beurteilung des lokalen Residualstatus nach Abschluss der Operation [RESISTATUSSYST] <input type="text"/> R0 = kein Residualtumor R1 = Mikroskopischer Residualtumor R2 = Makroskopischer Residualtumor R1(is) = In-Situ-Rest R1(cy+) = Cytologischer Rest RX = Vorhandensein von Residualtumor kann nicht beurteilt werden

[illegible]

[illegible]

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

VERLAUF BIS TOD		277	Morphologie-Freitext [MORPHTEXTVERL]	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	278	Grading [GRADINGVERL]														
Bogen kann mehrfach ausgefüllt werden					<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>													
270-348	Verlauf						<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>												
270	Laufende Nr. Verlauf [LFDNRVERLAUF]								<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>										
271-282	Histologie										<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>								
271	Tumor Histologiedatum bekannt? [MANIFESTDATUMBEKANNTVERL]												<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>						
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>															<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>				
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>																	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>		
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>																			<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>																				
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>		<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>																	
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>				<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>															
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>						<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>													
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>								<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>											
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>										<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>									
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>												<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>							
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>														<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>					
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>																<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>			
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>																		<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>																				<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>		<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>																	
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>				<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>															
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>						<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>													
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>								<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>											
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>										<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>									
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>												<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>							
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>														<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>					
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>																<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>			
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>																		<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>																				<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>		<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>																	
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>				<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>															
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>						<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>													
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>								<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>											
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>										<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>									
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>												<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>							
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>														<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>					
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>																<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>			
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>																		<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>																				<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>		<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>																	
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>				<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>															
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>						<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>													
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>								<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>											
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>										<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>									
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>												<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>							
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>														<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>					
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>																<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>	<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>			
<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> <div style="width: 50%; height: 100px; border: 1px solid black;"></div> </div>																		<div style="display: flex; flex-wrap: wrap;"> </div>		

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

wenn Feld 283 = 3 [VerlaufTnmDatumJahr]		wenn Feld 293 ⇔ LEER [VerlaufTNMNC]		299	TNM Pn-Kategorie [TNMPNVERL]
286>	TNM Datum - Jahr [TNMDATUMJAHRVERL]	294>	TNM N-Kategorie entitätsspezifisch, einschließlich Zusatzangaben wie (i+/-) und (mol+/-) [TNMNVERL]	<div style="text-align: right;">□ □ □</div> Pn0 = Keine perineurale Invasion Pn1 = Perineurale Invasion PnX = Perineurale Invasion kann nicht beurteilt werden	
287	TNM y-Symbol [TNMYVERL]	Schlüssel 3		wenn Feld 26 IN ICD_HODEN [MeldungPTnms3]	
288	TNM r-Symbol [TNMRVERL]	295	TNM c/p/u-Präfix M [TNMCPUMVERL]	300>	TNM S-Kategorie [TNMSVERL]
289	TNM a-Symbol [TNMAVERL]	wenn Feld 295 ⇔ LEER [VerlaufTNMM2C]		S0 = Serumtumormarker innerhalb der normalen Grenzen S1 = Wenigstens einer der Serumtumormarker erhöht: LDH < 1,5N Und HCG < 5000 Und AFP < 1000 S2 = Wenigstens einer der Serumtumormarker erhöht: LDH = 1,5 - 10N Oder HCG = 5000 - 50000 Oder AFP 1000 - 10000 S3 = Wenigstens einer der Serumtumormarker erhöht: LDH > 10N Oder HCG > 50000 Oder AFP > 10000 SX = Werte der Serumtumormarker nicht verfügbar oder entsprechende Untersuchungen nicht vorgenommen	
290	TNM c/p/u-Präfix T [TNMCPUTVERL]	296>	TNM M-Kategorie Teilweise entitätsspezifisch, einschließlich Zusatzangaben wie (i+/-) und (mol+/-) [TNMM2VERL]		
wenn Feld 290 ⇔ LEER [VerlaufTNMTC]		0 = 0 0(i-) = 0(i-) 0(i+) = 0(i+) 0(mol-) = 0(mol-) 0(mol+) = 0(mol+) 1 = 1 1a = 1a 1b = 1b 1c = 1c 1d = 1d 1e = 1e			
291>	TNM T-Kategorie [TNMTVERL]	297-300	TNM-Klassifikation L-, V-, Pn-, S-Kategorie		
292	TNM m-Symbol [TNMMVERL]	297	TNM L-Kategorie [TNMLVERL]	L0 = Keine Lymphgefäßinvasion L1 = Lymphgefäßinvasion LX = Lymphgefäßinvasion kann nicht beurteilt werden	
293	TNM c/p/u-Präfix N [TNMCPUNVERL]	298	TNM V-Kategorie [TNMVVERL]	V0 = Keine Veneninvasion V1 = Mikroskopische Veneninvasion V2 = Makroskopische Veneninvasion VX = Veneninvasion kann nicht beurteilt werden	

