

# Änderungsvorschlag für den OPS 2017

## Bearbeitungshinweise

1. Bitte füllen Sie für inhaltlich nicht zusammenhängende Änderungsvorschläge jeweils ein eigenes Formular aus.
2. Füllen Sie dieses Formular elektronisch aus. Die Formulardaten 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:  
*ops2017-kurzbezeichnungdesinhalts-namedesverantwortlichen.docx*  
*kurzbezeichnungdesinhalts* sollte nicht länger als 25 Zeichen sein  
*namedesverantwortlichen* sollte dem unter 1. (Feld 'Name' s.u.) genannten Namen entsprechen  
**Beispiel: ops2017-komplexxkodefruehreha-mustermann.docx**
4. Senden Sie Ihren Vorschlag ggf. zusammen mit Stellungnahmen der Fachverbände unter einem prägnanten Betreff als E-Mail-Anhang bis zum **29. Februar 2016** 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 haben, wenden Sie sich umgehend an das Helpdesk Klassifikationen (0221 4724-524, [klassi@dimdi.de](mailto: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.

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

**Einzelpersonen** werden gebeten, ihre Vorschläge vorab mit allen für den Vorschlag relevanten Fachverbänden (Fachgesellschaften [www.awmf-online.de](http://www.awmf-online.de), Verbände des Gesundheitswesens) abzustimmen. Für Vorschläge, die nicht mit den inhaltlich zuständigen Organisationen 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.

**Der Einsender stimmt zu, dass das DIMDI den eingereichten Vorschlag komplett oder in Teilen verwendet.** Dies schließt notwendige inhaltliche oder sprachliche Änderungen ein. Im Hinblick auf die unter Verwendung des Vorschlags entstandene Version der Klassifikation stimmt der Einsender außerdem deren Bearbeitung im Rahmen der Weiterentwicklung des OPS zu.

## Erklärung zum Datenschutz und zur Veröffentlichung der personenbezogenen Daten



Ich bin/Wir sind damit einverstanden, dass alle in diesem Formular gemachten Angaben zum Zweck der Antragsbearbeitung gespeichert, maschinell weiterverarbeitet und ggf. an Dritte weitergegeben werden.



Ich bin/Wir sind damit einverstanden, dass der Vorschlag **einschließlich** der personenbezogenen Daten (Seite 1 und 2 des Vorschlagsformulars, Name des Verantwortlichen im Dateinamen) auf den Internetseiten des DIMDI veröffentlicht wird.

Bei Fragen zum Datenschutz wenden Sie sich bitte an den Datenschutzbeauftragten des DIMDI, den Sie unter [dsb@dimdi.de](mailto:dsb@dimdi.de) erreichen.

Pflichtangaben sind mit einem \* markiert.

### 1. Verantwortlich für den Inhalt des Vorschlags

Organisation *	Deutsche Gesellschaft für Anästhesie und Intensivmedizin
Offizielles Kürzel der Organisation (sofern vorhanden)	DGAI
Internetadresse der Organisation (sofern vorhanden)	www.dgai.de
Anrede (inkl. Titel) *	Prof. Dr. med.
Name *	Schleppers
Vorname *	Alexander
Straße *	Roritzerstraße 27
PLZ *	90419
Ort *	Nürnberg
E-Mail *	aschleppers@t-online.de
Telefon *	0911 - 93 37 80

### 2. Ansprechpartner (wenn nicht mit 1. identisch)

Organisation	inspiring-health, Dr. Wilke GmbH
Offizielles Kürzel der Organisation (sofern vorhanden)	
Internetadresse der Organisation (sofern vorhanden)	www.inspiring-health.de
Anrede (inkl. Titel)	Dr. med.
Name	Wilke
Vorname	Michael
Straße	Waldmeisterstrasse 72
PLZ	80935
Ort	München
E-Mail	michael.wilke@inspiring-health.de
Telefon	089/1890 8376-1

**Bitte beachten Sie:** Wenn Sie damit einverstanden sind, dass die Seiten 1 und 2 mitveröffentlicht werden, setzen Sie bitte das entsprechende Häkchen auf Seite 1. Sollten Sie nicht damit einverstanden sein, wird der Vorschlag ab Seite 3, also ab hier, veröffentlicht.

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

Komplexe Diagnostik bei schweren Infektionen

**4. Mit welchen Fachverbänden ist Ihr Vorschlag abgestimmt? \***

(siehe Hinweise am Anfang des Formulars)



Dem Antragsteller liegen schriftliche Erklärungen über die Unterstützung des Antrags seitens der folgenden Fachverbände vor. Sie werden dem DIMDI zusammen mit dem Vorschlag übersendet.

- Berufsverband Deutscher Internisten e.V. (BDI)
- Deutsche Gesellschaft für Hygiene und Mikrobiologie e.V. (DGHM)
- Berufsverband Deutscher Anästhesisten e.V. (BDA)
- Deutsche Gesellschaft für Anästhesiologie und Intensivmedizin e.V. (DGAI)
- Infektliga e.V.

