

Änderungsvorschlag für die ICD-10-GM 2021

Dieses Formular ist urheberrechtlich geschützt und darf nur zur Einreichung eines Vorschlags heruntergeladen und genutzt werden. Eine Veröffentlichung z.B. auf Webseiten, in Internetforen oder vergleichbaren Medien ist nicht gestattet.

Bearbeitungshinweise

1. Bitte füllen Sie für inhaltlich nicht zusammenhängende Vorschläge jeweils ein eigenes Formular aus.
2. Füllen Sie dieses Formular elektronisch aus. Die Formulare Daten werden elektronisch weiterverarbeitet, so dass nur **strukturell unveränderte digitale** Kopien im DOCX-Format angenommen werden.
3. Vergeben Sie einen Dateinamen gemäß unten stehendem Beispiel; verwenden Sie Kleinschrift ohne Umlaute und ß, ohne Leer- oder Sonderzeichen und ohne Unterstrich:
icd2021-kurzbezeichnungdesinhalts.docx; *kurzbezeichnungdesinhalts* sollte nicht länger als 25 Zeichen sein. **Beispiel: icd2021-diabetesmellitus.docx**
4. Senden Sie Ihren Vorschlag ggf. zusammen mit Stellungnahmen der Fachverbände unter einem prägnanten Betreff als E-Mail-Anhang bis zum **29. Februar 2020** an **vorschlagsverfahren@dimdi.de**.
5. Der fristgerechte Eingang wird Ihnen per E-Mail bestätigt. Heben Sie diese **Eingangsbestätigung** bitte als Nachweis auf. Sollten Sie keine Eingangsbestätigung erhalten, wenden Sie sich umgehend an das Helpdesk Klassifikationen (0221 4724-524, klassi@dimdi.de).

Hinweise zum Vorschlagsverfahren

Änderungsvorschläge sollen **primär durch die inhaltlich zuständigen Fachverbände** eingebracht werden. Dies dient der fachlichen Beurteilung und Bündelung der Vorschläge, erleichtert die Identifikation relevanter Vorschläge und trägt so zur Beschleunigung der Bearbeitung bei.

Einzelpersonen und auch einreichende Fachverbände werden gebeten, ihre Vorschläge **vorab mit allen bzw. allen weiteren für den Vorschlag relevanten Fachverbänden** (Fachgesellschaften www.awmf-online.de, Verbände des Gesundheitswesens) abzustimmen. Für Vorschläge, die nicht mit den inhaltlich zuständigen Fachverbänden abgestimmt sind, leitet das DIMDI diesen Abstimmungsprozess ein. Kann die Abstimmung nicht während des laufenden Vorschlagsverfahrens abgeschlossen werden, so kann der Vorschlag nicht umgesetzt werden.

Vorschläge, die die externe Qualitätssicherung betreffen, sollten mit der dafür zuständigen Organisation abgestimmt werden.

Wir weisen ausdrücklich darauf hin, dass Vorschläge nur im eigenen Namen oder mit ausdrücklicher Einwilligung der unter 1. genannten verantwortlichen Person eingereicht werden dürfen. Das DIMDI führt vor der Veröffentlichung keine inhaltliche Überprüfung der eingereichten Vorschläge durch. Für die Inhalte sind ausschließlich die Einreichenden verantwortlich. Bei Fragen oder Unstimmigkeiten bitten wir, sich direkt an die jeweiligen im Vorschlagsformular genannten Ansprechpersonen zu wenden.

Einräumung der Nutzungsrechte

Mit Einsendung des Vorschlags räumen Sie dem DIMDI das Nutzungsrecht an dem eingereichten Vorschlag ein.

Erklärung zum Datenschutz

Datenschutzrechtliche Hinweise zur Verarbeitung Ihrer personenbezogenen Daten und zu Ihren Rechten finden Sie unter: www.dimdi.de – Datenschutzerklärung

Wir bitten Sie, die Einräumung der Nutzungsrechte und die gemäß Datenschutzgesetzgebung erforderliche Einwilligung zur Verarbeitung Ihrer personenbezogenen Daten zu bestätigen.

