AUS DEM LEHRSTUHL FÜR INNERE MEDIZIN II UNIV.-PROF. DR. MED. LARS MAIER DER FAKULTÄT FÜR MEDIZIN DER UNIVERSITÄT REGENSBURG

STELLENWERT LABORCHEMISCHER SURROGATPARAMETER ZUR DIAGNOSTIK THROMBEMBOLISCHER EREIGNISSE BEI VERMUTETER ODER BESTÄTIGTER COVID-19-INFEKTION

Inaugural-Dissertation zur Erlangung des Doktorgrades der Medizin

der

Fakultät für Medizin der Universität Regensburg

> vorgelegt von Stephan Steger

> > 2021

AUS DEM LEHRSTUHL FÜR INNERE MEDIZIN II UNIV.-PROF. DR. MED. LARS MAIER DER FAKULTÄT FÜR MEDIZIN DER UNIVERSITÄT REGENSBURG

STELLENWERT LABORCHEMISCHER SURROGATPARAMETER ZUR DIAGNOSTIK THROMBEMBOLISCHER EREIGNISSE BEI VERMUTETER ODER BESTÄTIGTER COVID-19-INFEKTION

Inaugural-Dissertation zur Erlangung des Doktorgrades der Medizin

der

Fakultät für Medizin der Universität Regensburg

> vorgelegt von Stephan Steger

> > 2021

Dekan:Univ.-Prof. Dr. Dirk Hellwig1.Berichterstatter:Prof. Dr. Christian Schulz2.Berichterstatter:Prof. Dr. Michael RiedTag der mündlichen Prüfung:21. Juni 2021

Inhaltsverzeichnis

1. Einleitung	5
1.1 Die Familie der Coronaviren	5
1.2 Struktur der Coronaviren	6
1.3 Pathogenität der Coronaviren	7
1.4 Diagnostik bei SARS-CoV-2 Infektionen	9
1.5 Krankheitsverlauf bei SARS-CoV-2 Infektionen	10
1.6 Thromboembolische Ereignisse bei SARS-CoV-2 Infektion	13
1.7 SARS-CoV-2 Pandemie	14
1.7.1 SARS-CoV-2 Pandemie – Situation in Bayern	14
1.7.2 SARS-CoV-2 Pandemie am Klinikum Ingolstadt	17
1.8 Fragestellung der Arbeit	18
2. Material und Methoden	19
2.1 Art der Erhebung	19
2.2. Beschreibung des Patientenkollektivs	19
2.3 Testverfahren	21
2.3.1 Laborchemische Testverfahren	22
2.3.2 Klinische Testverfahren	27
2.4 Epidemiologische Parameter	30
2.5 Statistische Auswertung	31
3. Ergebnisse - Darstellung der eigenen Untersuchungen	33
3.1. Methodische Ergebnisse: Deskriptive Statistik zur Beschreibung des Patientenkollektive	s 33
3.1.1 Deskriptive Statistik – gesamtes Probandenkollektiv	34
3.1.2 Deskriptive Statistik – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Positiv"	35
3.1.3 Deskriptive Statistik – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Negativ"	36
3.1.4 Deskriptive Statistik – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Positiv" und "Lungenarteriene nachgewiesen"	embolie
3.1.5 Deskriptive Statistik – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Positiv" und "Lungenarteriene nicht nachgewiesen"	embolie 38
3.1.6 Deskriptive Statistik – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Negativ" und "Lungenarterienembolie nachgewiesen"	39
3.1.6 Deskriptive Statistik – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Negativ" und "Lungenarterienembolie nicht nachgewiesen"	40
3.1.7 Zusammenfassung: Vergleich der Mediane der Parameter	41
3.2 Relevante Einflussfaktoren bei nachgewiesener CoViD-19-Erkrankung bzw. Nachweis ei Lungenarterienembolie	ner 42
-	

3.3 Methodische Ergebnisse: Kreuztabelle bzw. Chi-Quadrat-Test zum Vergleich der Verteilung der Gruppenzugehörigkeit "Lungenarterienembolie" hinsichtlich des Merkmals "CoViD"
3.4 Methodische Ergebnisse: Sensitivität und Spezifität für die Diskriminierung zwischen CoViD- Infektion und Lungenarterienembolie
3.5 Darstellung diskriminierender Surrogatparameter der vier Untergruppen
3.5.1 Differenzierte Analyse des Parameters "D-Dimere"
3.5.2 Differenzierte Analyse des Parameters "Lactatdehydrogenase (LDH)"
3.5.3 Differenzierte Analyse des Parameters "Lymphozytenzahl absolut"
3.6 Klinische Ergebnisse: Einfluss der laborchemischen Surrogatparameter auf das Gesamtüberleben
3.6.1 Klinische Ergebnisse: Einfluss der Infektion mit SARS-CoV-2 auf das Gesamtüberleben 58
3.6.2 Klinische Ergebnisse: Einfluss der D-Dimere auf das Gesamtüberleben
3.6.3 Klinische Ergebnisse: Einfluss der Lactatdehydrogenase auf das Gesamtüberleben 64
3.6.4 Klinische Ergebnisse: Einfluss der absoluten Lymphozytenzahlen auf das Gesamtüberleben
3.7 Klinische Ergebnisse: Einfluss der Diagnose einer Lungenarterienembolie auf das Gesamtüberleben
4. Diskussion
4.1 Differenzierung bzgl. einer Infektion mit SARS-CoV2- bzw. dem Vorhandensein einer Lungenarterienembolie mit Hilfe klinischer und laborchemischer Parameter
4.2 Auftreten thromboembolischer Ereignisse in Zusammenhang mit einer Infektion mit SARS-CoV- 2
4.3 Ausblick
5. Zusammenfassung
6. Anhang
6.1 Tabellenverzeichnis
6.2 Abbildungsverzeichnis
7. Literaturverzeichnis
8. Danksagung 101
9. Curriculum Vitae Stephan Steger

1. Einleitung

1.1 Die Familie der Coronaviren

Coronaviren (CoVs) gehören zur Gruppe der umhüllten Viren. Sie sind sowohl bei Menschen als auch bei Wildtieren verbreitet. Die Coronaviridae sind Krankheitserreger, die Tiere und Menschen infizieren können und sich durch eine hohe Mutationsrate auszeichnen. Bislang wurden 6 Arten identifiziert, die als humanpathogen gelten.

Erstmals wurden humane Coronaviren (HCoV) in den 1960er Jahren entdeckt. Es handelte sich um die Stämme HCoV-229E und OC43 (2,3). Bereits 1912 wurde eine Erkrankung, die durch Coronaviren ausgelöst wurde nachgewiesen. Es handelte sich dabei um die sogenannte infektiöse Katzenperitonitis (FIP) (4).

Die Morphologie des Virus, vor allem die typischen sogenannten Spikeproteine in der Hülle des Virus, führte im Jahr 1968 zur Namensgebung der "Coronaviren" (2).



Abbildung 1: Übersicht über die Familie der Coronaviridae (Quelle: eigene Darstellung nach Hozhabri, 2020, 3 von 34 (5)).

Das Internationale Komitee für die Taxonomie (6) von Viren teilt die Coronaviren wie folgt ein: Sie gehören zur Ordnung der Nidovirales und bestehen aus zwei Unterfamilien, den Orthocoronavirinae und den Letovirinae (7,8). Die Unterfamilie der Orthocoronavirinae wiederum besteht aus aktuell vier Gattungen: Alphacoronavirus, Betacoronavirus, Gammacoronavirus und Deltacoronavirus (9,10).

1.2 Struktur der Coronaviren

Coronaviren sind RNA-Viren und ca. 60 bis 160 nm im Durchmesser groß. Ihr Genom besteht aus einer einzelsträngigen Positiv-Sense-RNA mit einer Größe von 26 bis 32 kB. Das Genom der Coronaviren gehört zu den größten bekannten RNA-Genomen (11–13). Es enthält typischerweise 6 – 11 offene Leserahmen, sogenannten Open Reading Frames (ORF), die akzessorische Proteine codieren. Dies macht circa zwei Drittel der Genomlänge aus.



Abbildung 2: Genomorganisation des Coronavirus SARS-CoV-2 (Isolat Wuhan-Hu-1, GenBank ACC MN908947, Quelle: (14))

Mindestens vier Strukturproteine werden vom Genom der HCoVs codiert:

- ein Spike-Glycoprotein
- ein Hüllprotein
- ein Membranprotein
- ein Nucleocapsidprotein

Vor allem das Spike-Glycoprotein ist für das typische Aussehen der Coronaviridae verantwortlich, wie in untenstehender Abbildung zu sehen ist (15).



Abbildung 3: Struktur der Coronaviridae (Quelle Hozhabri, 2020, 5 von 34 (5))

Jedes dieser vier Proteine hat unterschiedliche Aufgaben. Das Spike-Glycoprotein spielt eine wichtige Rolle bei der Bindung an Rezeptoren der Wirtszelle sowie dem Viruseintritt in die Zelle (16,17). Das Hüllprotein ist an der Virusassemblierung und der Virionfreisetzung in den Wirtszellen beteiligt. Mit dem Nucleocapsidprotein wird das Genom an den Replikations-Transkriptionskomplex gebunden. Das Protein, das in den größten Mengen vorhanden ist, ist das Membranprotein. Seine Aufgabe ist es Virionen zu formen, die Membrankrümmung zu fördern und an das Nucleocapsidpreotein zu binden (18–21).

1.3 Pathogenität der Coronaviren

Nach ihrer Entdeckung im Jahr 1912 (als Erreger der infektiösen Katzenperitonitis) wurden die Coronaviren in den 1960er Jahren intensiver untersucht. Lange war bekannt, dass in der Familie der HCoVs mehrere Stämme für Infektionen von wichtigen Haustieren (vor allem Schweine und Hühner) (1) verantwortlich waren und lediglich 6 Unterarten für den Menschen pathogen sind. Sie sind in erster Linie für respiratorische Symptome verantwortlich, gleichwohl können ebenso gastrointestinale, hepatische und neurologische Symptome auftreten (22,23).

Nachdem die Coronaviren lange Zeit nicht als hochpathogen eingestuft wurden, kam es innerhalb kurzer Zeit zu zwei HCoV-bedingten Pandemien. Zum einen in den

Jahren 2002/2003 die sogenannten SARS-Epidemie, wobei SARS für "severe acute respiratory syndrome" steht, sowie die MERS-Epidemie aus dem Jahr 2012. MERS ist die Abkürzung für "Middle East respiratory syndrome" (24–26).

Aktuell tritt seit Dezember 2019 die dritte Form der hochpathogenen Coronaviren zu Tage (27,28). All diese Epidemien haben zu viralen Lungenentzündungen mit einer hohen Morbidität und Mortalität geführt.

Die Weltgesundheitsorganisation (WHO) hatte zunächst einen epidemiologischen Alarm ausgelöst, da das neue Virus als eine große Bedrohung für die öffentliche Gesundheit angesehen wird. Dieses neuartige Coronavirus wurde SARS-CoV-2 und die damit verbundene Atemwegserkrankung COVID-19 genannt (29). Der Ausbruch von SARS-CoV-2 wurde am 30. Januar 2020 erklärt (30,31).



Abbildung 4: Pathogenität der Coronaviridae (Quelle: Hozhabri, 2020, 13 von 34 (5))

1.4 Diagnostik bei SARS-CoV-2 Infektionen

Die Diagnosestellung einer Infektion mit dem SARS-CoV-2-Virus ist komplex und berücksichtigt sowohl laborchemische, bildgebende als auch klinische Merkmale. Der Goldstandard zum Nachweis von SARS-CoV-2 ist der RNA-Nachweis im kombinierten Nasen-Rachen-Abstrich. Es handelt sich derzeit um die einzige Methode, verlässlich invasiv das Virus bzw. spezifische Abschnitte der Virus-RNA nachweisen zu können (32,33). Wobei es sich auch hier nur um den Nachweis des Virus, nicht aber einen Nachweis einer durch das Virus induzierten Erkrankung handelt.