**5. Inhaltliche Beschreibung des Vorschlags \***

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

Neuhinzunahme des Kodes

1-946 Komplexe Diagnostik bei schweren (lebensbedrohlichen) Infektionen

Inkl.: Patienten mit Sepsis, Patienten mit schwerer Pneumonie

Exkl.: Infektiologisch-mikrobiologische Monitoring (1-930.0)

1-946.0 aufwändige Verfahren zur schnellen Erregeridentifikation aus Originalmaterial

Hinw.: Der Code ist zu verwenden bei aufwändigen Verfahren zur schnellen Erregeridentifikation aus Originalmaterial (z.B. Blut, o.a. Flüssigkeiten), z.B. durch Multiplex-PCR, mehrfachem PCR-Ansatz oder 16SrDNA-PCR mit nachfolgender Sequenzierung

Mindestmerkmale:

- Es werden in einem diagnostischen Schritt mehrere Erreger mit einem spezialisierten Verfahren zum Nukleinsäurenachweis (mit/ohne Amplifikation) bestimmt

1-946.01 Infektiologisch-mikrobiologische Untersuchung, mehr als 10 untersuchte Keime mittels Multiplex PCR, mehrfachem PCR-Ansatz oder ähnlicher Verfahren

1-946.02 Infektiologisch-mikrobiologische Untersuchung, mehr als 50 untersuchte Keime mittels Multiplex PCR, mehrfachem PCR-Ansatz oder ähnlicher Verfahren

1-946.03 Infektiologisch-mikrobiologische Untersuchung, mehr als 100 untersuchte Keime mittels Multiplex PCR, mehrfachem PCR-Ansatz oder ähnlicher Verfahren

1-946.03 Infektiologisch-mikrobiologische Untersuchung durch globale Verfahren wie 16srDNA-PCR mit nachfolgender Sequenzierung, bei der eine Angabe der Anzahl untersuchter Keime nicht möglich ist.

1-946.x sonstige

## 6. Problembeschreibung und Begründung des Vorschlags

### a. Problembeschreibung \*

Aufwändige Diagnoseverfahren bei Patienten mit Sepsis oder anderen schweren Infektionen können bisher nicht kodiert werden.

Die frühe, adäquate Initialtherapie mit Antiinfektiva (Antibiotika, Antimykotika, antivirale Medikamente) stellt den Schlüssel zum Überleben für Patienten mit schweren akuten Infektionen dar.

Gerade bei schweren, lebensbedrohlichen Infektionen sind in den letzten Jahren eine Reihe von komplexen diagnostischen Verfahren eingeführt worden. Darunter befindet sich eine Vielzahl an unterschiedlichen Methoden, bei der mit einem Test in kurzer Zeit eine Vielzahl von Erregern direkt aus Originalmaterialien mittels Nukleinsäurenachweis bestimmt werden können, sei es durch Amplifikation und Detektion einzelner erregerspezifischer Zielsequenzen oder durch Anwendung sog. Breitspektrum-PCRs mit nachfolgender Identifikation der Amplifikate z.B. mittels massenspektrometrischer Verfahren. Solche Verfahren werden gemeinhin unter dem Oberbegriff Multiplex-PCR zusammengefasst. Es gibt weitere aufwändige Verfahren, wie z.B. 16srDNA-PCR mit nachfolgender Sequenzierung, die gleiches leisten können. Um eine durchgängige Verschlüsselung dieser modernen Verfahren zu ermöglichen, wird deshalb die o.g. Änderung der OPS-Klassifikation vorgeschlagen.

b. I

nwi  
ewe  
t ist  
der  
Vor  
schl  
ag  
für  
die  
Weit  
eren  
klun  
g

### der Entgeltsysteme relevant? \*

Nachdem molekularbiologische Verfahren wie Multiplex-PCR oder Sequenzierungen mit hohen Kosten einhergeht (je nach Anzahl der verwendeten Tests bzw. der Häufigkeit von € 300.- bis zu € 1.200.-/Fall) entstehen in vielen der betroffenen Fallpauschalen aus dem G-DRG System erhebliche Mehrkosten. Somit kann die komplexe Diagnostik bei schweren Infektionen zukünftig Kostentrenner werden.

Dabei ist es unerheblich, ob mit einem Multiplex- Ansatz in einem Arbeitsschritt mehrere Erreger detektiert werden, oder ein Single Plex Ansatz mehrfach verwendet wird. Daher sollte lediglich die Anzahl der Erreger definiert werden.

Mindestens ist aber davon auszugehen, dass bei einer Zuweisung der patientenindividuellen Kosten zu dem neuen OPS-Code eine sachgerechtere Abbildung der Laborkosten erfolgt und sich dies mittelfristig auf die Bewertungsrelationen der betroffenen G-DRGs auswirkt. Nachdem die Anwendung der Multiplex-PCR bei akuten Infektionen über mehr als 600 G-DRGs streut, wird mittelfristig auch zu prüfen sein, inwieweit der neue Schlüssel die Basis für ein Zusatzentgelt (ZE) sein kann.