Pflichtangaben sind mit einem * markiert.

1. Verantwortlich für den Inhalt des Vorschlags

Organisation *	Verband Forschender Arzneimittelhersteller
Offizielles Kürzel der Organisation (sofern vorhanden)	vfa
Internetadresse der Organisation (sofern vorhanden)	https://www.vfa.de/
Anrede (inkl. Titel) *	Herr Dr.
Name *	Rasch
Vorname *	Andrej
Straße *	Hausvorgeiplatz 13
PLZ *	10117
Ort *	Berlin
E-Mail *	a.rasch@vfa.de
Telefon *	+49 (0)30 20604-354

Einräumung der Nutzungsrechte

- * Ich als Verantwortliche/-r für diesen Vorschlag versichere, dass ich berechtigt bin, dem DIMDI die nachfolgend beschriebenen Nutzungsrechte an dem Vorschlag einzuräumen. Mit Einsendung des Vorschlags wird die folgende Erklärung akzeptiert:
 „Gegenstand der Nutzungsrechteübertragung ist das Recht zur Bearbeitung und Veröffentlichung des Vorschlags im Rahmen der Weiterentwicklung der ICD-10-GM komplett oder in Teilen und damit Zugänglichmachung einer breiten Öffentlichkeit. Dies schließt sprachliche und inhaltliche Veränderungen ein. Dem DIMDI werden jeweils gesonderte, räumlich unbeschränkte und nicht ausschließliche Nutzungsrechte an dem Vorschlag für die Dauer der gesetzlichen Schutzfristen eingeräumt. Die Einräumung der Nutzungsrechte erfolgt unentgeltlich.“

Einwilligung zur Verarbeitung meiner personenbezogenen Daten

- * Ich bin als Verantwortliche/-r für diesen Vorschlag damit einverstanden, dass der Vorschlag einschließlich meiner unter Punkt 1 genannten personenbezogenen Daten zum Zweck der Vorschlagsbearbeitung verarbeitet und ggf. an Dritte weitergegeben wird, die an der Bearbeitung des Vorschlags beteiligt sind (z.B. Selbstverwaltungspartner und Vertreter der Fachverbände sowie Organisationen oder Institutionen, die durch gesetzliche Regelungen mit der Qualitätssicherung im ambulanten und stationären Bereich beauftragt sind, Mitglieder der Arbeitsgruppe ICD und der Arbeitsgruppe OPS sowie ggf. weitere Experten). Ich kann meine Einwilligung jederzeit widerrufen.
- Ich bin als Verantwortliche/-r für diesen Vorschlag damit einverstanden, dass der Vorschlag **einschließlich** meiner unter Punkt 1 genannten personenbezogenen Daten auf den Internetseiten des DIMDI veröffentlicht wird. Ich kann meine Einwilligung jederzeit widerrufen.
 Sollten Sie damit nicht einverstanden sein, wird Ihr Vorschlag ab Seite 4 veröffentlicht.

2. Ansprechpartner/-in (wenn nicht mit 1. identisch)

Organisation *	inspiring-health GmbH
Offizielles Kürzel der Organisation (sofern vorhanden)	
Internetadresse der Organisation (sofern vorhanden)	https://www.inspiring-health.de
Anrede (inkl. Titel) *	Herr Dr.
Name *	Wilke
Vorname *	Michael
Straße *	Waldmeisterstr. 72
PLZ *	80935
Ort *	München
E-Mail *	michael.wilke@inspiring-health.de
Telefon *	089 18908376-0