Zum anderen haben sich aber auch eine Reihe von laborchemischen Surrogatparametern entwickelt, deren Konstellation das Augenmerk auf eine mögliche CoViD-19-Pneumonie lenken sollen.

Einen entscheidenden Beitrag leistet die radiologische Bildgebung, insbesondere natürlich die computertomographische Untersuchung der Lunge (34).

Tabelle 1:	Kategorisierung	der	CT-Veränderungen	bei	CoViD-19	(Quelle:	AG	Thoraxdiagnostik	der
Deutscher	Röntgengesellso	haft	(34))					-	

▶ Table 1 Categorizing CT changes during the COVID-19 pandemic based on recommendations of the Thoracic Imaging Section of the German

Radiological Society.				
category	CT changes	radiological reporting template		
 CT changes suggestive of COVID-19 pneumonia (with high local prevalence and/or individual pre-test probability) 	a. early dominant ground glass opacities b. later dominant "crazy paving"/consolidation c. signs of organizing pneumonia (e. g. arcade-like consolidation/ground glass opacity, reversed halo sign) d. peripheral and posterior predominance e. round or geographically configured f. bilateral, multifocal g. intralesionally expanded vessels h. absent mediastinal/hilar lymphadenopathy	CT changes consistent with viral pneumonia with mild, moderate, severe extent. With high individual pretest probability suggestive of COVID-19 pneumonia. [Cov19Typ]		
2. CT changes indeterminate, COVID-19 pneumonia possible	a. ground glass/"crazy paving"/consolidation distributed differently than specified in Category 1 "CT changes suggestive of COVID-19" b. central emphasis e. non-round or non-geographically configured	CT changes consistent with viral pneumonia with mild, moderate, severe extent. With high individual pretest probability COVID-19 pneu- monia possible, but CT changes not character- istic. [Cov19Ind]		
 CT changes suggestive of an alterna- tive diagnosis (e. g. bacterial pathogen spectrum) 	a. nodules b. "tree-in-bud" c. peribronchial opacities d. lobular/segmental consolidation e. caverns f. bronchial wall thickening g. mucus plugging h. pleural effusion	CT changes of lung parenchyma consistent with (alternative diagnosis). CT changes without indication of COVID-19 pneumonia. [Cov19Aty]		
4. no evidence of pneumonic opacities on CT	-	no evidence of pneumonic opacities on CT, thus currently no evidence of COVID-19 pneu- monia. [Cov19Neg]		

Nach den aktuellen Empfehlungen der STAKOB (Ständiger Arbeitskreis der Kompetenz- und Behandlungszentren für Krankheiten durch hochpathogene Erreger am Robert Koch-Institut) (32) wird davon ausgegangen, dass bei symptomatischen Patienten in ca. 50-60 % der Untersuchten Veränderungen der Lungen nachgewiesen werden können. In der CT-Untersuchung der Lunge wird ein Nachweis in ca. 85% der Fälle erwartet.

Allerdings stellt auch die Deutsche Röntgengesellschaft klar, dass der Einsatz des low dose CTs der Lunge als reines Screening-Tool ungeeignet ist. Der Einsatz ist nur bei entsprechendem klinischen Verdacht sinnvoll und statthaft und dient in erster Linie der Diagnostik von schwerwiegenderen Krankheitsverläufen bzw. der Differenzierung gegenüber anderen Diagnosen (34).

Für den behandelnden Arzt entscheidend ist die klinische Präsentation der Beschwerden (32). Die Symptome sind relativ unspezifisch und entsprechen zu Beginn denen eines akuten Infekts der oberen Atemwege mit Dyspnoe, Husten und Fieber. Als typisch wird der Verlust des Geschmackssinns postuliert (35).

Erst die Kombination der verschiedenen diagnostischen Möglichkeiten durch den erfahrenen Kliniker erlaubt die Diagnose einer CoViD-19-Pneumonie.

1.5 Krankheitsverlauf bei SARS-CoV-2 Infektionen

Typischerweise kommt es bei symptomatischen Verläufen zu Infektionen der Atemwege mit den Leitsymptomen Fieber und Husten, wobei 81 % der Patienten einen milden Verlauf aufweisen. Bei ca. 14 % kommt es hingegen zu schweren und bei ca. 5 % der Patienten zu sehr schweren Verläufen, die mitunter auch intensivmedizinisch versorgt werden müssen (36). Tabelle 2: Symptome der Coronaviridae (Quelle: Hozhabri, 2020, 13 von 34 (5))

Clinical Types	Symptoms
Mild	In 81% of all confirmed COVID-19 cases. Dry cough, mild fever, sore throat, nasal congestion, muscle pain, headache and malaise. Absence of serious symptoms like dyspnea, also the absence of radiograph features. It may rapidly deteriorate into severe or critical cases, non-pneumonia or mild pneumonia.
Moderate	Dry cough, tachypnea and shortness of breath.
Severe	Acute respiratory distress syndrome (ARDS), severe pneumonia, severe dyspnea, sepsis or septic shock, tachypnea (respiratory frequency) ≥ 30/min, blood oxygen saturation (SpO ₂) ≤ 93%, partial pressure of arterial oxygen to fraction of inspired oxygen ratio (PaO ₂ /FiO ₂) < 300, and/or lung infiltrates > 50% within 24 to 48 h. Fever can be absent or moderate.
Critical	In 5% of all confirmed COVID-19 cases. Respiratory failure, septic shock, RNAemia, cardiac injury and/or multiple organ dysfunction or failure. Case fatality rate is 49% (higher case fatality rate for patients with preexisting co-morbidities and lower-case fatality rate (0.9%) for patients without co-morbidities). Cardiovascular disease (10.5%), diabetes (7.3%), respiratory disease (6.5%), hypertension (6%) and oncological complications (5.6%).

Eine italienische Arbeitsgruppe hat die Daten aus dem Frühjahr 2020 analysiert und publiziert. Es wurden Inkubationszeiten berichtet, die von 1 bis 14 Tagen reichten. Im Fall eines asymptomatischen Trägers kam es zu einer Übertragung nach 19 Tagen. Dies stellt vor allem für die Ausbruchsverfolgung eine große Herausforderung dar.

Die Latenz zwischen dem Auftreten klinischer Manifestationen und dem Tod variierte zwischen 6 und 41 Tagen, mit einer durchschnittlichen Dauer von 12 Tagen. Im Falle einer Gesundung begann die Erholungsphase durchschnittlich nach einer Hospitalisierungszeit von 10 Tagen (5).





Am 28. Juli 2020 wurde eine große deutsche Studie publiziert, die den Verlauf und das Outcome von 10021 Patienten untersuchte (37). Es wurden Patienten eingeschlossen, die älter als 18 Jahre alt waren und zwischen dem 26. Februar 2020 und 19. April 2020 in einem deutschen Krankenhaus hospitalisiert waren. Ein positiver SARS-CoV-2-Nachweis mit einem auf einer RT-PCR basierenden Verfahren war obligat. Die Daten entstammten aus einem Register der Allgemeinen Ortskrankenkassen. Lediglich vollständige Datensätze wurden ausgewertet.

Von 10021 aufgenommen Patienten wurden im Verlauf ihres Aufenthalts 1727 beatmet. Das mittlere Alter der aufgenommenen Patienten lag bei 72 Jahren, die Verteilung zwischen Männern und Frauen war insgesamt gleich, bei den beatmeten Patienten war das Verhältnis von Männern zu Frauen bei 2:1. Die Gesamtsterblichkeit lag bei 22 %, wobei die Sterblichkeit mit steigendem Alter und Krankheitsschwere (z.B. Beatmung, Dialyse) deutlich zunahm



Abbildung 6: Sterblichkeit bei stationärer Behandlung mit oder ohne maschineller Beatmung (Quelle: Karagiannidis, 2020, S. 859)

1.6 Thromboembolische Ereignisse bei SARS-CoV-2 Infektion

Neben pulmonalen gibt es zunehmend Hinweise für kardiovaskuläre Manifestationen (38–40) oder auch Beteiligungen der Gerinnungskaskade bis hin zur Entwicklung thromboembolischer Ereignisse (41–43).

Der genaue Mechanismus, der zur Entstehung thromboembolischer Ereignisse im Zusammenhang mit der CoVID-19-Erkankung führt, ist bislang noch unklar. Zerwes et al. (44) haben in einer Übersichtsarbeit im September 2020 die wichtigsten Arbeiten zu diesem Thema miteinander verglichen. Es wird davon ausgegangen, dass das Virus über den ACE-2-Rezeptor (angiotensin converting enzyme 2) Wirtszellen infiltriert. Und dies sind nicht nur die Alveolarzellen der Lunge, sondern eben auch in großem Maße Endothelzellen. Virusbedingt kommt es zu einer Apoptose der Endothelzellen. Diese Reaktion wird von proinflammatorischen Zytokinen wie IL-6 und IL-17A vermittelt. Die deutlich erhöhten IL-6 und IL-17A-Level scheinen zu einer Endothelitis zu führen, die wiederum eine Aktivierung der Gerinnungskaskade auslösen kann (45). Ein weiterer Faktor, der die Entstehung von Koagulopathien fördert, ist die enzymatische Hemmung der NO-Synthese und das wiederum führt zu einer Einschränkung der Vasodilatation. Außerdem können Thrombozyten durch Kontakt zur Virus-RNA direkt aktiviert werden (46).

Das Zusammenspiel aller aufgezählten Faktoren führt zu einem deutlich erhöhten Risiko bzgl. des Auftretens thromboembolischer Ereignisse (47). Aus den bisherigen Erfahrungen hat sich die generelle Empfehlung ergeben, alle aufgrund von CoViD-19 stationär behandelten Patienten mindestens prophylaktisch zu antikoagulieren (32).

Aus einer Arbeit von Iba *et al.* (48) stammt die Abbildung 7. Hier sind die Abläufe innerhalb der Lunge, die zur Entstehung eines inflammatorischen Thrombus führen, beispielhaft dargestellt. Es kommt zur Aktivierung gewebsständiger Makrophagen, die wiederum Zytokine und Chemokine produzieren. Über weitere Zwischenschritte kommt es schließlich zu einem Schaden am vaskulären Endothel mit einer erhöhten Gefäßpermeabilität und Aktivierung des Komplementsystems. Dies begünstigt letztendlich die Bildung eines inflammatorischen Thrombus. Sind bevorzugt die Blutgefäße betroffen wird von einem Typ L gesprochen, gehen die Veränderungen bis in die Alveolarzellen, so werden die pathologischen Prozesse als Typ H klassifiziert. Bei diesem Prozess werden "fibrin degradation products" freigesetzt, ein Subtyp davon sind die sogenannten D-Dimere (49,50).





1.7 SARS-CoV-2 Pandemie

Die CoViD-19-Infektion hat sich seit dem initialen Ausbruch in Wuhan im Dezember 2019 zu einer globalen Pandemie entwickelt (10).

Innerhalb Deutschlands war insbesondere der Freistaat Bayern von der CoViD-19-Pandemie stark betroffen. Aufgrund seiner zentralen Lage in Bayern war auch das Klinikum Ingolstadt als Schwerpunktkrankenhaus der Region 10 intensiv in die Diagnostik und die Behandlung von Patienten mit vermuteter oder bestätigter CoViD-19 Infektion eingebunden.