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

VERLAUF BIS TOD - WEITERE KLASSEKATIONEN	
Bogen kann mehrfach ausgefüllt werden	
301-308	Verlauf - Weitere Klassifikationen
301	Laufende Nr. Weitere Klassifikation [LFDNRWEITKLASSVERLAUF] <div></div>
302	Weitere Klassifikation: Datum bekannt? [WKDATUMBEKANNTVERL] <div>1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr</div>
wenn Feld 302 = 1 [VerlaufWKDatumVoll]	
303>	Weitere Klassifikation: Datum [WKDATUMVERL] <div></div>
wenn Feld 302 = 2 [VerlaufWKDatumMonat]	
304>	Weitere Klassifikation: Datum - Monat und Jahr [WKDATUMMONATVERL] <div></div>
wenn Feld 302 = 3 [VerlaufWKDatumJahr]	
305>	Weitere Klassifikation: Datum - Jahr [WKDATUMJAHRVERL] <div></div>
306	Weitere Klassifikation: Name [WKNAMEVERL] <div></div> <div>Schlüssel 4</div>
wenn Feld 306 = 'sonstige' [VerlaufWeitereKlassifikationSonstige]	
307>	Weitere Klassifikation: Sonstige Name [WKNAMESONSTIGEVERL] <div></div> <div></div>

308	Weitere Klassifikation: Stadium z.B. Ann-Arbor (Stadien I - IV, Zusatz mit den Ausprägungen A, B, E und S) [WKSTADIUMVERL] <div></div>
-----	---

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

VERLAUF BIS TOD	
Bogen kann mehrfach ausgefüllt werden	
309	Untersuchungsdatum Verlauf bekannt? [USUDATUMBEKANNT] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/></div> 1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr
wenn Feld 309 = 1 [VerlaufUsuDatumVoll]	
310>	Untersuchungsdatum Verlauf [USUDATUM] <div style="text-align: right;">□□.□□.□□□□</div>
wenn Feld 309 = 2 [VerlaufUsuDatumMonat]	
311>	Untersuchungsdatum Verlauf - Monat und Jahr [USUDATUMMONAT] <div style="text-align: right;">□□.□□□□</div>
wenn Feld 309 = 3 [VerlaufUsuDatumJahr]	
312>	Untersuchungsdatum Verlauf - Jahr [USUDATUMJAHR] <div style="text-align: right;">□□□□</div>
313	Gesamtbeurteilung des Tumorstatus [TUMSTATUSGESAMT] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/></div> V = Vollremission (complete remission, CR) T = Teilremission / mindestens 50% Rückgang des Tumors (partial remission, PR) K = Keine Änderung (no change, NC) = stable disease P = Progression D = Divergentes Geschehen B = Klinische Besserung des Zustandes, Kriterien für Teilremission jedoch nicht erfüllt (minimal response, MR) R = Vollremission mit residualen Auffälligkeiten (CRr) U = Beurteilung unmöglich X = Fehlende Angabe
314	Tumorstatus Primärtumor [TUMSTATUSLOK] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/></div> K = Kein Tumor nachweisbar T = Tumorreste (Residualtumor) P = Tumorreste Residualtumor Progress N = Tumorreste Residualtumor No Change R = Lokalrezidiv F = Fraglicher Befund U = unbekannt X = Fehlende Angabe

315	Tumorstatus Lymphknoten [TUMSTATUSLYMPH] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/></div> K = Kein Lymphknotenbefall nachweisbar R = Neu aufgetretenes Lymphknotenrezidiv T = bekannter Lymphknotenbefall Residuen P = bekannter Lymphknotenbefall Progress N = bekannter Lymphknotenbefall No Change F = Fraglicher Befund U = unbekannt X = Fehlende Angabe
316	Tumorstatus Fernmetastasen [FMTUMSTATUS] <div style="text-align: right;"><input type="checkbox"/></div> K = Keine Fernmetastasen nachweisbar M = Verbliebene Fernmetastase(n) R = Neu aufgetretene Fernmetastase(n) bzw. Metastasenrezidiv T = Fernmetastasen Residuen P = Fernmetastasen Progress N = Fernmetastasen No Change F = Fraglicher Befund U = Unbekannt X = Fehlende Angabe