Einwilligung zur Verarbeitung meiner personenbezogenen Daten

- * Ich bin als Ansprechpartner/-in für diesen Vorschlag damit einverstanden, dass der Vorschlag einschließlich meiner unter Punkt 2 genannten personenbezogenen Daten zum Zweck der Vorschlagsbearbeitung verarbeitet und ggf. an Dritte weitergegeben wird, die an der Bearbeitung des Vorschlags beteiligt sind (z.B. Selbstverwaltungspartner und Vertreter der Fachverbände sowie Organisationen oder Institutionen, die durch gesetzliche Regelungen mit der Qualitätssicherung im ambulanten und stationären Bereich beauftragt sind, Mitglieder der Arbeitsgruppe ICD und der Arbeitsgruppe OPS sowie ggf. weitere Experten). Ich kann meine Einwilligung jederzeit widerrufen.
- Ich bin als Ansprechpartner/-in für diesen Vorschlag damit einverstanden, dass der Vorschlag **einschließlich** meiner unter Punkt 2 genannten personenbezogenen Daten auf den Internetseiten des DIMDI veröffentlicht wird. Ich kann meine Einwilligung jederzeit widerrufen.
Sollten Sie damit nicht einverstanden sein, wird der Vorschlag ab Seite 4 veröffentlicht.

Bitte beachten Sie: Wenn Sie damit einverstanden sind, dass die Seiten 2 und 3 mitveröffentlicht werden, setzen Sie bitte das entsprechende Häkchen auf Seite 2 bzw. Seite 3. Sollten Sie nicht damit einverstanden sein, wird der Vorschlag ab Seite 4, also ab hier, veröffentlicht.

3. Prägnante Kurzbeschreibung Ihres Vorschlags (max. 85 Zeichen inkl. Leerzeichen) *

Spezifizierung genetischer Mutationen myeloischer Neoplasien

4. Mitwirkung der Fachverbände *

(siehe **Hinweise** am Anfang des Formulars)

- Es liegen keine schriftlichen Erklärungen über die Unterstützung des Vorschlags oder Mitarbeit am Vorschlag seitens der Fachverbände vor.
- Dem DIMDI werden zusammen mit dem Vorschlag schriftliche Erklärungen über die Unterstützung des Vorschlags oder Mitarbeit am Vorschlag seitens der folgenden Fachverbände übersendet.

Bitte entsprechende Fachverbände auflisten:

5. Inhaltliche Beschreibung des Vorschlags *

(ggf. inkl. Vorschlag für (neue) Schlüsselnummern, Klassentitel, Inklusiva, Exklusiva, Hinweise und Klassifikationsstruktur; bitte geben Sie ggf. auch Synonyme und/oder Neuordnungen für das Alphabetische Verzeichnis an)

Neuaufnahme von Zusatzcodes zur Abbildung von genetischen Mutationen

U69.5-! Spezifizierung genetischer Mutationen bei myeloischen Neoplasien

U69.51! FLT3

Inkl.: FLT3-ITD Mutation, FLT3-TKD Mutation

U69.52! ASXL1

U69.53! RUNX1

Inkl.: RUNX1-RUNX1T1

U69.54! TP53

In der Problembeschreibung 6a. wird die Problematik und die Notwendigkeit der Aufnahme dieser Zusatzcodes anhand der Akuten Myeloischen Leukämie (AML) beschrieben.

6. Problembeschreibung und Begründung des Vorschlags

- a. **Problembeschreibung** (inkl. Begründung von Vorschlägen, die primär 'klassifikatorisch' motiviert sind, z.B. inhaltliche oder strukturelle Vorschläge) *

Bei Vorschlägen, die primär klassifikatorisch motiviert sind, sind grundsätzlich auch die Auswirkungen auf die Entgeltsysteme zu prüfen, wir bitten daher auch in diesen Fällen um Beantwortung der unter b genannten Fragen.