1.7.1 SARS-CoV-2 Pandemie – Situation in Bayern

Am 27. Januar 2020 wurde in Bayern erstmals eine Infektion mit SARS-CoV-2 im Landkreis Starnberg nachgewiesen. Ausgangspunkt war eine Schulung bei einem Zulieferer der Automobilindustrie (51). Den Februar hindurch kam es immer wieder zu vereinzelt auftretenden Fällen innerhalb Bayerns.

Der sprunghafte Anstieg von Fallzahlen außerhalb Chinas führte dazu, dass der Generaldirektor der WHO, Dr. Tedros Adhanom Ghebreyesus, am 11. März 2020 den Ausbruch der Infektion mit SARS-CoV-2 offiziell zur Pandemie. Zu diesem Zeitpunkt waren bereits mehr als 118.000 Fälle weltweit gemeldet (30). Insgesamt waren 114 Länder betroffen, am 11. März waren bereits 4291 Menschen an CoViD-19 verstorben. Anfang März kam es zu bedeutenden Fallzahlsteigerungen in Norditalien und Österreich, was nicht zuletzt dazu führte, dass Markus Söder, der Ministerpräsident Bayerns, am 16. März den Katastrophenfall für Bayern ausrief (52). Die Krankenhäuser wurden angehalten, ihre Kapazitäten für die zu erwartende steigende Zahl an CoViD-19 erkrankter Patienten freizuhalten bzw. zu erweitern (53).

In untenstehender Tabelle sind die aktuellen Fallzahlen ersichtlich. Abbildung 8 stellt den zeitlichen Verlauf der ersten Welle der CoViD-19-Pandemie in Bayern dar.

Region	Fälle	Todesfälle
Welt(54,55)	102.817.575	2.227.420
Europa (54)	34.393.183	748.332
Deutschland (56)	2.228.085	57.981
Bayern	404.241	10.504

Tabelle 3: CoViD-19: Fallzahlen (Quelle: LGL Bayern, zuletzt geprüft am 02.02.2021)



Abbildung 8: Verlauf der Nachweise für SARS-CoV-2 in Bayern (Quelle: Küchenhoff, 2020, 6 von 17 (57,58)

Die folgende Grafik veranschaulicht, wie sehr Bayern im Vergleich zu anderen Bundesländern durch die CoViD-Pandemie gefordert war.



Abbildung 9: Landkreise und kreisfreie Städte nach bestätigten Infektionen pro 100.000 Einwohner (Quelle: Xplus1, 2020, (59))

1.7.2 SARS-CoV-2 Pandemie am Klinikum Ingolstadt

Das Klinikum Ingolstadt ist mit seinen 1.073 Betten sowie 22 Fachkliniken und Instituten das größte Krankenhaus der Region 10 und zugleich auch das viertgrößte kommunale Krankenhaus in Bayern. Die Region umfasst neben der Stadt Ingolstadt die Landkreise Eichstätt, Neuburg-Schrobenhausen und Pfaffenhofen und hat ca. 490.000 Einwohner.

Innerhalb der Region 10 wurden zu Beginn der Corona-Pandemie Krankenhäuser definiert, die als Versorgungsschwerpunkte für Patienten mit CoViD-19 agierten. Das Klinikum Ingolstadt als mit Abstand größtes Krankenhaus der Region trug dabei die Hauptlast der Behandlung von Patienten mit CoViD-19.

In Ingolstadt kam es erst am Anfang des Aprils 2020 zu nennenswerten Fallzahlsteigerungen. Die sogenannte "erste Welle" dauerte bis ca. Ende Mai 2020, danach konnten kaum mehr wegen CoViD-19 hospitalisierte Patienten beobachtet werden. Die deutlich erweiterten Intensivkapazitäten mussten zu keinem Zeitpunkt vollständig genutzt werden.



Abbildung 10: Entwicklung der Coronavirusinfektionen in Ingolstadt (Quelle (60))

1.8 Fragestellung der Arbeit

In Anbetracht der beobachteten erhöhten Inzidenz thromboembolischer Ereignisse (61) sowie der Aktivierung der Gerinnungskaskade (62) in Folge einer Infektion mit SARS-CoV-2 soll die Frage beantwortet werden, in wieweit laborchemische und auch hämostaseologische Parameter in der Diagnostik von Patienten, die an einer Infektion mit SARS-CoV-2 leiden, von Relevanz sind. Insbesondere ist offen, wie der für die Aktivierung von Fibrinogen zu Fibrin spezifische Parameter "D-Dimer" sich durch eine Infektion mit SARS-CoV-2 in seiner Interpretation verändert.

Bei der Differentialdiagnose des klinischen Leitsymptoms "Dyspnoe", das sowohl ein Ausdruck der pulmonalen Manifestation bei SARS-CoV-2 als auch regelhaft bei Lungenarterienembolien auftritt, stellt sich zudem die Frage, welche diagnostischen Mittel zur weiteren Abklärung eingesetzt werden können.

Am Klinikum Ingolstadt haben alle Patienten mit dem klinischen Verdacht auf eine Infektion mit SARS-CoV-2 bereits in der Notfallklinik ein Iow dose CT des Thorax erhalten. Die Entscheidung zusätzlich eine computertomographische Darstellung der Lungenarterien mit Kontrastmittel durchzuführen, war abhängig von einem D-Dimer-Wert über 2000 µg/l.

Die vorliegende retrospektive Studie soll die beiden Fragestellungen beantworten:

- Wie ist die Aussagekraft spezifischer laborchemischer Parameter und speziell der D-Dimere im Hinblick auf eine Differenzierung zwischen Lungenarterienembolie und einer SARS-CoV-2 Infektion?
- 2. Wie häufig litten Patientinnen und Patienten mit einer SARS-CoV-2-Infektion an einem thromboembolischen Ereignis?

2. Material und Methoden

2.1 Art der Erhebung

Die vorliegende Arbeit basiert auf einer retrospektiven, monozentrischen Auswertung von stationär Patienten, die im Zeitraum vom 24.03.2020 bis 30.06.2020 am Klinikum Ingolstadt behandelt wurden. Dazu wurde bereits im Juli 2020 ein Antrag bei der Ethikkommission der Bayerischen Landesärztekammer gestellt, die Zustimmung erfolgte am vom 06.08.2020 unter der Vorgangsnummer 2020-1176.

2.2. Beschreibung des Patientenkollektivs

In die Auswertung wurden alle Patienten über 18 Jahren einbezogen, die nach ihrer Behandlung in der Notfallklinik ins Klinikum Ingolstadt zum Ausschluss des Verdachts auf eine Infektion mit CoViD-19 stationär aufgenommen wurden. Dieses Vorgehen wird in Punkt 3.3 eingehend beschrieben. In diesen standardisierten Diagnostikprozess wurden Patienten eingeschlossen, wenn sie sich mit einer der folgenden Beschwerdekomplexe präsentierten:

- 1. Leitsymptom "Dyspnoe"
- 2. Leitsymptom "Infekt der Atemwege"
- 3. "Anamnese nicht zu erheben, CoViD-19-Verdacht nicht auszuschließen"

Die Patientinnen und Patienten wurden bis zur Entlassung aus dem Krankenhaus oder bis zu ihrem Tod beobachtet.

Mit diesen Eingrenzungen konnten im Zeitraum von 24.03.2020 bis zum 30.06.2020 n = 1334 Patienten in die Beobachtung eingeschlossen werden. Das Patientenkollektiv besteht aus n = 767 Männer und n = 567 Frauen, die durchschnittlich 70,11 Jahre alt sind (Standardabweichung 16,23 Jahre).

Folgende Parameter wurden herangezogen und statistisch ausgewertet: Stammdaten der Patienten, Vitalparameter bei Aufnahme, klinische Beschwerden, ausgewählte Laborparameter, Ergebnisse der RT-PCR auf SARS-CoV-2 sowie Ergebnisse bzgl.

der Diagnostik hinsichtlich thromboembolischer Ereignisse. Diese sind detailliert in den folgenden Tabellen dargestellt:

Tabelle 4: Charakterisierung des Patientenkollektivs bezüglich Alter, Geschlecht und klinischer Befunde zur Zeit der Aufnahme ins Klinikum Ingolstadt.

Differenzierungskriterium	Patienten	%	Fehlende Werte
	(n) ± STD		(n)
Alter (Jahre)	70,11 ± 16,23		0
Goschlacht	767 Männer	57,5	0
Geschiecht	567 Frauen	42,5	0
Husten bei Aufnahme	187	14,0	0
Persistierende Dyspnoe bei Aufnahme	318	23,8	0
Temp > 37,5 °C bei Aufnahme	431	32,3	0
Temp > 38 °C bei Aufnahme	177	13,3	0
Geschmacksstörung bei Aufnahme	29	2,2	0
Blutdruck systolisch bei Aufnahme (mmHg)	144,62 ± 30,9		13
Blutdruck diastolisch bei Aufnahme (mmHg)	84,23 ± 26,8		13
Herzfrequenz bei Aufnahme (/min)	88,03 ± 21,01		25
sO ₂ bei Aufnahme (%)	95,06 ± 4,71		36
Atemfrequenz bei Aufnahme (/min)	18,39 ± 5,68		261
Temperatur (Ohr) bei Aufnahme (°C)	36,920 ± 1,00		114
Nachweis von SARS-CoV-2	102	7,7	0
Nachweis einer Lungenarterienembolie	47	3,5	0
Dauer des Aufenthaltes (Tage)	11,66 ± 11,184		0
Während des Aufenthalts verstorbene Patienten	142	10,6	0

Tabelle 5: Statistische Charakterisierung des Patientenkollektivs bezüglich laborchemischer Daten (Labor- und Referenzwerte: Institut für Laboratoriums-medizin, Klinikum Ingolstadt)

Laborwerte	Mittel-					Perzentil	е	
(Norm)	wert	STD	Min.	Max.	25	50	75	o.A.
Leukozyten (4,3-10.0/nl)	11,27	14,224	0,1	448,3	7,30	9,70	13,1	0
Lymphozyten (1,3 - 3,5 /nl)	1,82	10,61	0,05	358,64	0,76	1,265	1,800	58
LDH (< 250 U/I)	291,20	373,93	81	9702	185	225	289	43
D-Dimere (< 500 µg/l)	5331	11887	<215	128000	773,5	1147	4064,5	81
CRP (<3 mg/l)	61,63	90,81	0,0	500,0	3,10	18,55	85,93	10
Lactat (< 2 mmol/l)	1,68	1,61	0,3	17,0	0,80	1,20	1,90	360

Tabelle 6: Charakterisierung des Patientenkollektivs bezüglich radiologischer Bildgebung, mehrfache Bildgebung pro Patient möglich (Institut für Radiologie, Klinikum Ingolstadt; Diagnosticum Bayern Mitte Standort Ingolstadt, Abteilung Nuklearmedizin)

	Patienten (n)	%
Pulmonalisangiographie	648	48,6 %
Low dose Computertomographie der Lunge	734	55,0 %
Perfusions- und Ventilationsszintigraphie der Lunge	11	2 %

2.3 Testverfahren

Mit dem frühzeitigen Ausrufen des Katastrophenfalls in Bayern am 16.03.2020 (52) erarbeitete ein Krisenstab im Klinikum Ingolstadt das Procedere zur Diagnostik und Behandlung von Patienten mit potentieller oder bestätigter Infektion mit SARS-CoV-2. Das Ziel war die Erkennung aller Patienten mit einer SARS-CoV-2-Infektion. Ein Standarduntersuchungsprotokoll wurde erarbeitet, etabliert und ist in untenstehender Abbildung ersichtlich. Aus dem breiten Einsatz eher unspezifischer Paramater resultierte auch eine hohe Zahl von CoViD-19-Verdachtsfällen.