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

VERLAUF BIS TOD - FERNMETASTASEN	
Bogen kann mehrfach ausgefüllt werden	
317- 322	Verlauf - Fernmetastasen
317	Laufende Nr. Fernmetastase <small>[LFDNRFERNMETAVERLAUF]</small> <div style="text-align: right;">□ □</div>
wenn Feld 322 <> LEER [VerlaufFMLokVonFernmetastasen]	
318>	Datum der diagnostischen Sicherung von Fernmetastasen bekannt? <small>[FMDIAGDATUMBEKANNTVERL]</small> <div style="text-align: right;">□</div> 1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr
wenn Feld 318 = 1 [VerlaufFMDiagDatumVoll]	
319>>	Datum der Fernmetastasen <small>[FMDIAGDATUMVERL]</small> <div style="text-align: right;">□ □ . □ □ . □ □ □ □</div>
wenn Feld 318 = 2 [VerlaufFMDiagDatumMonat]	
320>>	Datum der Fernmetastasen - Monat und Jahr <small>[FMDIAGDATUMMONATVERL]</small> <div style="text-align: right;">□ □ . □ □ □ □</div>
wenn Feld 318 = 3 [VerlaufFMDiagDatumJahr]	
321>>	Datum der Fernmetastasen - Jahr <small>[FMDIAGDATUMJAHRVERL]</small> <div style="text-align: right;">□ □ □ □</div>
322	Lokalisation von Fernmetastasen <small>[FMLOKVERL]</small> <div style="text-align: right;">□ □ □</div> ADR = Nebennieren BRA = Hirn GEN = Generalisierte Metastasierung HEP = Leber LYM = Lymphknoten MAR = Knochenmark OSS = Knochen OTH = Andere Organe PER = Peritoneum PLE = Pleura PUL = Lunge SKI = Haut

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

VERLAUF BIS TOD	
Bogen kann mehrfach ausgefüllt werden	
323	Allgemeiner Leistungszustand Karnofsky [ALGZUSTANDVERL] <div style="text-align: right;">□ □ □ □ %</div> Schlüssel 5
324-341	Organspezifische Dokumentation: Prostatakarzinom
324	Primärer Gleason Grad zum Gleason-Score [GLEASONGRADPRIMAERVERL] <div style="text-align: right;">□</div> 1 = 1 2 = 2 3 = 3 4 = 4 5 = 5
325	Sekundärer Gleason Grad zum Gleason-Score [GLEASONGRADSEKUNDAERVERL] <div style="text-align: right;">□</div> 1 = 1 2 = 2 3 = 3 4 = 4 5 = 5
326	Ergebnis Gleason-Score [GLEASONSCOREVERL] <div style="text-align: right;">□ □</div> 2 = 2 3 = 3 4 = 4 5 = 5 6 = 6 7 = 7 7a = 7a 7b = 7b 8 = 8 9 = 9 10 = 10
327	Anlass Gleason [GLEASONSCOREANLASSVERL] <div style="text-align: right;">□</div> O = Op S = Stanze U = Unbekannt
328	Datum der Entnahme der Stenzen bekannt? [DATUMSTANZENBEKANNTVERL] <div style="text-align: right;">□</div> 1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr
wenn Feld 328 = 1 [VerlaufDatumStenzenVoll]	
329>	Datum der Entnahme der Stenzen [DATUMSTANZENVERL] <div style="text-align: right;">□ □ . □ □ . □ □ □ □</div>
wenn Feld 328 = 2 [VerlaufDatumStenzenMonat]	
330>	Datum der Entnahme der Stenzen - Monat und Jahr [DATUMSTANZENMONATVERL] <div style="text-align: right;">□ □ . □ □ □ □</div>
wenn Feld 328 = 3 [VerlaufDatumStenzenJahr]	
331>	Datum der Entnahme der Stenzen - Jahr [DATUMSTANZENJAHRVERL] <div style="text-align: right;">□ □ □ □</div>
332	Anzahl der entnommenen Stenzen [ANZAHLSTANZENVERL] <div style="text-align: right;">□ □</div>
333	Anzahl der positiven Stenzen [ANZAHLPOSSTANZENVERL] <div style="text-align: right;">□ □</div>
334	Ca-Befall Stanze - in Prozent [CABEFALLSTANZEPROZENTVERL] <div style="text-align: right;">□ □ □ %</div>
335	Ca-Befall Stanze - unbekannt [CABEFALLSTANZEUNBEKANNTVERL] <div style="text-align: right;">□</div> U = Unbekannt
336	PSA-Wert [PSAVERL] <div style="text-align: right;">□ □ □ □ □ □ , □ □ □</div>
337	Datum der Blutentnahme zur PSA-Bestimmung bekannt? [PSADATUMBEKANNTVERL] <div style="text-align: right;">□</div> 1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr
wenn Feld 337 = 1 [VerlaufPSADatumVoll]	
338>	Datum der Blutentnahme zur PSA-Bestimmung [PSADATUMVERL] <div style="text-align: right;">□ □ . □ □ . □ □ □ □</div>
wenn Feld 337 = 2 [VerlaufPSADatumMonat]	
339>	Datum der Blutentnahme zur PSA-Bestimmung - Monat und Jahr [PSADATUMMONATVERL] <div style="text-align: right;">□ □ . □ □ □ □</div>
wenn Feld 337 = 3 [VerlaufPSADatumJahr]	
340>	Datum der Blutentnahme zur PSA-Bestimmung - Jahr [PSADATUMJAHRVERL] <div style="text-align: right;">□ □ □ □</div>
341	Postoperative Komplikation [KOMPLCLAVIENDINDOVERL] <div style="text-align: right;">□</div> J = ja N = keine oder höchstens Grad II U = unbekannt
342-347	Tod
342	Sterbedatum bekannt? [STERBEDATUMBEKANNT] <div style="text-align: right;">□</div> 1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr
wenn Feld 342 = 1 [VerlaufSterbeDatumVoll]	
343>	Sterbedatum [STERBEDATUM] <div style="text-align: right;">□ □ . □ □ . □ □ □ □</div>
wenn Feld 342 = 2 [VerlaufSterbeDatumMonat]	
344>	Sterbedatum - Monat und Jahr [STERBEDATUMMONAT] <div style="text-align: right;">□ □ . □ □ □ □</div>
wenn Feld 342 = 3 [VerlaufSterbeDatumJahr]	
345>	Sterbedatum - Jahr [STERBEDATUMJAHR] <div style="text-align: right;">□ □ □ □</div>