Bei 50-60% der neu diagnostizierten AML-Fälle lassen sich chromosomale Aberrationen mittels konventioneller Chromosomenanalyse und Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierung (FISH) nachweisen. Der Karyotyp zum Zeitpunkt der Diagnose stellt einen der wichtigsten prognostischen Faktoren für AML-Patienten dar [1]. In den verbleibenden 40-50 % CN-(cytogenetically normal) AML-Fällen konnten anhand der Weiterentwicklung molekulargenetischer Methoden und Sequenzierungstechniken, insbesondere dem Next Generation Sequencing (NGS), nachgewiesen werden, dass in bis zu 79 % dieser CN-AMLs genetische Veränderungen vorliegen [2].

Die AML wird durch eine Reihe sehr unterschiedlicher zytogenetischer Veränderungen ausgelöst, welche auf der Ebene des Genoms (Monosomien, Trisomien), der Chromosomen (Translokationen, Inversionen) und/oder Genmutationen auftreten können. Meist betreffen sie den hochproliferativen Progenitorpool (CD34+/CD38+ -Zellen), seltener den Stammzellpool (CD34+/CD38- -Zellen).

Durch die Anwendung des NGS zeigte sich auch, dass die Erkrankung bei einem einzelnen Patienten aus genetisch verschiedenen Subklonen bestehen und der Anteil der verschiedenen Klone sich über den Krankheitsverlauf ändern kann. Bei der NGS-Analyse von 200 AML-Patienten wurden pro Patient im Durchschnitt 5 rekurrente Veränderungen nachgewiesen: die häufigsten Mutationen fanden sich in den bekannten Genen FLT3, NPM1, DNMT3A sowie IDH 1 oder 2, die jeweils in mindestens 20 % der Patienten mutiert waren [3]. Weitergehende Untersuchungen zeigten, dass bei etwa 50% der Patienten neben dem dominanten Hauptklon mindestens ein weiterer Subklon nachweisbar war. Bei einzelnen Fällen waren bis zu drei zusätzliche Leukämieklone vorhanden. Diese klonale Heterogenität könnte eine wesentliche Bedeutung für das Therapieansprechen bzw. für die Entwicklung eines Rezidivs haben [4].

Mit Zunahme des Verständnisses über die zugrundeliegende molekulare Pathogenese der AML hat die Weltgesundheitsorganisation (WHO) eine Reihe neuer genetischer Marker mit diagnostischer und prognostischer Relevanz in die aktuelle AML-Klassifikation (2016) aufgenommen [5]. Damit bietet die neue Klassifikation im Vergleich zu den bisher verwendeten, vorwiegend morphologischen Kriterien der FAB-Klassifikation einen deutlichen Fortschritt an Objektivität, Reproduzierbarkeit und Risikostratifizierung [3].

Die aktuelle ICD-10-GM wurde hinsichtlich der ICD-Kodes C92.- und C93.- noch nicht entsprechend angepasst.

Molekulargenetische Veränderungen mit prognostischer Relevanz, die mit dem Therapieansprechen wie auch dem Langzeitüberleben der Patienten assoziiert werden, ermöglichen die Zuordnung zu spezifischen Risikogruppen und erlauben so eine Therapieoptimierung durch den Einsatz von risikostratifizierten Behandlungsprotokollen.

Im Bereich der AML hat insbesondere die rasch verfügbare und exakte molekulargenetische Diagnostik dazu beigetragen, dass es heute für viele definierte Subgruppen wirksame und mit molekularen Defekten assoziierte verbesserte und für einzelne Patienten sehr unterschiedliche Therapieoptionen gibt.

Die zyto- und molekulargenetischen Befunde sind bereits bei der Auswahl der initialen Therapie unverzichtbar [3].

Die Notwendigkeit der Aufnahme von Zusatzcodes für genetische Mutationen soll am Beispiel der FLT3-Mutation (aktivierende Mutation der Signaltransduktion) bei der AML dargestellt werden.