Um die Entscheidung zu unterstützen, wurde ein Scoring-System eingeführt, das auf klinischen Erfahrungen beruhte und zum damaligen Zeitpunkt noch nicht verifiziert war. Diese Arbeit stellt eine Grundlagenarbeit zur Prüfung der Validität bzw. Reliabilität des Scoringsystems dar.



Abbildung 11: Diagnostischer Algorithmus am Klinikum Ingolstadt (Quelle: eigene Darstellung)

2.3.1 Laborchemische Testverfahren

Zu Beginn der CoViD-19-Pandemie wurde in der Arbeitsgruppe eine laborchemische Mindestdiagnostik festgelegt, die jeder Patient, der stationär ins Klinikum Ingolstadt aufgenommen wurde, erhalten sollte. Dazu zählten neben laborchemischen Untersuchungen auf eine molekulargenetische Untersuchung zum Nachweis einer Infektion mit SARS-CoV-2. Alle Paramater wurden im Institut für Laboratoriumsmedizin des Klinikums Ingolstadt erhoben.

2.3.1.1 Standardisierter laborchemischer Diagnostikprozess

Alle laborchemischen Parameter, die gemäß den Vorgaben des standardisierten Untersuchungsprozesses im Rahmen der CoViD-19-Pandemie bei Aufnahme erhoben werden, sind in der folgenden Tabelle ausführlich dargestellt.

Tabelle 7: Standardisierte Laborparameter zur Erhebung bei stationärer Aufnahme (aus: SOP Umgang mit CoViD-19-Verdachtsfälle, Klinikum Ingolstadt, Institut für Laboratoriumsmedizin, Klinikum Ingolstadt)

Parameter	Einheit	Normbereich
Leukozyten	Zahl/nl	4,3 - 10,0
Erythrozyten	Zahl/pl	4,5 – 5,9
Hämoglobin	g/l	140 - 180
Hämatokrit	%	41 - 53
MCV	fl	82 – 101
МСН	pg	28 – 34
МСНС	g/l	320 – 360
Thrombozyten	Zahl/nl	150 – 400
Neutrophile Granulozyten absolut	/nl	2,10 - 6,10
Neutrophile Granulozyten relativ	%	50,0 - 74,0
Eosinophile Granulozyten absolut	/nl	0,00 – 0,50
Eosinophile Granulozyten relativ	%	2,0-4,0
Basophile Granulozyten absolut	/nl	0,00 - 0,20
Basophile Granulozyten relativ	%	0,0 - 1,0
Lymphozyten absolut	/nl	1,30 – 3,50

Lymphozyten relativ	%	25,0 - 40,0
Monozyten absolut	/nl	0,30 - 0,90
Monozyten relativ	%	2,0-8,0
Normoblasten absolut	pro 100 Leukozyten	0,0 - 1,0
Quick	%	70 – 130
aPTT	sec	25 – 36
INR		< 1,25
D-Dimere	μg/l	< 500
Natrium	mmol/l	135 – 145
Kalium	mmol/l	3,6 - 4,8
Glucose	mg/dl	70 – 126
Harnstoff	mg/dl	18 - 45
Creatinin	mg/dl	0,8 – 1,3
GFR (geschätzt nach MDRD)	ml/min/1,73 qm KÖF)	> 60
GFR (geschätzt nach MDRD) Bilirubin gesamt	ml/min/1,73 qm KÖF) mg/dl	> 60 0,1 - 1,2
GFR (geschätzt nach MDRD) Bilirubin gesamt AST/GOT	ml/min/1,73 qm KÖF) mg/dl U/l	> 60 0,1 - 1,2 < 50
GFR (geschätzt nach MDRD) Bilirubin gesamt AST/GOT ALT/GPT	ml/min/1,73 qm KÖF) mg/dl U/l U/l	> 60 0,1 - 1,2 < 50 < 50
GFR (geschätzt nach MDRD) Bilirubin gesamt AST/GOT ALT/GPT Alkalische Phosphatase	ml/min/1,73 qm KÖF) mg/dl U/I U/I U/I	> 60 0,1 - 1,2 < 50 < 50 40 - 130
GFR (geschätzt nach MDRD) Bilirubin gesamt AST/GOT ALT/GPT Alkalische Phosphatase Gamma-GT	ml/min/1,73 qm KÖF) mg/dl U/I U/I U/I U/I	> 60 0,1 - 1,2 < 50 < 50 40 - 130 < 60
GFR (geschätzt nach MDRD) Bilirubin gesamt AST/GOT ALT/GPT Alkalische Phosphatase Gamma-GT Hochsensitives Troponin I	ml/min/1,73 qm KÖF) mg/dl U/I U/I U/I U/I U/I	> 60 0,1 - 1,2 < 50 < 50 40 - 130 < 60 2,3 - 19,8
GFR (geschätzt nach MDRD) Bilirubin gesamt AST/GOT ALT/GPT Alkalische Phosphatase Gamma-GT Hochsensitives Troponin I BNP	ml/min/1,73 qm KÖF) mg/dl U/I U/I U/I U/I ng/I pg/ml	> 60 0,1 - 1,2 < 50 < 50 40 - 130 < 60 2,3 - 19,8 < 100
GFR (geschätzt nach MDRD) Bilirubin gesamt AST/GOT ALT/GPT Alkalische Phosphatase Gamma-GT Hochsensitives Troponin I BNP LDH	ml/min/1,73 qm KÖF) mg/dl U/I U/I U/I U/I ng/I pg/ml U/I	> 60 0,1 - 1,2 < 50 < 50 40 - 130 < 60 2,3 - 19,8 < 100 < 250
GFR (geschätzt nach MDRD) Bilirubin gesamt AST/GOT ALT/GPT Alkalische Phosphatase Gamma-GT Hochsensitives Troponin I BNP LDH Lipase	ml/min/1,73 qm KÖF) mg/dl U/I U/I U/I U/I ng/I pg/ml U/I U/I	> 60 $0,1 - 1,2$ < 50 < 50 $40 - 130$ < 60 $2,3 - 19,8$ < 100 < 250 $22 - 51$
GFR (geschätzt nach MDRD) Bilirubin gesamt AST/GOT ALT/GPT Alkalische Phosphatase Gamma-GT Hochsensitives Troponin I BNP LDH Lipase C-reaktives Protein sensitiv	ml/min/1,73 qm KÖF) mg/dl U/I U/I U/I U/I ng/I pg/ml U/I U/I U/I U/I	> 60 $0,1 - 1,2$ < 50 < 50 $40 - 130$ < 60 $2,3 - 19,8$ < 100 < 250 $22 - 51$ < 3
GFR (geschätzt nach MDRD)Bilirubin gesamtAST/GOTALT/GPTAlkalische PhosphataseGamma-GTHochsensitives Troponin IBNPLDHLipaseC-reaktives Protein sensitivProcalcitonin	ml/min/1,73 qm KÖF) mg/dl U/I U/I U/I U/I ng/I pg/ml U/I U/I U/I U/I u/I	> 60 $0,1 - 1,2$ < 50 < 50 $40 - 130$ < 60 $2,3 - 19,8$ < 100 < 250 $22 - 51$ < 3 $< 0,5$

In Abhängigkeit des klinischen Allgemeinzustandes und der Symptomatik wurde initial bei Aufnahme eine arterielle Blutgasanalyse durchgeführt. Zur Auswertung standen zwei Point-of-Care-Geräte der Typen ABL 800 flex der Firma Radiometer (Radiometer GmbH; Krefeld) zur Verfügung. Die dabei erhobenen Parameter sind in nachfolgender Tabelle dargestellt: Tabelle 8: Parameter der arteriellen Blutgasanalyse (aus: Institut für Laboratoriumsmedizin, Klinikum Ingolstadt)

Parameter	Einheit	Normbereich
pH (Temperaturkorrigiert)	-log (mmol/l)	7,370 – 7,450
pO ₂ (Temperaturkorrigiert)	mmHg	71,0 – 104,0
pCO ₂ (Temperaturkorrigiert)	mmHg	32,0 – 46,0
sO ₂	%	95,0 – 98,5
Aktuelles Bikarbonat	mmol/l	21,0 – 26,0
Basenabweichung	mmol/l	-2,0 - 3,0
Hämoglobin arteriell	g/l	
Natrium arteriell	mmol/l	
Kalium arteriell	mmol/l	
Calcium, ionisiert arteriell	mmol/l	
Glucose arteriell	mg/dl	
Lactat	mmol/l	
Horovitz-Quotient	mmHg	> 450

2.3.1.2 Nachweis von SARS-CoV-2 mittels RT-PCR

Jeder stationäre Patient wurde auf eine Infektion mit SARS-CoV-2 untersucht. Dabei kam das Untersuchungsverfahren einer Reverse-Transcriptase-Polymerase-Chain-Reaction (RT-PCR) zum Einsatz. Dieses spezielle Untersuchungsverfahren wurde aufgrund der CoViD-19-Pandemie im Klinikum Ingolstadt etabliert. Die ersten Untersuchungen starteten am 23.03.2020, einen Tag vor dem Beginn der Erhebung der Daten für diese Auswertung.

Das Prinzip der Polymerasekettenreaktion beruht darauf, dass mit Hilfe von Primern, Desoxynucleosidtriphosphaten und einer hitzestabilen DNA-Polymerase in einem Reaktionsgemisch selbst kleinste Mengen an DNA vervielfältigt und somit nachweisbar gemacht werden können. Da es sich, wie eingangs erwähnt, beim SARS-CoV-2 um ein RNA-Virus handelt, wird die sogenannte RT-PCR benutzt. Dabei kommt das Enzym Reverse Transkriptase (RT) zum Einsatz, das aus der viralen RNA eine sogenannte copy-DNA transkribieren kann, die daraufhin vervielfacht wird (63). Die prinzipiellen Schritte der PCR sind folgende:

- Denaturierung: Erhitzen auf 95 °C, dadurch Trennung des DNA-Doppelstrangs in Einzelstränge
- Annealing (Anlagerung): bei ca. 40 55 °C Hybridisierung der Primer mit der DNA
- Elongation: Erhitzen auf 72°C um die DNA-Synthese durch eine hitzestabile DNA-Polymerase zu starten

Zur Darstellung und Messung der RT-PCR werden spezifische fluoreszierende Gensonden verwendet. Werden diese Gensonden während der Synthese der DNA abgebaut, kann man eine steigende Fluoreszenz messen. Die Messung findet immer am Ende der Elongationsphase, also am Ende eines Zyklus statt (64).

Als CT-Wert (cycle threshold für Schwellenwert-Zyklus) wird derjenige Zyklus angegeben, bei dem die Fluoreszenz erstmals signifikant über die Hintergrund-Fluoreszenz anstiegt. Derzeit wird davon ausgegangen, dass bei einem CT-Wert von 30 die ursprüngliche Viruslast so niedrig ist, dass nur eine sehr eingeschränkte Infektiosität besteht (65).

Das folgende Diagramm veranschaulicht die einzelnen Schritte der PCR.



Exponential growth of short product

Abbildung 12: Schema der RT-PCR zum Nachweis von SARS-CoV-2 (Quelle: Université de Montréal)

Die Probenentnahme erfolgte standardmäßig mittels eines nasopharyngealen Abstrichs. Für den Probennehmer besteht beim als Verdachtsfall klassifizierten Patienten die Pflicht, eine vollständige persönliche Schutzausrüstung mit wasserdichtem Schutzkittel, FFP-2-Maske, Schutzbrille, Haube und Handschuhen zu tragen (65). Die gewonnene Probe wird umgehend im klinikeigenen Labor analysiert.