[illegible]

TUMORKONFERENZ	
Bogen kann mehrfach ausgefüllt werden	
349-355	Tumorkonferenz
349	Laufende Nr. Tumorkonferenz <small>[LFDNRTUMORKONF]</small> <div style="text-align: right; margin-top: 10px;"> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> </div>
350	Tumorkonferenz Datum bekannt? <small>[TUMKONFDATUMBEKANNT]</small> <div style="text-align: right; margin-top: 10px;"> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> </div> <p style="margin-top: 10px;">1 = vollständig 2 = nur Monat und Jahr 3 = nur das Jahr</p>
wenn Feld 350 = 1 [MeldungTumKonfDatumVoll]	
351>	Tumorkonferenz Datum <small>[TUMKONFDATUM]</small> <div style="text-align: right; margin-top: 10px;"> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> . <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> . <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> </div>
wenn Feld 350 = 2 [MeldungTumKonfDatumMonat]	
352>	Tumorkonferenz Datum - Monat und Jahr <small>[TUMKONFDATUMMONAT]</small> <div style="text-align: right; margin-top: 10px;"> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> . <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> </div>
wenn Feld 350 = 3 [MeldungTumKonfDatumJahr]	
353>	Tumorkonferenz Datum - Jahr <small>[TUMKONFDATUMJAHR]</small> <div style="text-align: right; margin-top: 10px;"> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> </div>
354	Tumorkonferenz Typ <small>[TUMKONFTYP]</small> <div style="text-align: right; margin-top: 10px;"> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> <input style="width: 20px; height: 20px;" type="text"/> </div> <p style="margin-top: 10px;">praeth = prätherapeutisch (Festlegung der Gesamttherapiestrategie, z.B. neoadjuvant oder direkte Operation)</p> <p style="margin-top: 10px;">postop = postoperativ (Planung der postoperativen Therapie, z.B. zur Frage adjuvante Therapie)</p> <p style="margin-top: 10px;">postth = posttherapeutisch (manche Tumoren werden nicht operiert)</p>

355-355	Anmerkungen zur Tumorkonferenz
355	Anmerkungen <small>[ANMERKUNGTUMORKONF]</small> <div style="height: 400px; border: 1px solid #ccc; position: relative; margin-top: 10px;"> <!-- Simplified representation of the grid --> <div style="position: absolute; top: 0; right: 0; bottom: 0; left: 0; background: repeating-linear-gradient(45deg, transparent, transparent 2px, #ccc 2px, #ccc 4px); background-size: 20px 20px;"></div> </div>

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

Schlüssel 1 [KFZLand]

A = Österreich
 AFG = Afghanistan
 AG = Antigua und Barbuda
 AL = Albanien
 AND = Andorra
 ANG = Angola
 ARM = Armenien
 AUS = Australien
 AX = Åland
 AXA = Anguilla
 AZ = Aserbaidschan
 B = Belgien
 BD = Bangladesch
 BDS = Barbados
 BF = Burkina Faso
 BG = Bulgarien
 BHT = Bhutan
 BIH = Bosnien und Herzegowina
 BJ = Benin
 BOL = Bolivien
 BR = Brasilien
 BRN = Bahrain
 BRU = Brunei
 BS = Bahamas
 BY = Weißrussland
 BZ = Belize
 C = Kuba
 CAM = Kamerun
 CDN = Kanada
 CGO = Demokratische Republik Kongo
 CH = Schweiz
 CI = Elfenbeinküste
 CL = Sri Lanka
 CO = Kolumbien
 COM = Komoren
 CR = Costa Rica
 CV = Kap Verde
 CY = Zypern
 CZ = Tschechien
 D = Deutschland
 DJI = Dschibuti
 DK = Dänemark
 DOM = Dominikanische Republik
 DZ = Algerien
 E = Spanien
 EAK = Kenia
 EAT = Tansania
 EAU = Uganda
 EC = Ecuador
 ER = Eritrea
 ES = El Salvador
 EST = Estland
 ET = Ägypten
 ETH = Äthiopien
 F = Frankreich
 FIN = Finnland
 FJI = Fidschi
 FL = Liechtenstein
 FO = Färöer
 FSM = Mikronesien
 G = Gabun
 GB = Vereinigtes Königreich
 GBA = Alderney
 GBG = Guernsey

