



**TUMOR-
DOKUMENTEN-
TATION
UND
KLINISCHE
REGISTER**

Basisdatensatz 2014 Alte Ausprägungen	Basisdatensatz 2021 Neue Ausprägungen
AS = Active Surveillance	AS = Active Surveillance
CH = Chemotherapie	CH = Chemotherapie
	CI = Chemo- + Immun-/Antikörpertherapie
	CIZ = Chemo- + Immun-/Antikörpertherapie + zielgerichtete Substanzen
	CZ = Chemotherapie + zielgerichtete Substanzen
HO = Hormontherapie	HO = Hormontherapie
IM = Immun-/Antikörpertherapie	IM = Immun-/Antikörpertherapie
	IZ = Immun-/Antikörpertherapie + zielgerichtete Substanzen
SO = Sonstiges	SO = Sonstiges
KM = Knochenmarktransplantation	SZ = Stammzelltransplantation (inklusive Knochen- marktransplantation)
WS = Wait and see	WS = Wait and see
	WW = Watchful Waiting
ZS = zielgerichtete Substanzen	ZS = zielgerichtete Substanzen

**Tab. 2: Ausprägungen
des Merkmals 16.3 im
Basisdatensatz 2014 bzw.
2021**

gen »Ja« und »Nein« sowie der dazugehörige Hinweis genauer beschrieben.

Tumorkonferenz/Therapieempfehlung

Über eine neue Ausprägung im Merkmal »Therapieplanung Typ« (18.2) kann angegeben werden, ob die Therapieplanung ohne eine Tumorkonferenz (»ther«) erfolgte. Über das neue Merkmal »Therapieempfehlung« (19) wird dokumentiert, welche Therapien in einer Tumorkonferenz empfohlen wurden und ob es zu einer Therapieabweichung auf Wunsch der Patientin

bzw. des Patienten kam. Eine Angabe zur Tumorkonferenz, bestehend aus den Informationen zur Therapieplanung und Therapieempfehlung, ist bei Diagnose-, Therapie- und Verlaufsmeldungen möglich.

Genetische Varianten

Die genetischen Varianten (z. B. K-ras, BRAFV600) und deren Ausprägungen (z. B. Mutation, Wildtyp) wurden neu in den Basisdatensatz aufgenommen, siehe Merkmal 19. Diese haben zunehmende Relevanz für die Prognose und Therapieentscheidung. Die Erfassung dieser Informationen ermöglicht mehr Flexibilität, um z. B. bei Auswertungen auf die stetig neuen medizinischen Erkenntnisse reagieren zu können.

Bessere Erfassung von Krebserkrankungen in Deutschland

Der aktualisierte bundeseinheitliche onkologische Basisdatensatz erlaubt mit seinen Neuerungen eine detailliertere Erfassung von Krebserkrankungen. Mit klaren Hinweistexten und Definitionen wird ein tiefergehendes Verständnis geschaffen, welche Informationen zu dokumentieren sind. Die technische Umsetzung des Basisdatensatzes, das oBDS-XML-Schema 3.0.0, sorgt bei der elektronischen Dateneingabe für eine fehlerarme Anwendung. Das fördert die realitätsnahe Abbildung der onkologischen Versorgungssituation in Deutschland – die aktive Meldetätigkeit meldepflichtiger Behandlungseinrichtungen vorausgesetzt. ■



Dr. Nils Herm-Stapelberg
Leiter der Stabsstelle
Data Science,
Krebsregister Rheinland-
Pfalz gGmbH
herm-stapelberg@
krebsregister-rlp.de

Innovative Krebsregister im Zeitalter Künstlicher Intelligenz

Die Einsatzmöglichkeiten moderner Machine-Learning Algorithmen in der Krebsregistrierung und generell in der Krebsforschung sind vielfältig und für die Bearbeitung verschiedenster Problemstellungen geeignet. Insbesondere die qualitätsgesicherten Krebsregisterdaten bergen ein großes Potenzial, entsprechende intelligente und moderne Methoden anzuwenden. Sowohl zur Generierung neuer Erkenntnisse bezüglich Diagnose, Behandlung und Verlauf von Tumorerkrankungen als auch bei der Optimierung der Datenverarbeitungsprozesse werden solche Verfahren in den deutschen Krebsregistern bereits etabliert und kontinuierlich erweitert.

Verbunden mit onkologischem Fachwissen können ML-Algorithmen zukünftig einen erheblichen Mehrwert in der Behandlung von Tumorerkrankungen leisten. Insbesondere die qualitätsgesicherten und standardisierten Daten der Krebsregister eignen sich für die Anwendung von Machine Learning-Verfahren um Muster in Diagnose, Behandlung und Verlauf zu erken-

nen und zum Beispiel Prognosen zur Rezidiventstehung, Überlebenszeit oder für die Wahrscheinlichkeit eines Therapieerfolges zu erstellen. In Kombination mit dem Fachwissen der onkologisch tätigen Personen können die Ergebnisse als Entscheidungsunterstützung im klinischen Alltag dienen und individualisierte Therapien fördern.