### c. Verbreitung des Verfahrens \*

- ☐ Standard
 ☒ Etabliert
 ☐ In der Evaluation
- ☐ Experimentell
 ☐ Unbekannt

### d. Kosten (ggf. geschätzt) des Verfahrens \*

Die Tests für verschiedene Multiplex- Systeme (z.B. ROCHE – Septifast®, Abbott IRIDICA®, Curetis UNYVERO®; u.a.) kosten zwischen € 250.- und € 400.- pro Probenlauf. Misst man nun verschiedene Erregeridentitäten (z.B. Bakterien, Pilze, Viren) oder führt Wiederholungsmessungen durch so entstehen bis zu € 1.200.- Kosten pro Fall.

### e. Fallzahl (ggf. geschätzt), bei der das Verfahren zur Anwendung kommt \*

Komplexe Diagnostik bei schweren Infektionen erfordert generell spezialisierte Labore. Auch bei der Multiplex-PCR ist dies der Fall. Geht man davon aus, dass die komplexen Geräte, die zur Durchführung anzuschaffen sind, und berücksichtigt die maximale Zahl der Tests pro Arbeitstag, so ist mittelfristig (über die nächsten 5 Jahre) mit einer Anwendung bei 50.000 bis 100.000 Fällen in Deutschland zu erwarten.

**f. Kostenunterschiede (ggf. geschätzt) zu bestehenden, vergleichbaren Verfahren (Schlüsselnummern) \***

Klassische mikrobiologische Verfahren, die allerdings nicht die erforderliche Geschwindigkeit haben; wie die Kultur kosten € 5.- bis € 10.-. Einzelne Nukleinsäurenachweise kosten ca. € 30.- bis € 50.- pro Test. Selbst wenn man die Verfahren kombiniert, ergeben sich höchstens die Kosten, die bereits durch ein Multiplex-Verfahren verursacht werden.

**g. 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

**7. Sonstiges**

(z.B. Kommentare, Anregungen)

Literatur für diesen Antrag:

- 1Farrell J. J., Hujer A.M., Sampath R. et al. Salvage  
Microbiology: Opportunities and Challenges in the Detection of Bacterial Pathogens Following Initiation of Antimicrobial Treatment. Expert Rev. Mol. Diagn. 2015; 15: 349-360
- 2Emonet S., Shah H.N., Cherkaoui A. et al.  
Application and Use of Various Mass Spectrometry Methods in Clinical Microbiology.  
Clin. Microbiol. Infect. 2010; 16: 1604-1613
- 3Opota O., Jaton K. and Greub G.  
Microbial Diagnosis of Bloodstream Infection: Towards Molecular Diagnosis Directly from Blood.  
Clin. Microbiol. Infect. 2015; 4: 323-331
- 4Vincent, J.L., Brealey D., Libert N. et al.  
Rapid Diagnosis of Infection in the Critically Ill (RADICAL), a Multicenter Study of Molecular Detection in Bloodstream Infections, Pneumonia and Sterile Site Infections.  
Crit. Care Med. 2015; accepted
- 5Bacconi A., Richmond G.S., Baroldi M.A. et al.  
Improved Sensitivity for Molecular Detection of Bacterial and Candida Infection in Blood.  
J. Clin. Microbiol. 2014; 9: 31164-74
- 6Wallett F., Herweg S., Decoene C. et al.  
PCR–Electrospray Ionization Time-of-Flight Mass Spectrometry: a New Tool for the Diagnosis of Infective Endocarditis from Heart Valves.  
Diagn. Microbiol. And Infect. Di. 2013; 76: 125-128
- 7Alanio A., Garcia-Hermoso D., Mercier-Delarue S. et al.  
Molecular Identification of Mucorales in Human Tissues: Contribution of PCR Electrospray-Ionization Mass Spectrometry.  
Clin. Microbiol. Infect. 2015; 21: 594-98
- 8Stoodley P., Conti S.F., DeMeo P.J. et al.  
Characterization of a Mixed MRSA/MRSE Biofilm in an Explanted Total Ankle Arthroplasty.  
FEMS Immunol. Med. Microbiol. 2011; 62: 66-74
- 9Husenet C., Le Goff J., Lorillon G. et al. Actinomyces  
Naeslundii Lung Infection Diagnosed by Polymerase Chain Reaction Coupled with Electrospray-Ionization Mass Spectrometry.  
Am. Ann. Thorac. Soc. 2014; 11: 1163-65
- 10Modi D.A., Farrell J.J., Sampath R., et al., Rapid  
Identification of Aspergillus Terreus from Bronchoalveolar Lavage Fluid by PCR and Electrospray Ionization

with Mass Spectrometry.  
J. Clin. Microbiol. 2012; 50: 2529-30