GBJ = Jersey
 GBM = Insel Man
 GBZ = Gibraltar
 GE = Georgien
 GH = Ghana
 GR = Griechenland
 GUB = Guinea-Bissau
 GUY = Guyana
 H = Ungarn
 HK = Hongkong
 HN = Honduras
 HR = Kroatien
 I = Italien
 IL = Israel
 IND = Indien
 IR = Iran
 IRL = Irland
 IRQ = Irak
 IS = Island
 J = Japan
 JA = Jamaika
 JOR = Jordanien
 K = Kambodscha
 KIR = Kiribati
 KN = Grönland
 KOS = Kosovo
 KP = Nordkorea
 KS = Kirgisistan
 KSA = Saudi-Arabien
 KWT = Kuwait
 KZ = Kasachstan
 L = Luxemburg
 LAO = Laos
 LS = Lesotho
 LT = Litauen
 LV = Lettland
 M = Malta
 MA = Marokko
 MAL = Malaysia
 MC = Monaco
 MD = Moldawien
 MEX = Mexiko
 MGL = Mongolei
 MH = Marshallinseln
 MK = Mazedonien
 MNE = Montenegro
 MOC = Mosambik
 MS = Mauritius
 MW = Malawi
 MYA = Myanmar
 N = Norwegen
 NA = Niederländische Antillen
 NAM = Namibia
 Nau = Nauru
 NCL = Neukaledonien
 NGR = Nigeria
 NIC = Nicaragua
 NL = Niederlande
 NZ = Neuseeland
 OM = Oman
 P = Portugal
 PA = Panama
 PAL = Palau
 PE = Peru
 PK = Pakistan

PL = Polen
 PRI = Puerto Rico
 PY = Paraguay
 Q = Katar
 RA = Argentinien
 RB = Botsuana
 RC = Republik China (Taiwan)
 RCA = Zentralafrikanische Republik
 RCB = Republik Kongo
 RCH = Chile
 RG = Guinea
 RH = Haiti
 RI = Indonesien
 RIM = Mauretanien
 RL = Libanon
 RM = Madagaskar
 RMM = Mali
 RN = Niger
 RO = Rumänien
 ROK = Südkorea
 ROU = Uruguay
 RP = Philippinen
 RSM = San Marino
 RT = Togo
 RU = Burundi
 RUS = Russland
 RWA = Ruanda
 S = Schweden
 SD = Swasiland
 SGP = Singapur
 SK = Slowakei
 SLO = Slowenien
 SME = Suriname
 SN = Senegal
 SO = Somalia
 SOL = Salomonen
 SRB = Serbien
 STP = São Tomé und Príncipe
 SY = Seychellen
 SYR = Syrien
 T = Thailand
 TD = Tschad
 TJ = Tadschikistan
 TL = Osttimor
 TM = Turmenistan
 TN = Tunesien
 TR = Türkei
 TT = Trinidad und Tobago
 TUV = Tuvalu
 UA = Ukraine
 UAE = Vereinigte Arabische Emirate
 USA = Vereinigte Staaten von Amerika
 UZ = Usbekistan
 V = Vatikanstaat
 VN = Vietnam
 WAG = Gambia
 WAL = Sierra Leone
 WD = Dominica
 WG = Grenada
 WL = St. Lucia
 WS = Samoa
 WV = St. Vincent und die Grenadinen
 YEM = Jemen
 YV = Venezuela
 Z = Sambia