2.3.2 Klinische Testverfahren

Im Rahmen der durch SARS-CoV-2 ausgelösten Pandemie wurde ein standardisiertes Screeningverfahren entwickelt, das bereits bei der Triage der Patienten bei Ankunft in Notfallklinik wird. Dieses ist fester der eingesetzt Bestandteil im Klinikinformationssystem Soarian (Cerner Corporation) in Form eines Formulars. Jeder Patient wird bei Ankunft in der Notfallklinik mit Hilfe dieses standardisierten Abfragebogens evaluiert. Die Angaben auf diesem Bogen wurde von speziell geschulten Pflegekräften im Rahmen der Triage erhoben. In Abbildung 13 ist exemplarisch das entsprechende Formular "KR - Triage Abfrage CoViD" dargestellt.

	Triage Abfrage CoViD-19	
Anamnese		
Symptome keine Befragung nicht möglich trockener Husten produktiver Husten Dyspnoe Fieber (>38,0°C) Geschmacksstörung	Kontakt ja nein Kategorie 1 (ungeschützter enger Kontakt zu best. oder Kategorie 2 (ungeschützter lockerer Kontakt zu best. oder Kategorie 3 (med. Personal, geschützter Kontakt zu best Aufenthalt Risikogebiet (innerhalb der letzten ja nein (internationale Risikogebiet)	Verdacht) er Verdacht) ätigtem Patienten) 14 Tage) e/RKD
Kopfschmerzen akute Verwirrtheit Diarrhoe	CoViD-Symptomabfrage	negativ positiv
Externer CoViD-Abstrich	-0	
Externer Abstrich am	Datum des Abstrichs Ergebnis r r r	folgt negativ positiv

Abbildung 13: Screenshot aus dem Formular "KR – Triage Abfrage CoViD-19" (Quelle: Soarian Clinicals, Klinikinformationssystem der Fa. Cerner, Version 4.3.200, Klinikum Ingolstadt)

Die jeweiligen Radiobuttons sind nicht beliebig markierbar, sondern stehen in einer kausalen Beziehung. Bei Eingabe in die linke Spalte löst die Angabe COVID-typischer Symptome wie Husten, Dyspnoe, Fieber oder Geschmacksstörung (35) eine primäre Kennzeichnung als "CoViD-Symptomabfrage positiv" aus. Die übrigen Symptome "Kopfschmerzen", "akute Verwirrtheit", "Diarrhoe" bzw. "Befragung nicht möglich" beruhten aus Erfahrungen, die mit den ersten Fällen von CoViD-19 im Klinikum Ingolstadt gemacht wurden. Retrospektiv handelte es sich dabei jedoch um Einzelfälle bzw. sekundäre Hinweise auf eine Infektion, die in der statistischen Auswertung in Zusammenhang mit dieser Arbeit nicht mit herangezogen wurden.

Die Differenzierung nach der Kategorie der Kontaktpersonen sowie dem Aufenthalt in einem Risikogebiet hätte entsprechend auch zu einer Markierung als "CoViD-Symptomabfrage positiv" bzw. "CoViD-Symptomabfrage negativ" geführt. Es hat sich jedoch herausgestellt, dass dieses Merkmal in der täglichen Routine nicht bzw. nur sehr selten benutzt wurde. Deswegen findet es keinen Eingang in diese Arbeit.

Gemäß der Empfehlung des Robert-Koch-Instituts (35) wurden folgende klinische Parameter zur Auswertung herangezogen:

- Husten
- Subjektive Dyspnoe
- Erhöhung der Körperkerntemperatur
- Geschmacksstörung

Innerhalb des Standardprocederes bei Aufnahme sollten weiterhin folgende Paramater erhoben und für die Auswertung erfasst werden:

- Blutdruck bei Aufnahme (mmHg)
- Herzfrequenz bei Aufnahme (Einheit: /min)
- Sauerstoffsättigung (Einheit: %)
- Atemfrequenz bei Aufnahme (Einheit: /min)
- Temperatur bei Aufnahme (Gemessen mit, Einheit °C)

Die klinischen Parameter wurden mit folgenden Geräten erhoben:

- SureSigns VS3 der Fa. Philipps
- Life Scope T der Fa. Nihon Kohden
- Thermoscan Pro 4000 der Fa. Braun

2.3.3 Radiologische Testverfahren

Schon zu Beginn der CoViD-19-Pandemie zeichnete sich ab, dass zur Detektion früher Stadien einer viralen Pneumonie wie der CoViD-19-Pneumonie die konventionelle radiologische Untersuchung des Thorax mittels Röntgenuntersuchung unzureichend war (34). Im Rahmen des Standarduntersuchungsverfahren entschied man sich daher bei jedem Patienten, der ärztlich als Verdachtsfall für eine CoViD-19-Pneumonie festgelegt wurde bzw. bei dem eine CoViD-19-Pneumonie nicht sicher auszuschließen war, eine low dose Computertomographie des Thorax durchzuführen.

Patienten, die den klinischen Verdacht auf eine Lungenarterienembolie hatten, wurden einer kontrastmittelgestützten Untersuchung des Thorax mittels Computertomographie (Pulmonalisangiographie) unterzogen (66). Wurde in der primär durchgeführten Labordiagnostik ein pathologisch erhöhter D-Dimer-Wert festgestellt, wurde eine Computertomographie mit Kontrastmittel zum Ausschluss einer Lungenarterienembolie durchgeführt. Als Schwellenwert wurde ein Wert von 2000 µg/l festgelegt. Bei einem D-Dimer-Wert unter 2000 µg/l sollte eine Darstellung der Lungenarterien nur bei einem begründeten klinischen Verdacht auf eine Lungenembolie durchgeführt werden.

Hintergrund dieser Überlegung war das in 1.6 beschriebene gehäufte Auftreten von thromboembolischen Ereignissen bei einer vorliegenden Infektion mit SARS-CoV-2 (44). Durch den D-Dimer-Wert von 2000µg/l sollte eine gedankliche Hürde entstehen, die helfen sollte, sowohl die Belastung durch Kontrastmittel als auch durch Strahlung zu minimieren (67).

Sollte aufgrund von Kontraindikationen (z.B. eingeschränkte Nierenfunktion) die Durchführung einer Pulmonalisangiographie der Lunge mittels CT nicht durchgeführt werden können, so war eine therapeutische Antikoagulation zu prüfen (68). Im Verlauf wurde bei diesen Patienten dann eine Ventilations-/Perfusionsszintigraphie der Lunge durchgeführt, um die Verdachtsdiagnose einer Lungenembolie zu bestätigen bzw. zu widerlegen.

Im Rahmen der Allgemeinverfügung vom 24.03.2020 (53), die die rechtliche Grundlage der Bekämpfung der CoViD-19-Pandemie darstellt, wurde der darin geforderten Trennung sowohl des Personals als auch der eingesetzten medizinischen Geräte dahingehend Rechnung getragen, dass in den Räumlichkeiten der Notfallklinik

29

ein neues Computertomographie-Gerät speziell für CoViD-19-Verdachtsfälle aufgestellt wurde (Fa. Siemens, Somatom top go).

Zur Durchführung der radiologischen Diagnostik standen folgende Geräte zur Verfügung:

- Fa. Canon, Aquillion one
- Fa. Siemens, Somatom Definition AS
- Fa. Siemens, Somatom top go (ab 02.06.2020)

Für die Untersuchungen wurde das Kontrastmittel Imeron[®] 350 bzw. Solutrast[®] 370 (beide Bracco Imaging Deutschland GmbH, Konstanz) verwendet.

Die Ventilations-/Perfusionsszintigraphien der Lungen werden in einer Kooperationspraxis, dem Diagnosticum Bayern Mitte auf dem Campus des Klinikum Ingolstadt durchgeführt. Die Untersuchungen werden auf folgenden Geräten durchgeführt:

- General Electric Discovery NM 630
- Fa. Siemens Medical Imaging ECAM

Als Tracer bzw. Radiopharmakon für die Perfusionssinzigraphie mit 99mTc-MAA wird Pulmocis® (Curium Pharma Germany, Berlin) verwendet. In der Ventilationsszintigraphie kommt Technegas® (VITA Medical Limited, Großbritannien) zum Einsatz.

2.4 Epidemiologische Parameter

Um den weiteren Verlauf der Patienten beurteilen zu können, werden die Probanden nach Dauer der Hospitalisation und Prognose ausgewertet und auf signifikante Unterschiede bei einer Infektion mit SARS-CoV-2 untersucht.

2.5 Statistische Auswertung

Zur statistischen Auswertung wurden etablierte Standardtestverfahren genutzt, die im nachfolgenden Kapitel kurz dargestellt werden.

Alle Daten, auf die in dieser retrospektiven Analyse Bezug genommen wird, sind im Klinikinformationssystem Soarian V 4.3.2 bzw. im Langzeit-Archiv des Klinikums Ingolstadt, Pegasos V 7.4.3.1 NEXUS / MARABU GmbH (Berlin) gespeichert. Für die vergleichende Untersuchung und statistische Auswertung der erhobenen Parameter wurden alle Daten in einer Datenbank gesammelt und verwaltet (Microsoft Excel, aus Mircosoft Office Professional Plus 2016). Die Auswertung erfolgte mit dem Programmpaket SPSS für Windows, Version 26.0.

Zur Charakterisierung des Patientenkollektivs wurden stetige Größen durch Mittelwert, Standardabweichung, Minimum, Maximum und Median angegeben. Kategoriale Daten wurden als absolute beziehungsweise relative Häufigkeit dargestellt.

Der Chi-Quadrat-Test (69) wurde herangezogen um den Einfluss kategorialer Variablen auf die definierten Endpunkte "CoViD" bzw. "Lungenarterienembolie" zu untersuchen.

Mit Hilfe von ROC-Kurven (70) wurde die Genauigkeit der metrischen Parameter hinsichtlich ihrer Vorhersagekraft für die Endpunkte untersucht. Für die einzelnen Parameter wurde in einem nächsten Schritt mit Hilfe des Youden-Index (71) das ideale Verhältnis zwischen Sensitivität und Spezifität ermittelt.

Die differenzierte Verteilung ausgewählter Parameter hinsichtlich der oben genannten Endpunkte wurde mit Hilfe des Boxplot-Verfahrens dargestellt.

In einem letzten Schritt wurde der Einfluss bestimmter Parameter auf das Gesamtüberleben mit Hilfe von Kaplan-Meier-Kurven (72) untersucht. Die Überlebensanalysen der Subgruppen wurden mit Hilfe des Logrank-Tests (73) verglichen.

31

Das Signifikanzniveau wurde bei einem p-Wert von <0,05 festgelegt.

3. Ergebnisse - Darstellung der eigenen Untersuchungen

Zur Beantwortung der Fragestellung wurden insgesamt Datensätze von n = 1334Patient*innen retrospektiv ausgewertet. Die Patient*innen stellten sich im Zeitraum von 24.03.2020 bis 30.06.2020 in der Notfallklinik des Klinikum Ingolstadt vor.

3.1. Methodische Ergebnisse: Deskriptive Statistik zur Beschreibung des Patientenkollektivs

Von den n = 1334 Probanden waren n = 767 Männer (57,5 %) und n = 567 Frauen (42,5 %). Weitere Daten zur Beschreibung des Patientenkollektivs sind in den Tabellen 1 bis 3 zusammengefasst. Bei n = 102 Patienten konnte eine CoViD-19-Infektion mittels PCR nachgewiesen werden. In dieser Gruppe hatten 31 % der Patient*innen eine Körpertemperatur oberhalb von 38 °C im Vergleich zu 13 % im Gesamtkollektiv. Husten als Symptom trat in der Gruppe der CoViD-19-positiven Probanden in 29 % der Fälle auf, im Vergleich zu 13 % in der Gruppe der CoViD-19-negativen Probanden. Geruchs- und Geschmacksstörungen wurden von 5,9 % der CoViD-positiven Patienten berichtet im Vergleich zu 2 % des CoViD-negativen Kollektiv. Ein ähnliches Verhältnis zeigte sich bzgl. des Symptoms "Dyspnoe": 38 % der positiv auf CoViD-19 getesteten Patient*innen klagten bei Aufnahme über Dyspnoe im Vergleich zu 23 % CoViD-19-negativen Patient*innen.