Mutationen im FLT3-Gen gehören zu den häufigsten der AML, wobei zwei Mutationstypen unterschieden werden: Längenmutationen mit Auftreten von internen Tandemduplikationen (ITD) und Mutationen, die vornehmlich die Tyrosinkinasedomäne (TKD) betreffen. Bei beiden Mutationsformen handelt es sich um aktivierende Mutationen, die zu ligandenunabhängiger Aktivierung der Rezeptortyrosinkinase und konstitutiver Aktivität nachgeschalteter Signaltransduktionswege mit letztendlich dereguliertem Blastenwachstum führen (Meshinchi S, Appelbaum FR 2009, Kayser S et al. 2009).

FLT3-ITDs finden sich bei etwa 30% aller erwachsenen AML-Patienten [1], wobei sie am häufigsten bei der CN-AML (32 %) und AML mit Translokation t(15;17) (39 %) auftreten. Insbesondere bei hoher ITD-Allel-Last (FLT3-ITD_{high}: Allel-Verhältnis mutiertes FLT3-ITD (FLT3-ITD_{mut}) zu FLT3-ITD Wildtyp (FLT3-ITD_{WT}) $\geq 0,5$), sind die Patienten mit einer ungünstigen Prognose, hoher Rückfallrate und insgesamt reduziertem Gesamtüberleben assoziiert (Gale RE et al. 2008, Bullinger L et al. 2017).

Im Zusammenhang mit Nukleophosmin 1 (NPM1) ist festzustellen, dass bei niedriger FLT3-ITD Ratio (FLT3-ITD_{low} < 0,5) und begleitender NPM1-Mutation (NPM1_{mut}) ein ähnlich günstiger Verlauf wie bei Patienten mit FLT3-ITD negativer NPM1_{mut}-AML aufweisen und in der Erstlinie nicht von einer SZT profitieren. Hingegen ist die FLT3-ITD_{high} NPM1_{WT}-AML gemäß European LeukemiaNet (ELN) [6] einer ungünstigen Risikogruppe zugerechnet und die betroffenen Patienten profitieren von einer SZT.

Ein weiteres Beispiel eines Gens, welches mit FLT3-ITD assoziiert ist und die Prognose beeinflusst, ist die DNA-Methyltransferase 3 alpha (DNMT3A).

Die AML zeigt nicht selten Beziehungen zum myelodysplastischen Syndrom (MDS), etwa durch ein MDS in der Vorgeschichte oder MDS-typische Morphologie bzw. Zytogenetik [7]. Insbesondere Patienten in den genetisch definierten Subgruppen mit Chromatin-Spliceosomen haben häufiger ein MDS in der Vorgeschichte bzw. typische morphologische Veränderungen.

Zusammenfassend lässt sich ableiten, dass sich Prognose und Therapie jeweils anhand der vorliegenden Mutation und den begleitenden Mutationen differenziert darstellt.

Ebenso sind Mutationen nicht zwingend spezifisch für ein bestimmtes Krankheitsbild. Ein Beispiel dafür ist das Philadelphia-Chromosom (Translokation t(9;22)), welches bei allen CML (Chronische myeloische Leukämie)-Patienten, aber auch bei bis zu einem Drittel der Patienten mit ALL (Akute lymphatische Leukämie) und in geringem Umfang auch bei AML vorkommt und unmittelbare therapeutische Konsequenzen haben kann (hier: Einsatz von Tyrosinkinaseinhibitoren).