Datensatz Einheitlicher onkologischer Basisdatensatz ADT/GEKID

ZA = Südafrika ZW = Simbabwe	BINET = BINET Bismuth = Bismuth Durie-Salmon-Stadium = Durie-Salmon-Stadium Durie-Salmon-Zusatz = Durie-Salmon-Zusatz ELN-Klassifikation = ELN-Klassifikation EUTOS-Score = EUTOS-Score FLIPI = FLIPI Formen = Formen HER2-neu = HER2-neu IPI = IPI IPSS = IPSS ISS = ISS ISSWM = ISSWM LDH = LDH Masaoka = Masaoka MIPI = MIPI Mitoserate-GIST = Mitoserate-GIST p16 = p16 Risikogruppen-GHSG = Risikogruppen GHSG Sanz-Score = Sanz-Score WHO-Grad = WHO-Grad sonstige = sonstige	DAI = Darmanastomoseninsuffizienz DPS = Darmpassagestörungen (z.B. protrahierte Atonie, Subileus, Ileus) DIC = Disseminierte intravasale Koagulopathie DEP = Drogenentzugspsychose DLU = Druck- und Lagerungsschäden, z.B. Dekubitalulzera DSI = Duodenalstumpfsuffizienz ENF = Enterale Fistel GER = Gerinnungsstörung HEM = Hämatemesis HUR = Hämaturie HAE = Hämorrhagischer Schock HFI = Harnfistel HNK = Hautnekrose im Operationsbereich HZI = Herzinsuffizienz HRS = Herzrhythmusstörungen HNA = Hirnnervenausfälle HOP = Hirnorganisches Psychosyndrom (z.B. "Durchgangssyndrom") HYB = Hyperbilirubinämie HYF = Hypopharynxfistel IFV = Ileofemorale Venenthrombose KAS = Kardiogener Schock KES = Komplikationen einer Stomaanlage KIM = Komplikation eines Implantates (Gefäßprothese, Totalendoprothese, Katheter), z.B. Dislokation KRA = Krampfanfall KDS = Kurzdarmsyndrom LEV = Leberversagen LOE = Lungenödem LYF = Lymphfistel LYE = Lymphozele MES = Magenentleerungsstörung MIL = Mechanischer Ileus MED = Mediastinitis MAT = Mesenterialarterien- oder -venenthrombose MYI = Myokardinfarkt RNB = Nachblutung, revisionsbedürftig, anderweitig nicht erwähnt NAB = Nachblutung, nicht revisionsbedürftig, anderweitig nicht erwähnt NIN = Nahtinsuffizienz, anderweitig nicht erwähnt OES = Ösophagitis OSM = Osteitis, Osteomyelitis PAF = Pankreasfistel PIT = Pankreatitis PAB = Perianale Blutung PPA = Periphere Parese PAV = Peripherer arterieller Verschuß (Embolie, Thrombose) PER = Peritonitis PLB = Platzbauch PEY = Pleuraempyem PLE = Pleuraerguß PMN = Pneumonie PNT = Pneumothorax PDA = Protrahierte Darmatonie (paralytischer Ileus) PAE = Pulmonalarterienembolie RPA = Rekurrensparese RIN = Respiratorische Insuffizienz SKI = Septische Komplikation eines Implantates SES = Septischer Schock SFH = Störungen des Flüssigkeits-, Elektrolyt- und Säurebasenhaushaltes STK = Stomakomplikation (z.B. Blutung, Nekrose, Stenose) TZP = Thrombozytopenie
Schlüssel 2 [TNMTKategorie] 0 = 0 1 = 1 1a = 1a 1a1 = 1a1 1a2 = 1a2 1b = 1b 1b1 = 1b1 1b2 = 1b2 1c = 1c 1d = 1d 1mi = 1mi 2 = 2 2a = 2a 2a1 = 2a1 2a2 = 2a2 2b = 2b 2c = 2c 2d = 2d 3 = 3 3a = 3a 3b = 3b 3c = 3c 3d = 3d 4 = 4 4a = 4a 4b = 4b 4c = 4c 4d = 4d 4e = 4e a = a is = is is(DCIS) = is(DCIS) is(LCIS) = is(LCIS) is(Paget) = is(Paget) is(pd) = is(pd) is(pu) = is(pu) X = X	Schlüssel 5 [Allgemeinzustand] 0 = Normale, uneingeschränkte Aktivität wie vor der Erkrankung (90 - 100% nach Karnofsky) 1 = Einschränkung bei körperlicher Anstrengung, aber gehfähig; leichte körperliche Arbeit bzw. Arbeit im Sitzen (z.B. leichte Hausarbeit oder Büroarbeit) möglich (70 - 80% nach Karnofsky) 2 = Gehfähig, Selbstversorgung möglich, aber nicht arbeitsfähig; kann mehr als 50% der Wachzeit aufstehen (50 - 60% nach Karnofsky) 3 = Nur begrenzte Selbstversorgung möglich; ist 50% oder mehr der Wachzeit an Bett oder Stuhl gebunden (30 - 40% nach Karnofsky) 4 = Völlig pflegebedürftig, keinerlei Selbstversorgung möglich; völlig an Bett oder Stuhl gebunden (10 - 20% nach Karnofsky) U = Unbekannt 10% = Alternativ bei Karnofsky Angabe in % 20% = Alternativ bei Karnofsky Angabe in % 30% = Alternativ bei Karnofsky Angabe in % 40% = Alternativ bei Karnofsky Angabe in % 50% = Alternativ bei Karnofsky Angabe in % 60% = Alternativ bei Karnofsky Angabe in % 70% = Alternativ bei Karnofsky Angabe in % 80% = Alternativ bei Karnofsky Angabe in % 90% = Alternativ bei Karnofsky Angabe in % 100% = Alternativ bei Karnofsky Angabe in %	
Schlüssel 3 [TNMNKategorie] 0 = 0 0(i-) = 0(i-) 0(i+) = 0(i+) 0(mol-) = 0(mol-) 0(mol+) = 0(mol+) 1 = 1 1a = 1a 1b = 1b 1c = 1c 1mi = 1mi 2 = 2 2a = 2a 2b = 2b 2c = 2c 3 = 3 3a = 3a 3b = 3b 3c = 3c X = X	Schlüssel 6 [OPKomplikation] N = Nein U = Unbekannt ABD = Abszeß in einem Drainagekanal ABS = Abszeß, intraabdominaler oder intrathorakaler ASF = Abszeß, subfaszialer ANI = Akute Niereninsuffizienz AEP = Alkoholentzugspsychose ALR = Allergische Reaktion ohne Schocksymptomatik ANS = Anaphylaktischer Schock AEE = Anastomoseninsuffizienz einer Enterostomie API = Apoplektischer Insult BIF = Biliäre Fistel BOG = Blutung, obere gastrointestinale (z.B. "Streßulkus") BOE = Bolusverlegung eines Endotubus BSI = Bronchusstumpfsuffizienz CHI = Cholangitis	
Schlüssel 4 [WeitereKlassifikationen] Ann-Arbor-Stadium = Ann-Arbor-Stadium Ann-Arbor-Zusatz = Ann-Arbor-Zusatz		