Beim Vergleich der Mediane der initial erhobenen Untersuchungsparameter beziehungsweise laborchemischen Surrogatparameter zeigten sich geringe Abweichungen in den einzelnen Gruppen (siehe Zusammenfassung in den Tabellen 30 und 31). Hier wiesen insbesondere die D-Dimere signifikante Unterschiede auf: Der Median des Gesamtkollektivs liegt bei 1447 μ g/l. Für die Gruppe der Probanden mit nachgewiesener Lungenarterienembolie, die negativ auf CoViD-19 getestet wurden (n = 42 Patient*innen) liegt er bei 4926 μ g/l im Vergleich zu 20487 μ g/l für Patient*innen bei denen sowohl eine Lungenarterienembolie als auch eine CoViD-19-Erkrankung nachgewiesen werden konnte (n = 5).

33

3.1.1 Deskriptive Statistik – gesamtes Probandenkollektiv

	N (gültig)	N (fehlend)	Mittel- wert	Median	Standard- abweichung	Minimum	Maximum
Alter (Jahre)	1334	0	70,1	74,0	16,2	18	100
Größe (cm)	809	525	169,74	170,00	9,27	140	198
Gewicht (kg)	808	526	78,20	76,00	19,93	35,0	220,0
Blutdruck systolisch (mmHg)	1324	10	144,6	142,5	30,88	0	253
Blutdruck diastolisch (mmHg)	1324	10	83,7	82,0	18,76	0	164
Herzfrequenz (/min)	1311	23	88	85	21	0	222
Atemfrequenz (/min)	1077	257	18,3	18,0	4,9	0	54
Sauerstoffsättigung (%)	1300	34	95,1	96,0	4,7	63	100
Temperatur (°C)	1226	108	36,92	36,80	1,00	30,5	40,5

Tabelle 9: Erhobene Daten bei Aufnahme – gesamtes Probandenkollektiv

Tabelle 10: Klinische Symptomatik bei Aufnahme – gesamtes Probandenkollektiv

	N (gültig)	N (fehlend)	Symptom vorhanden		Symptom nicht vorhanden	
			Abs.	Rel.	Abs.	Rel.
Husten	1334	0	187	14,0 %	1147	86,0 %
Dyspnoe	1334	0	318	23,8 %	1016	76,2 %
Geruchs- oder Geschmacksstörung	1334	0	29	2,2 %	1305	97,8 %
Fieber (> 37,5°C)	1226	108	287	21,4 %	939	70,4 %
Fieber (> 38 °C)	1226	108	177	13,3 %	949	78,6 %

Tabelle 11: Laborparameter bei Aufnahme - gesamtes Probandenkollektiv

	N (gültig)	N (fehlend)	Mittel- wert	Median	Standard- abweichung	Mini- mum	Maxi- mum
Leukozyten (/nl)	1321	13	11,25	9,70	14,27	0	448
Lymphozyten Absolut (/nl)	1276	58	1,82	1,27	10,608	0,1	358,6
D-Dimere (µg/l)	1253	81	5331,1	1447,0	11887,83	0	128000
LDH (U/I)	1291	43	291,2	225,0	373,93	81	9702
CRP (mg/l)	1324	10	61,63	18,55	90,81	0	500
Lactat (mmol/)I	974	360	1,68	1,20	1,614	0,3	17,0
Horovitz (< 100)	958	376	389,0	355,0	228,06	62	3838
3.1.2 Deskriptive Statistik – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Positiv"

	N (gültig)	N (fehlend)	Mittel- wert	Median	Standard- abweichung	Minimum	Maximum
Alter (Jahre)	102	0	68,8	72,0	15,9	24	92
Größe (cm)	61	41	171,2	172,0	9,30	150	193
Gewicht (kg)	61	41	79,87	78,00	21,09	40,0	183,0
Blutdruck systolisch (mmHg)	102	0	143,1	139,0	27,40	74	230
Blutdruck diastolisch (mmHg)	102	0	83,7	80,0	18,63	40	144
Herzfrequenz (/min)	101	1	87	86	20	42	162
Atemfrequenz (/min)	89	13	18,3	18,0	3,4	12	28
Sauerstoffsättigung (%)	99	3	94,2	95,0	4,04	77	100
Temperatur (°C)	100	2	37,33	37,25	1,03	35,1	39,9

Tabelle 12: Erhobene Daten bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Positiv"

Tabelle 13: Klinische Symptomatik bei Aufnahme – Grup	penzugehörigkeit "CoViD-Positiv"
---	----------------------------------

	N (gültig)	N (fehlend)	Symptom vorhanden		Symptom nicht vorhanden	
			Abs.	Rel.	Abs.	Rel.
Husten	102	0	30	29,4 %	72	70,6%
Dyspnoe	102	0	39	38,2 %	63	61,8 %
Geruchs- oder Geschmacksstörung	102	0	6	5,9 %	96	94,1 %
Fieber (> 37,5°C)	100	2	44	43,2 %	56	54,9 %
Fieber (> 38 °C)	100	2	32	31,4 %	68	66,7 %

Tabelle 14: Laborparameter bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Positiv"

	N (gültig)	N (fehlend)	Mittel- wert	Median	Standard- abweichung	Mini- mum	Maxi- mum
Leukozyten (/nl)	101	1	9,52	9,10	6,11	2	49
Lymphozyten Absolut (/nl)	101	1	1,55	1,04	2,916	0,2	28,9
D-Dimere (µg/l)	97	5	4607,5	1388,0	10704,57	0	89117
LDH (U/I)	101	1	320,2	262,0	216,71	125	1428
CRP (mg/l)	102	0	89,2	54,2	96,79	0	394
Lactat (mmol/)I	86	16	1,32	1,10	0,961	0,5	8,4
Horovitz (< 100)	84	18	352,4	333,0	113,18	161	819

3.1.3 Deskriptive Statistik – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Negativ"

	N (gültig)	N (fehlend)	Mittel- wert	Median	Standard- abweichung	Minimum	Maximum
Alter (Jahre)	1232	0	70,2	74,0	16,26	18	100
Größe (cm)	478	484	169,92	170,00	9,26	140	198
Gewicht (kg)	747	485	78,06	75,00	19,84	35,0	220,0
Blutdruck systolisch (mmHg)	1222	10	144,7	143,0	31,16	0	253
Blutdruck diastolisch (mmHg)	1222	10	83,7	82,0	18,78	0	164
Herzfrequenz (/min)	1210	22	88	85	21	0	222
Atemfrequenz (/min)	988	244	18,3	17,0	50,5	0	54
Sauerstoffsättigung (%)	1201	31	96,0	96,0	4,75	63	100
Temperatur (°C)	1126	106	36,88	36,80	0,99	30,5	40,5

Tabelle 15: Erhobene Daten bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Negativ"

Tabelle 16: Klinische Symptomatik bei Aufnahme – Grupper	nzugehörigkeit "CoViD-Negativ"
--	--------------------------------

	N (gültig)	N (fehlend)	Symptom vorhanden		Symptom nicht vorhanden	
			Abs.	Rel.	Abs.	Rel.
Husten	1232	0	157	12,7 %	1075	87,3 %
Dyspnoe	1232	0	279	22,6 %	953	77,4 %
Geruchs- oder Geschmacksstörung	1232	0	23	1,9 %	1209	98,1 %
Fieber (> 37,5°C)	1232	106	243	19,8 %	883	71,7 %
Fieber (> 38 °C)	1232	106	145	11,8 %	981	79,6 %

Tabelle 17: Laborparameter bei Aufnahme - Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Negativ"

	N (gültig)	N (fehlend)	Mittel- wert	Median	Standard- abweichung	Mini- mum	Maxi- mum
Leukozyten (/nl)	1220	12	11,40	9,80	14,74	0	448
Lymphozyten Absolut (/nl)	1175	57	1,84	1,27	11,022	0,1	358,6
D-Dimere (µg/l)	1156	76	5391,8	1460,5	11984,04	0	128000
LDH (U/I)	1190	42	288,7	223,0	384,28	81	9702
CRP (mg/l)	1222	10	59,3	16,5	89,95	0	500
Lactat (mmol/)I	888	344	1,71	1,20	1,659	0,3	17,0
Horovitz (< 100)	874	358	392,5	356,5	235,91	62	3838

3.1.4 Deskriptive Statistik – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Positiv" und "Lungenarterienembolie nachgewiesen"

	N (gültig)	N (fehlend)	Mittel- wert	Median	Standard- abweichung	Minimum	Maximum
Alter (Jahre)	5	0	66,2	68,0	18,61	43	86
Größe (cm)	4	1	174,8	175,5	5,00	168	180
Gewicht (kg)	4	1	80,75	80,00	17,19	63,0	100,0
Blutdruck systolisch (mmHg)	5	0	145,2	136,0	15,42	133	167
Blutdruck diastolisch (mmHg)	5	0	84,6	85,0	4,16	80	91
Herzfrequenz (/min)	5	0	93	93	6	85	102
Atemfrequenz (/min)	4	1	17,5	17,5	1,73	16	19
Sauerstoffsättigung (%)	4	1	94,0	94,0	1,83	92	96
Temperatur (°C)	5	0	36,74	36,90	0,38	36,1	37,0

Tabelle 18: Erhobene Daten bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Positiv" und "Lungenarterienembolie nachgewiesen"

Tabelle 19: Klinische Symptomatik bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Positiv" und "Lungenarterienembolie nachgewiesen"

	N (gültig)	N (fehlend)	Symptom vorhanden		Symptom nicht vorhanden	
			Abs.	Rel.	Abs.	Rel.
Husten	5	0	1	20 %	4	80 %
Dyspnoe	5	0	3	60 %	2	40 %
Geruchs- oder Geschmacksstörung	5	0	0	0	5	100 %
Fieber (> 37,5°C)	5	0	0	0	5	100 %
Fieber (> 38 °C)	5	0	0	0	5	100 %

Tabelle 20: Laborparameter bei Aufnahme - Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Positiv" und "Lungenarterienembolie nachgewiesen"

	N (gültig)	N (fehlend)	Mittel- wert	Median	Standard- abweichung	Mini- mum	Maxi- mum
Leukozyten (/nl)	5	0	9,40	9,70	2,33	6	12
Lymphozyte n Absolut (/nl)	5	0	1,20	1,04	0,547	0,7	2,1
D-Dimere (µg/l)	5	0	18664,6	20487,0	9948,99	3652	31334
LDH (U/I)	5	0	462,4	264,0	400,67	169	1153
CRP (mg/l)	5	0	130,54	124,70	97,75	32	271
Lactat (mmol/)I	4	1	1,30	1,25	0,141	1,2	1,5
Horovitz (< 100)	4	1	362,5	397,0	86,43	236	420

3.1.5 Deskriptive Statistik – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Positiv" und "Lungenarterienembolie nicht nachgewiesen"

	N (gültig)	N (fehlend)	Mittel- wert	Median	Standard- abweichung	Minimum	Maximum
Alter (Jahre)	97	0	68,9	72,0	15,58	24	92
Größe (cm)	57	40	170,9	172,0	9,51	150	193
Gewicht (kg)	57	40	79,81	78,80	21,47	40,0	183,0
Blutdruck systolisch (mmHg)	97	0	143,0	139,0	27,92	74	230
Blutdruck diastolisch (mmHg)	97	0	83,6	80,0	19,09	40	144
Herzfrequenz (/min)	96	1	87	86	21	42	162
Atemfrequenz (/min)	85	12	18,3	18,0	3,41	12	28
Sauerstoffsättigung (%)	95	2	94,2	95,0	4,12	77	100
Temperatur (°C)	95	2	37,37	37,30	1,04	35,1	39,9