Die Spezifikationen von genetischen Mutationen sollten als Zusatzcodes in die Klassifikation ICD-10-GM aufgenommen werden, damit beispielsweise gleiche Genmutationen bei unterschiedlichen Entitäten, den daraus resultierenden angepassten Therapiemaßnahmen oder der Einsatz von Medikamenten (Medikamente zum gezielten Ansprechen auf Genmutationen oder Medikamente im off-label-use) adressiert werden können.

b. Inwieweit ist der Vorschlag für die Weiterentwicklung der Entgeltsysteme relevant? *

- Wie viele Fälle sind in den jeweiligen Fallgruppen ('aktuell' vs. 'neu') voraussichtlich betroffen?
- Wie groß ist der Kostenunterschied zwischen den aktuellen Fallgruppen und den neuen Fallgruppen (mit den vorgeschlagenen neuen Schlüsselnummern)?
- Mittels welcher Schlüsselnummernkombinationen (ICD/OPS) werden die im Vorschlag genannten Fallgruppen aktuell verschlüsselt?
- **Benennen Sie die maßgeblichen Kostenpositionen (inkl. ihres Betrags) zum ggf. geltend gemachten Behandlungsmehr- oder -minderaufwand. Stellen Sie diese auch gegenüber den bisher zur Verfügung stehenden ICD-/OPS-Schlüsselnummernkombinationen dar. Sollten Ihnen keine genauen Daten bekannt sein, bitten wir um eine plausible Schätzung.**

Der Vorschlag ist sehr relevant für die Weiterentwicklung der Entgeltsysteme.

1. Fallzahlen

Laut den Destatis-Daten 2018 wurde die C92.00 (AML ohne Angabe einer kompletten Remission) in 14.295 Fälle in 761 Häusern kodiert.

Die C92.01 (AML in kompletter Remission) in 938 Fälle in 95 Häusern.

Der Zusatzcode C95.8! Leukämie, refraktär auf Standard-Induktionstherapie wurde in 915 Fällen und in 117 Häusern kodiert.

Unter Zuhilfenahme der Mutationen, die besonders die Prognose negativ beeinflussen, ist von folgenden Anteilen auszugehen:

FLT3-ITD mit 30 %

ASXL1 mit 7-11 %

RUNX1 mit 10%

TP53 mit 3-8 %

Am Beispiel FLT3-ITD-Mutation ist von einer Verwendung des beantragten Zusatzkodes bei rund 4.300 Fällen auszugehen.

Die FLT3-TKD-Mutation betrifft ca. 7% der Patienten. Die prognostische Relevanz ist jedoch noch unklar. Diese Mutation wird jedoch mit Behandlungsresistenzen in Verbindung gebracht.

2. Kostenunterschied

Zur Behandlung der therapierefraktären oder rezidierten AML mit FLT3mut+ werden derzeit patientenindividuelle Therapien unter Berücksichtigung des Ansprechens und der Dauer der Remission in der initialen Therapie und des Allgemeinzustands, unter Berücksichtigung der Kombinationstherapien Mitoxantron in Kombination mit Etoposid, Mitoxantron in Kombination mit Etoposid und Cytarabin, Cytarabin in Kombination mit Etoposid, Cytarabin in Kombination mit Idarubicin, Cytarabin in Kombination mit Daunorubicin, Cytarabin in Kombination mit Mitoxantron, Daunorubicin in Kombination mit Etoposid und Cytarabin, sowie der Monotherapien mit Cytarabin oder Azacitidin sowie FLAG-IDA eingesetzt.

Die Kostenunterschiede sind exemplarisch anhand der zwei verfügbaren Medikamente für FLT3-Mutationen dargestellt. Die genannten Medikamente werden zusätzlich eingesetzt.

Zur Behandlung der FLT3-Mutation stehen derzeit mit Midostaurin und Gilteritinib zwei Medikamente zur Verfügung, die jedoch in unterschiedlichen Einsatzbereichen Anwendung finden.

Beiden Medikamenten wurde für 2020 ein NUB Status 1 zuerkannt.

Midostaurin ist für die Indikation AML in Kombination mit Standard-Induktionschemotherapie, Chemokonsolidierung und der Erhaltungstherapie zugelassen.

Midostaurin wird seit 2019 mit dem OPS-Kode 6-00a.b kodiert.

Die Tagestherapiekosten für Midostaurin betragen EUR 700,-.

Gilteritinib wird bei Patienten mit R/R-AML eingesetzt.