<p>TIA = TIA (transitorische ischämische Attacke) oder Rind (reversibles ischämisches neurologisches Defizit)</p> <p>TRZ = Transfusionszwischenfall</p> <p>WUH = Wundhämatom (konservativ therapiert)</p> <p>WSS = Wundheilungsstörung, subkutane</p> <p>SON = Sonstiges</p>	<p>4.- = Abdomen (ohne Becken) ohne Lymphknoten</p> <p>4.+ = Abdomen (ohne Becken) mit Lymphknoten</p> <p>4.1. = Magen</p> <p>4.1.- = Magen ohne Lymphknoten</p> <p>4.1.+ = Magen mit Lymphknoten</p> <p>4.2. = Pankreas</p> <p>4.2.- = Pankreas ohne Lymphknoten</p> <p>4.2.+ = Pankreas mit Lymphknoten</p> <p>4.3. = Leber</p> <p>4.3.- = Leber ohne Lymphknoten</p> <p>4.3.+ = Leber mit Lymphknoten</p> <p>4.4. = Milz</p> <p>4.4.- = Milz ohne Lymphknoten</p> <p>4.4.+ = Milz mit Lymphknoten</p> <p>4.5. = Niere</p> <p>4.5.- = Niere ohne Lymphknoten</p> <p>4.5.+ = Niere mit Lymphknoten</p> <p>4.6. = Nebenniere</p> <p>4.6.- = Nebenniere ohne Lymphknoten</p> <p>4.6.+ = Nebenniere mit Lymphknoten</p> <p>4.7. = Retroperitoneale Lymphknoten (also ohne Primärtumor)</p> <p>4.8. = Retroperitoneum (z.B. Sarkome)</p> <p>4.8.- = Retroperitoneum (z.B. Sarkome); ohne Lymphknoten</p> <p>4.8.+ = Retroperitoneum (z.B. Sarkome); mit Lymphknoten</p> <p>4.9. = Bauchwand (z.B. Sarkome)</p> <p>4.9.- = Bauchwand (z.B. Sarkome) ohne Lymphknoten</p> <p>4.9.+ = Bauchwand (z.B. Sarkome) mit Lymphknoten</p> <p>5. = Becken</p> <p>5.- = Becken ohne Lymphknoten</p> <p>5.+ = Becken mit Lymphknoten</p> <p>5.1. = Rektum</p> <p>5.1.- = Rektum ohne Lymphknoten</p> <p>5.1.+ = Rektum mit Lymphknoten</p> <p>5.10. = Vagina</p> <p>5.10.- = Vagina ohne Lymphknoten</p> <p>5.10.+ = Vagina mit Lymphknoten</p> <p>5.11. = Beckenwand</p> <p>5.11.- = Beckenwand ohne Lymphknoten</p> <p>5.11.+ = Beckenwand mit Lymphknoten</p> <p>5.12. = Beckenlymphknoten (ohne Primärtumor)</p> <p>5.2. = Analbereich</p> <p>5.2.- = Analbereich ohne Lymphknoten</p> <p>5.2.+ = Analbereich mit Lymphknoten</p> <p>5.3. = Harnblase</p> <p>5.3.- = Harnblase ohne Lymphknoten</p> <p>5.3.+ = Harnblase mit Lymphknoten</p> <p>5.4. = Prostata</p> <p>5.4.- = Prostata ohne Lymphknoten</p> <p>5.4.+ = Prostata mit Lymphknoten</p> <p>5.5. = Hoden</p> <p>5.5.- = Hoden ohne Lymphknoten</p> <p>5.5.+ = Hoden mit Lymphknoten</p> <p>5.6. = Penis</p> <p>5.6.- = Penis ohne Lymphknoten</p> <p>5.6.+ = Penis mit Lymphknoten</p> <p>5.7. = Uterus/Zervix</p> <p>5.7.- = Uterus/Zervix ohne Lymphknoten</p> <p>5.7.+ = Uterus/Zervix mit Lymphknoten</p> <p>5.7.1. = Uterus</p> <p>5.7.1.- = Uterus ohne Lymphknoten</p> <p>5.7.1.+ = Uterus mit Lymphknoten</p> <p>5.7.2. = Zervix</p>	<p>5.7.2.- = Zervix ohne Lymphknoten</p> <p>5.7.2.+ = Zervix mit Lymphknoten</p> <p>5.8. = Ovar</p> <p>5.8.- = Ovar ohne Lymphknoten</p> <p>5.8.+ = Ovar mit Lymphknoten</p> <p>5.9. = Vulva</p> <p>5.9.- = Vulva ohne Lymphknoten</p> <p>5.9.