Tabelle 21: Erhobene Daten bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Positiv" und "Lungenarterienembolie nicht nachgewiesen"

Tabelle 22: Klinische Symptomatik bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Positiv" und "Lungenarterienembolie nicht nachgewiesen"

	N (gültig)	N (fehlend)	Symptom vorhanden		Symptom nicht vorhanden	
			Abs.	Rel.	Abs.	Rel.
Husten	97	0	29	29,9 %	68	70,1 %
Dyspnoe	97	0	37	38,1 %	60	61,9 %
Geruchs- oder Geschmacksstörung	97	0	6	6,2 %	91	93,8 %
Fieber (> 37,5°C)	95	2	44	45,4 %	51	52,6 %
Fieber (> 38 °C)	95	2	32	33,0 %	63	64,9 %

Tabelle 23: Laborparameter bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Positiv" und "Lungenarterienembolie nicht nachgewiesen"

	N (gültig)	N (fehlend)	Mittel- wert	Median	Standard- abweichung	Mini- mum	Maxi- mum
Leukozyten (/nl)	96	1	9,52	8,95	6,25	2	49
Lymphozyten Absolut (/nl)	96	1	1,56	1,05	2,974	0,2	28,9
D-Dimere (µg/l)	92	5	3843,6	1299,0	10251,13	0	89117
LDH (U/I)	96	1	312,8	259,0	203,85	125	1428
CRP (mg/l)	97	0	87,06	51,80	96,77	0	394
Lactat (mmol/)I	82	15	1,32	1,00	0,984	0,5	8,4
Horovitz (< 100)	80	17	351,9	330,5	114,76	161	819

3.1.6 Deskriptive Statistik – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Negativ" und "Lungenarterienembolie nachgewiesen"

	N (gültig)	N (fehlend)	Mittel- wert	Median	Standard- abweichung	Minimum	Maximum
Alter (Jahre)	42	0	66,5	69,0	18,90	26	94
Größe (cm)	26	16	169,6	170,0	10,37	150	190
Gewicht (kg)	27	15	79,70	80,00	19,40	48,0	124,0
Blutdruck systolisch (mmHg)	41	1	149,2	144,0	22,19	119	200
Blutdruck diastolisch (mmHg)	41	1	90,4	88,0	18,72	60	148
Herzfrequenz (/min)	40	2	91	95	21	24	141
Atemfrequenz (/min)	29	13	18,7	18,0	4,27	12	30
Sauerstoffsättigung (%)	40	2	94,8	96,0	3,80	85	99
Temperatur (°C)	39	3	37,15	37,00	0,83	36,0	39,5

Tabelle 24. Erhobene Daten bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Negativ" und "Lungenarterienembolie nachgewiesen"

Tabelle 25: Klinische Symptomatik bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Negativ" und "Lungenarterienembolie nachgewiesen"

	N (gültig)	N (fehlend)	Symptom vorhanden		Symptom nicht vorhanden	
			Abs.	Rel.	Abs.	Rel.
Husten	42	0	6	14,3 %	36	85,7 %
Dyspnoe	42	0	17	40,5 %	25	59,5 %
Geruchs- oder Geschmacksstörung	42	0	1	2,4 %	41	97,6 %
Fieber (> 37,5°C)	39	3	11	26,2 %	28	66,7 %
Fieber (> 38 °C)	39	3	5	11,9 %	34	81,0 %

Tabelle 26: Laborparameter bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Negativ" und "Lungenarterienembolie nachgewiesen"

	N (gültig)	N (fehlend)	Mittel- wert	Median	Standard- abweichun g	Mini- mum	Maxi- mum
Leukozyten (/nl)	42	0	11,61	11,00	4,65	4	21
Lymphozyte n Absolut (/nl)	42	0	1,49	1,85	0,941	0,2	4,4
D-Dimere (µg/l)	41	1	15558,2	4926,0	21651,19	266	101353
LDH (U/I)	42	0	338,2	240,5	33,47	140	2237
CRP (mg/l)	42	0	59,3	41,0	63,68	0	270
Lactat (mmol/)I	36	6	1,50	1,30	0,873	0,4	4,0
Horovitz (< 100)	35	7	373,1	356,0	103,84	102	586

3.1.6 Deskriptive Statistik – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Negativ" und "Lungenarterienembolie nicht nachgewiesen"

	N (gültig)	N (fehlend)	Mittel- wert	Median	Standard- abweichung	Minimum	Maximum
Alter (Jahre)	1190	0	70,4	74,0	16,15	18	100
Größe (cm)	722	468	169,6	170,0	9,23	140	198
Gewicht (kg)	720	470	78,00	75,00	19,87	35,0	220,0
Blutdruck systolisch (mmHg)	1181	9	144,6	143,0	31,420	0	253
Blutdruck diastolisch (mmHg)	1181	9	83,4	82,0	18,75	0	164
Herzfrequenz (/min)	1170	20	88	85	21	0	222
Atemfrequenz (/min)	959	231	18,3	17,0	5,07	0	54
Sauerstoffsättigung (%)	1161	29	95,1	96,0	4,78	63	100
Temperatur (°C)	1087	103	36,87	36,80	0,997	30,5	40,5

Tabelle 27: Erhobene Daten bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Negativ" und "Lungenarterienembolie nicht nachgewiesen"

Tabelle 28: Klinische Symptomatik bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Negativ" und "Lungenarterienembolie nicht nachgewiesen"

	N (gültig)	N (fehlend)	Symptom vorhanden		Symptom nicht vorhanden	
			Abs.	Rel.	Abs.	Rel.
Husten	1190	0	151	12,7 %	1039	87,3 %
Dyspnoe	1190	0	262	22,0 %	928	78,0 %
Geruchs- oder Geschmacksstörung	1190	0	22	1,8 %	1168	98,2 %
Fieber (> 37,5°C)	1087	103	232	19,5 %	855	71,8 %
Fieber (> 38 °C)	1087	103	140	11,8 %	947	79,6 %

Tabelle 29: Laborparameter bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Negativ" und "Lungenarterienembolie nicht nachgewiesen"

	N (gültig)	N (fehlend)	Mittel- wert	Median	Standard- abweichun g	Mini- mum	Maxi- mum
Leukozyten (/nl)	1178	12	11,39	9,70	14,97	0	448
Lymphozyte n Absolut (/nl)	1133	57	1,85	1,27	11,23	0,1	358,6
D-Dimere (µg/l)	1115	75	5018,0	1429,0	11319,32	0	1280 00
LDH (U/I)	1148	42	286,9	221,5	386,02	81	9702
CRP (mg/l)	1180	10	59,33	16,05	90,765	0	500
Lactat (mmol/)I	852	338	1,72	1,20	1,684	0,3	17,0
Horovitz (< 100)	839	351	393,3	357,0	239,85	62	3838

3.1.7 Zusammenfassung: Vergleich der Mediane der Parameter

Tabelle 30: Vergleich der Mediane der Parameter nach Gruppenzugehörigkeit

Parameter	Gesamt	C -	C +	C - LAE -	C + LAE -	C – LAE +	C + LAE +
N (rel.)	1334 (100 %)	1232 (92,35 %)	102 (7,65 %)	1190 (89,21 %)	97 (7,35 %)	42 (3,15 %)	5 (0,37 %)
Alter (Jahre)	74,0	74,0	72,0	74,0	72,0	69,0	68,0
Größe (cm)	170,00	170,00	172,0	170,0	172,0	170,0	175,5
Gewicht (kg)	76,00	75,00	78,00	75,00	78,80	80,00	80,00
Blutdruck systolisch (mmHg)	142,5	143,0	139,0	143,0	139,0	144,0	136,0
Blutdruck diastolisch (mmHg)	82,0	82,0	80,0	82,0	80,0	88,0	85,0
Herzfrequenz (/min)	85	85	86	85	86	95	93
Atemfrequenz (/min)	18,0	17,0	18,0	17,0	18,0	18,0	17,5
Sauerstoffsättigung (%)	96,0	96,0	95,0	96,0	95,0	96,0	94,0
Temperatur (°C)	36,80	36,80	37,25	36,80	37,30	37,00	36,90
Leukozyten (/nl)	9,70	9,80	9,10	9,70	8,95	11,00	9,70
Lymphozyten Absolut (/nl)	1,27	1,27	1,04	1,27	1,05	1,85	1,04
D-Dimere (µg/l)	1447,0	1460,5	1388,0	1429,0	1299,0	4926,0	20487,0
LDH (U/I)	225,0	223,0	262,0	221,5	259,0	240,5	264,0
CRP (mg/l)	18,55	16,5	54,2	16,05	51,80	41,0	124,70
Lactat (mmol/)I	1,20	1,20	1,10	1,20	1,00	1,30	1,25
Horovitz (< 100)	355,0	356,5	333,0	357,0	330,5	356,0	397,0

Legende:

C - PCR auf SARS-CoV-2 negativ, C + PCR auf SARS-CoV-2 positiv, LAE - kein Nachweis einer Lungenarterienembolie, LAE + Nachweis einer Lungenarterienembolie

Tabelle 31: Vergleich der Häufigkeiten bestimmter klinischer Symptome nach Gruppenzugehörigkeit

Parameter	Gesamt	C -	C +	C - LAE -	C + LAE -	C – LAE +	C + LAE +
Häufigkeit N	1334	1232	102	1190	97	42	5
(rel.)	(100 %)	(92,35 %)	(7,65 %)	(89,21 %)	(7,35 %)	(3,15 %)	(0,37 %)
Husten	187	157	30	151	29	6	1
	(14,0 %)	(12,7 %)	(29,4 %)	(12,7 %)	(29,9 %)	(14,3 %)	(20 %)
Dyspnoe	318	279	39	262	37	17	3
	(23,8 %)	(22,6 %)	(38,2 %)	(22,0 %)	(38,1 %)	(40,5 %)	(60 %)
Geruchs- oder	29	23	6	22	6	1 (2,4 %)	0
Geschmacksstörung	(2,2 %)	(1,9 %)	(5,9 %)	(1,8 %)	(6,2 %)		(0 %)
Fieber	287	243	44	232	44	11	0
(> 37,5°C)	(21,4 %)	(19,8 %)	(43,2 %)	(19,5 %)	(45,4 %)	(26,2 %)	(0 %)
Fieber	177	145	32	140	32	5	0
(> 38 °C)	(13,3 %)	(11,8 %)	(31,4 %)	(11,8 %)	(33,0 %)	(11,9 %)	(0 %)

Legende: Die prozentualen Angaben in der Zeile Häufigkeit N beziehen sich auf die Gesamtzahl 1334, bei den relativen Angaben in den Spalten bezieht sich 100 % jeweils auf die absolute Zahl der Gruppe

C - PCR auf SARS-CoV-2 negativ, C + PCR auf SARS-CoV-2 positiv, LAE - kein Nachweis einer Lungenarterienembolie, LAE + Nachweis einer Lungenarterienembolie

3.2 Relevante Einflussfaktoren bei nachgewiesener CoViD-19-Erkrankung bzw. Nachweis einer Lungenarterienembolie

Im nächsten Schritt wurden die gemäß dem klinikinternen Standard definierten klinischen Parameter und Schwellenwerte laborchemischer Surrogatparameter bzgl. der Endpunkte "Infektion mit CoViD-19" bzw. "Nachweis einer Lungenarterienembolie" mittels Kreuztabellen und Chi-Quadrat-Tests untersucht (Tabellen 32 - 35). Zur Diskriminierung bzgl. einer Infektion mit CoViD-19 zeigten sich die klinischen Parameter "Husten" (13 % gegenüber 29 %, p < 0,001) bzw. "Subjektive Dyspnoe" (23 % gegenüber 28 %, p < 0,001) hoch signifikant. Auch der Schwellenwert von 37,5°C Körpertemperatur war hierfür von Relevanz. Dieser Wert markiert ebenfalls ein Differenzierungsmerkmal für eine Erkrankung mit CoViD-19 (20 % gegenüber 43 %, p < 0,001).