Auch entlang der Prozesse der Krebsregister können Machine Learning-Verfahren gewinnbringend eingesetzt werden. Hierzu gehören beispielsweise die automatische Zuordnung von eingehenden Meldungen zu Personen und Tumorerkrankungen oder Verfahren zur Erkennung von Anomalien in den gemeldeten Daten, welche zur Qualitätssicherung eingesetzt werden können. Auch zur automatischen Texterkennung und Extraktion von Informationen aus Pathologiebefunden können moderne Methoden angewandt und die Prozesse des Krebsregisters weiter automatisiert und effizienter gestaltet werden. Dadurch können qualitätsgesicherte Daten noch zeitnahe und effizien-

ter den an der onkologischen Versorgung beteiligten Einrichtungen und Personen sowie der Forschung zur Verfügung gestellt werden.

Krebsregisterdaten zusammenführen und intelligent nutzen

Dabei zeigt sich das Potenzial der Krebsregistrierung auch durch eine intensive Förderung von Forschungsvorhaben mit Krebsregisterdaten. Hierzu hat beispielsweise das Bundesministerium für Gesundheit (BMG) einen auf Krebsregisterdaten abzielenden Förderschwerpunkt eingerichtet (siehe Kasten), indem die Krebsregisterdaten für innovative Nutzung der Forschung und Versorgung aufbereitet sowie die Potenziale von KI bei der Auswertung der Daten aufgezeigt werden sollen. Als Beispiel sei hier das vom Krebsregister Rheinland-Pfalz geleitete Innovationsprojekt »Zusammenführen und Validieren von Krebsregisterdaten durch KI-Verfahren (ZuVaKI)« genannt. Täglich erreichen jedes Krebsregister hunderte Meldungen von onkologisch tätigen Ärzt:innen mit Informationen zur Diagnose, Therapie oder Verlaufsdaten von Krebserkrankungen, die im nächsten Schritt aufbereitet und analysiert werden. Im Projekt werden zum einen Verfahren zur Anomalieerkennung erprobt, um die Qualitätssicherung der eingehenden und vorhandenen Krebsregisterdaten weiter zu verbessern sowie seltene Fälle erkennen zu können. Zum anderen werden Verfahren zur automatischen Verarbeitung und Erstellung eines Best-Of der Inhalte aus den Meldungen entwickelt, um eine zeitnahe Bereitstellung der qualitätsgesicherten Daten zu ermöglichen. Im Ergebnis kann dies dazu beitragen, dass wertvolle Kapazitäten frei werden, die für zusätzliche Maßnahmen der Qualitätssicherung oder für weiterführende Projekte und Auswertungen eingesetzt werden können.

Das übergeordnete Ziel des Projekts ist, durch den Einsatz von künstlicher Intelligenz Qualitätssicherung zu unterstützen und Prozesse zu automatisieren. Durch die Beteiligung mehrerer Krebsregister können zudem Qualitätssicherungs- und Verarbeitungsprozesse harmonisiert werden und somit eine effiziente Zusammenführung der Krebsregisterdaten gefördert werden. Neben dem rheinland-pfälzischen Krebsregister sind an dem Projekt die Johannes Gutenberg-Universität Mainz, das Deutsche Kinderkrebsregister sowie die Krebsregister aus Niedersachsen, Hessen und Baden-Württemberg beteiligt.

Die Anwendungsbereiche von Machine Learning im medizinischen Bereich sind vielfältig und lassen sich zunehmend einfacher und effizienter realisieren. Die Krebsregister leisten mit der Implementierung solcher Methoden einen wichtigen Beitrag bei der Verbesserung der onkologischen Versorgung, indem die gesammelten Daten mit neuartigen und innovativen

Ein Überblick der vom BMG geförderten Projektvorhaben »Innovationsprojekte für Künstliche Intelligenz«, Forschungsschwerpunkt »Krebsregisterdaten zusammenführen und intelligent nutzen«

- Zusammenführen und Validieren von Krebsregisterdaten durch KI-Verfahren (ZuVaKI)
- KI-unterstützte, versorgungsnaher Nutzung von Krebsregisterdaten (AI-CARE)
- Verknüpfung von Krebsregister- und Kassendaten: Akzeptanz bei Patientinnen und Patienten und Potenzial zur KI-gesteuerten Vollständigkeitsprüfung von Therapiedaten (KUKUK)
- TextMining von Meldungstexten für einheitliche Klassifikationen (TeMeK)
- Zusammenführung von Krebsregisterdaten und multimodalen, melderbasierten Diagnostikdaten zur KI-basierten Biomarker-Detektion (CanConnect)
- Krebs-Forschungsdatenzentrum – KI-gestützte Evidenzgenerierung aus versorgungsnahen Daten klinischer Krebsregister, GKV-Routinedaten, Klinikdaten und deren Linkage (onkoFDZ)

Methoden verarbeitet, ausgewertet und entsprechend qualitätsgesichert und zeitnah zur Verfügung gestellt werden können. ■

Weitere Informationen siehe:

<https://www.bundesgesundheitsministerium.de/ministerium/ressortforschung-1/handlungsfelder/forschungsschwerpunkte/krebsregisterdaten.html>