+ = Vulva mit Lymphknoten</p> <p>6. = Stütz-/Bewegungsapparat</p> <p>6.1. = Schädelknochen</p> <p>6.10. = Oberarm</p> <p>6.11. = Unterarm</p> <p>6.12. = Hand</p> <p>6.13. = Leiste</p> <p>6.14. = Oberschenkel</p> <p>6.15. = Unterschenkel</p> <p>6.16. = Fuß</p> <p>6.2. = Rippen</p> <p>6.3. = Sternum</p> <p>6.4. = HWS</p> <p>6.5. = BWS</p> <p>6.6. = LWS</p> <p>6.7. = knöchernes Becken</p> <p>6.8. = Hüfte</p> <p>6.9. = Achsel</p> <p>7. = Haut</p> <p>7.- = Haut ohne Lymphknoten</p> <p>7.+ = Haut mit Lymphknoten</p> <p>7.1. = Primärer Hauttumor (auch kutane Lymphome)</p> <p>7.2. = Hautmetastasen</p> <p>8. = Sonstiges</p> <p>8.1. = Ganzkörperbestrahlung</p> <p>8.2. = Mantelfeldbestrahlung</p>
<p>Schlüssel 7 [STZielgebiet]</p> <p>1. = ZNS</p> <p>1.1. = Ganzhirn</p> <p>1.2. = Teilhirn</p> <p>1.3. = Neuroachse</p> <p>2. = Kopf-Hals</p> <p>2.- = Kopf-Hals ohne Lymphknoten</p> <p>2.+ = Kopf-Hals mit Lymphknoten</p> <p>2.1. = Orbita</p> <p>2.1.- = Orbita ohne Lymphknoten</p> <p>2.1.+ = Orbita mit Lymphknoten</p> <p>2.2. = Nase/ Nasennebenhöhle</p> <p>2.2.- = Nase/ Nasennebenhöhle ohne Lymphknoten</p> <p>2.2.+ = Nase/ Nasennebenhöhle mit Lymphknoten</p> <p>2.3. = Mundhöhle</p> <p>2.3.- = Mundhöhle ohne Lymphknoten</p> <p>2.3.+ = Mundhöhle mit Lymphknoten</p> <p>2.4. = Ohr</p> <p>2.4.- = Ohr ohne Lymphknoten</p> <p>2.4.+ = Ohr mit Lymphknoten</p> <p>2.5. = Speicheldrüse</p> <p>2.5.- = Speicheldrüse ohne Lymphknoten</p> <p>2.5.+ = Speicheldrüse mit Lymphknoten</p> <p>2.6. = Pharynx</p> <p>2.6.- = Pharynx ohne Lymphknoten</p> <p>2.6.+ = Pharynx mit Lymphknoten</p> <p>2.7. = Larynx</p> <p>2.7.- = Larynx ohne Lymphknoten</p> <p>2.7.+ = Larynx mit Lymphknoten</p> <p>2.8. = Schilddrüse</p> <p>2.8.- = Schilddrüse ohne Lymphknoten</p> <p>2.8.+ = Schilddrüse mit Lymphknoten</p> <p>2.9. = Halslymphknoten (also ohne Primärtumor)</p> <p>3. = Thorax</p> <p>3.- = Thorax ohne Lymphknoten</p> <p>3.+ = Thorax mit Lymphknoten</p> <p>3.1. = Mamma als Ganzbrust</p> <p>3.1.- = Mamma als Ganzbrust ohne Lymphknoten</p> <p>3.1.+ = Mamma als Ganzbrust mit Lymphknoten</p> <p>3.2. = Mamma als Teilbrust</p> <p>3.2.- = Mamma als Teilbrust ohne Lymphknoten</p> <p>3.2.+ = Mamma als Teilbrust mit Lymphknoten</p> <p>3.3. = Brustwand (z.B. Rezidiven n. Ablatio Sarkome)</p> <p>3.3.- = Brustwand (z.B. Rezidiven n. Ablatio Sarkome) ohne Lymphknoten</p> <p>3.3.+ = Brustwand (z.B. Rezidiven n. Ablatio Sarkome) mit Lymphknoten</p> <p>3.4. = Lunge</p> <p>3.4.- = Lunge ohne Lymphknoten</p> <p>3.4.+ = Lunge mit Lymphknoten</p> <p>3.5. = Ösophagus</p> <p>3.5.- = Ösophagus ohne Lymphknoten</p> <p>3.5.+ = Ösophagus mit Lymphknoten</p> <p>3.6. = Thymus</p> <p>3.6.- = Thymus ohne Lymphknoten</p> <p>3.6.+ = Thymus mit Lymphknoten</p> <p>3.7. = Mediastinale Lymphknoten (also ohne Primärtumor)</p> <p>4. = Abdomen (ohne Becken)</p>		