Für Gilteritinib ist ein OPS-Kode für 2021 beantragt.

Die Tagestherapiekosten betragen EUR 786,25.

3. Schlüsselnummernkombination (ICD/OPS)

Seit 2019 existiert für Midostaurin der OPS-Kode 6-00a.b.

Für Gilteritinib ist ein OPS-Kode für 2021 beantragt.

Die Durchführung einer NGS kann bislang nicht spezifisch kodiert werden. Auch hier sind für 2021 OPS-Kodes beantragt.

4. Maßgebliche Kostenpositionen anhand der verwendeten Beispiele

Midostaurin: Bei einem typischen Therapieschema werden 42 Tagesdosen verabreicht. Dies entspricht einem Gesamtbetrag für Midostaurin von EUR 29.400,-. Dieses Schema wird in einem Teil der Fälle wiederholt.

Gilteritinib: Legt man die durchschnittliche Verweildauer (mVWD) der Basis-DRG R60 zugrunde, ergibt dies für Gilteritinib Therapiekosten von EUR 5.032,- in der DRG R60F und von EUR 37.220,85 in der R60A.

Sobald die jeweiligen genetischen Mutationen bei myeloischen Neoplasien spezifisch kodiert werden können, ergibt sich auch die Möglichkeit der Kostenanalyse durch das InEK und ggf. Split der betroffenen DRGs oder Einführung von Zusatzentgelten.

Auch aus epidemiologischer Sicht ist die Einführung der beantragten Zusatzcodes von erheblichem Interesse.

c. Inwieweit ist der Vorschlag für die Weiterentwicklung der externen Qualitätssicherung relevant? *

(Vorschläge, die die externe Qualitätssicherung betreffen, sollten mit der dafür zuständigen Organisation abgestimmt werden.)

Nicht relevant

d. Inwieweit ist der Vorschlag für andere Anwendungsbereiche der ICD-10-GM relevant? *

Die aktuell gültige Klassifikation nach ICD-10-GM der myeloischen Neoplasien, v.a. C92 und C93, bedarf sicher zukünftig einer Überarbeitung.

Mit den beantragten Zusatzcodes lässt sich zukünftig der Bereich der genetischen Mutationen, jeweils im Zusammenhang mit den jeweiligen Krankheitsbildern, nachvollziehbar abbilden.

7. Sonstiges

(z.B. Kommentare, Anregungen)

[1] Döhner H, Weisdorf DJ, Bloomfield CD. Acute Myeloid Leukemia. N Engl J Med. 2015;373(12):1136-1152

[2] Schlenk RF, Döhner H, Krauter J et al. Mutations and treatment outcome in cytogenetically normal acute myeloid leukemia. N Engl J Med. 2008; 358(18):1909-1918

[3] Onkopedia-Leitlinie. Akute Myeloische Leukämie (AML) 2019.
<https://www.onkopedia.com/de/onkopedia/guidelines/akute-myeloische-leukaemie-aml/@@guideline/html/index.html>

[4] Papaemmanuil E, Döhner H, Campbell PJ: Genomic classification in acute myeloid leukemia. N Engl J Med 375:900-901, 2016. DOI:10.1056/NEJMc1608739

[5] Arber DA, Orazi A, Hasserjian R et al. The 2016 revision to the World Health Organization classification of myeloid neoplasms and acute leukemia. Blood. 2016;127(20):2391

[6] Döhner H, Estey E, Grimwade D et al.: Diagnosis and management of AML in adults: 2017 ELN recommendations from an international expert panel. Blood 129:424-447, 2016. pii: blood-2016-08-733196

[7] Weinberg OK, Seetharam M, Ren L, et al.: Clinical characterization of acute myeloid leukemia with myelodysplasia-related changes as defined by the 2008 WHO classification system. Blood 113:1906-1908, 2009. DOI:10.1182/blood-2008-10-182782