Ein laborchemisch signifikanter Wert zur Differenzierung einer Erkrankung an CoVID-19 war die Laktatdehydrogenase. Ein Grenzwert von 400 U/I zeigte hier einen signifikanten Unterschied (10 % gegenüber 20,6 %, p = 0,002). Auch die absolute Zahl der Lymphozyten im peripheren Blut zeigte mit einem p-Wert von 0,020 einen signifikanten Unterschied im Hinblick auf die Differenzierung einer Erkrankung mit CoViD-19.

N = 1334 (100 %)	COVID	– Negativ	COVID) - Positiv	p-Wert
Geschlecht	Gesamt Männlich Weiblich	1232 (92,4 %) 706 (57,3 %) 526 (42,7 %)	Gesamt Männlich Weiblich	102 (7,6 %) 61 (59,8 %) 41 (40,2 %)	0,624
Husten	157 (12,7 %)		30 (29,4 %)		< 0,001
Subjektive Dyspnoe	279 (22,6 %)		39 (38,2 %)		< 0,001
Geruchs- oder Geschmacksstörung	23 (1,87 %)		6 (5,9 %)		0,008
Temperatur > 37,5 °C	243 (19,7 %)		44 (43,1 %)		< 0,001
Atemfrequenz > 25/min	(7	97 ,9 %)	5 (4,9 %)		0,195
Lymphozyten < 1 (/nl)	464 (37,7 %)		51 (50,0 %)		0,020
D-Dimere > 2000 μg/	458 (37,2 %)		35 (34,3 %)		0,691
LDH > 400 (U/I)	(10	123),0 %)	21 (20,6 %)		0,002

Tabelle 32: Chi-Quadrat-Test -	Signifikanz definierter Pa	arameter bzgl. der Di	agnose CoViD-19
(Quelle: Positionspapier der Co	ViD-Gruppe)		

In einem weiteren Test wurde die Gruppe der Probanden mit einer nachgewiesenen Lungenarterienembolie mit der Gruppe ohne Lungenarterienembolie-Nachweis verglichen. Hier zeigte sich eine deutliche Signifikanz für das Symptom "subjektive Dyspnoe bei Aufnahme" (23 % gegenüber 40 %, p < 0,001) sowie für einen D-Dimer-Wert > 2000 μ g/l (36 % gegenüber 70 %, p < 0,001).

N = 1334 (100 %)	KEIN Nachweis einer		Nachw	p-Wert	
	Lungenart	erienembolie	Lungenarterienembolie		
Geschlecht	Gesamt Männlich Weiblich	1287 (96,5 %) 741 (57,6 %) 546 (42,4 %)	Gesamt Männlich Weiblich	47 (3,5 %) 26 (55,3 %) 21 (44,7 %)	0,759
Husten	(14	180 I,0 %)	7 (14,9 %)		0,860
Subjektive Dyspnoe	(23	299 3,2 %)	19 (40,4)		< 0,007
Geruchs- oder Geschmacksstörung	28 (2,2 %)		1 (2,1 %)		0,982
Temperatur > 37,5 °C	276 (21,4 %)		11 (23,4 %)		0,651
Atemfrequenz > 25/min	99 (7,7 %)		3 (6,4 %)		0,940
Lymphozyten < 1 (/nl)	497 (38,6 %)		18 (38,3 %)		0,316
D-Dimere > 2000 μg/	460 (35,7 %)		33 (70,2 %)		< 0,001
LDH > 400 (U/I)	(10	135),5 %)	9 (19,1 %)		0,088

Tabelle 33: Chi-Quadrat-Test – Signifikanz definierter Parameter bzgl. der Diagnose Lungenarterienembolie (Quelle: Positionspapier der CoViD-Gruppe)

Zur Differenzierung der Diagnose einer Lungenarterienembolie innerhalb der Gruppe der CoViD-positiven bzw. CoViD-negativen Probanden wurden die Gruppen erneut aufgeteilt und die oben bereits verwendeten Parameter mittels Chi-Quadrat-Test untersucht. Tabelle 34: Chi-Quadrat-Test - Signifikanz der Parameter bzgl. der Diagnose Lungenarterienembolie differenziert nach der Gruppenzugehörigkeit CoViD-19: CoVID-Positiv (Quelle: Positionspapier der CoViD-Gruppe)

CoViD-positiv	KEIN Nachweis einer		Nachweis einer		p-Wert
Geschlecht	Gesamt Männlich Weiblich	97 (95,1 %) 58 (59,8 %) 39 (40,2 %)	Gesamt Männlich Weiblich	5 (4,9 %) 3 (60,0 %) 2 (40,0 %)	0,993
Husten	(29	29 ,9 %)	(20	1 (20.0 %)	
Subjektive Dyspnoe	37 (38,1%)		2 (40,0 %)		0,934
Geruchs- oder Geschmacksstörung	6 (6,2 %)		0 (0,0 %)		0,566
Temperatur > 37,5 °C	44 (45,4 %)		0 (0,0 %)		0,229
Atemfrequenz > 25/min	5 (5,2 %)		0 (0,0 %)		0,618
Lymphozyten < 1 (/nl)	48 (49,5 %)		3 (60,0 %)		0,885
D-Dimere > 2000 μg/	30 (30,9 %)		5 (100,0 %)		0,007
LDH > 400 (U/I)	(19	19 ,6 %)	2 (40,0 %)		0,538

Tabelle 35: Chi-Quadrat-Test Signifikanz der Parameter bzgl. der Diagnose Lungenarterienembolie differenziert nach der Gruppenzugehörigkeit CoViD-19: CoVID-Negativ (Quelle: Positionspapier der CoViD-Gruppe)

CoViD-Negativ	KEIN Nachweis einer		Nachweis einer		p-Wert
N = 1232 (100 %)	Lungenarterienembolie		Lungenarterienembolie		
Geschlecht	Gesamt Männlich Weiblich	1190 (96,6 %) 683 (57,4 %) 507 (42,6 %)	Gesamt Männlich Weiblich	42 (3,4 %) 23 (54,8 %) 19 (45,2 %)	0,735
Husten	(12	151 2,7 %)	6 (14,3 %)		0,760
Subjektive Dyspnoe	262 (22.0 %)		17 (40,4 %)		0,005
Geruchs- oder	22		1		0,802
Geschmacksstörung	(18,5 %)		(2,4 %)		
Temperatur	232		11		0,484
> 37,5 °C	(19,5 %)		(26,2 %)		
Atemfrequenz > 25/min	94 (7,9 %)		3 (7,1 %)		0,923
Lymphozyten	449		15		0,304
< 1 (/nl)	(37,7 %)		(35,7 %)		
D-Dimere	430		28		< 0,001
> 2000 μg/	(36,1 %)		(66,7 %)		
LDH > 400 (U/I)	(9	116 ,7 %)	7 (16,7 %)		0,175

In der Gruppe der CoViD-negativen Probanden konnten n = 42 Lungenarterienembolien nachgewiesen werden. "Subjektive Dyspnoe" (22 % gegenüber 40 %, p = 0,005) und das Merkmal "D-Dimere > 2000 μ g/l" (36,1 % gegenüber 67 %, p < 0,001) blieben in dieser Gruppe signifikante Parameter zur Differenzierung der Lungenarterienembolie.

In der Gruppe der CoViD-positiven Probanden konnten bei n = 5 diese Signifikanzen nicht mehr dargestellt werden.

3.3 Methodische Ergebnisse: Kreuztabelle bzw. Chi-Quadrat-Test zum Vergleich der Verteilung der Gruppenzugehörigkeit "Lungenarterienembolie" hinsichtlich des Merkmals "CoViD"

In Tabellen 37 und 38 wird die Abhängigkeit zwischen nachgewiesener Lungenarterienembolie in der Gruppe der CoViD-19-positiv getesteten Probanden dargestellt. Mit n = 42 Probanden liegt die Rate der diagnostizierten Lungenarterienembolien in der Gruppe der CoViD-negativen (n = 1232) bei 3 % im Vergleich zu n = 5 bei einer Gesamtanzahl von n= 102 in der Gruppe der CoViD-positiven Patient*innen (5 %). Der Chi-Quadrat-Test nach Pearson zeigte hier jedoch keine Signifikanz (p = 0,432). Die detaillierten Ergebnisse sind in untenstehenden Tabellen aufgeführt.

Tabelle 36: Verarbeitete Fälle der Kreuztabelle Gruppenzugehörigkeit "CoViD" – Gruppenzugehörigkeit "Lungenarterienembolie"

	Fälle						
	Gültig		Fehlend		Gesamt		
	N	Rel. Anteil	Ν	Rel. Anteil	Ν	Rel. Anteil	
Gruppenzugehörigkeit CoViD vs. Gruppenzugehörigkeit Lungenarterienembolie	1334	100,0 %	0	0 %	1334	100,0 %	

			Gruppenzu Lungenarte		
			Nicht	nachdewiesen	Gesamt
	CoViD	Anzahl	1190	42	1232
Gruppen-	Negativ	Rel. Anteil innerhalb der Gruppe	96,6 % %	3,4 %	100,0 %
zugehörigkeit	CoViD	Anzahl	97	5	102
CoVID	Positiv	Rel. Anteil innerhalb der Gruppe	95,1 % %	4,9 %	100,0 %
		Anzahl	1287	47	1334
Gesamt		Rel. Anteil an der Gesamtzahl	96,5 %	3,5 %	100,0 %

Tabelle 37: Kreuztabelle Gruppenzugehörigkeit "CoViD" vs. Gruppen-zugehörigkeit "Lungenarterienembolie"

Tabelle 38: Chi-Quadrat-Test nach Pearson zur Kreuztabelle "CoViD" vs. "Lungenarterienembolie"

	Wert	df	Asymptotische Signifikanz
Chi-Quadrat-Test nach Pearson	0,618	1	0,432
Anzahl der gültigen Fälle	1334		

3.4 Methodische Ergebnisse: Sensitivität und Spezifität für die Diskriminierung zwischen CoViD-Infektion und Lungenarterienembolie

Sog. "receiver operating characteristics"-Kurve (ROC-Kurve) wurden eingesetzt, um aussagekräftige Werte zur Diskriminierung zwischen CoViD-positivem bzw. CoViD-negativem sowie dem Nachweis einer Lungenarterienembolie zu ermitteln (Abb. 14 und 15).

Unter Anwendung des sog. Youden-Index (71) wird für die Endpunkte ein optimales Verhältnis zwischen Sensitivität und Spezifität des Testverfahrens ermittelt. Die Ergebnisse sind in den untenstehenden Tabellen 39 – 42 bzw. 43 und 44 dargestellt.



Diagonale Segmente ergeben sich aus Bindungen.

Abbildung 14: Differenzierung mittels ROC-Kurve bzgl. der Endpunkte Erkrankung an CoViD ja/nein

Testergebnis	Fläche	Standard-	Asymptotische Signifikanz	Asymptomatisches 95 % Konfidenzintervall	
		Terner	Olgrinikariz	Untergrenze	Obergrenze
Temperatur	0,646	0,037	<0,001	0,573	0,719
Blutdruck systolisch	0,482	0,038	0,634	0,408	0,556
Blutdruck diastolisch	0,476	0,038	0,530	0,401	0,551
Herzfrequenz	0,481	0,037	0,610	0,408	0,554
O ₂ -Sättigung	0,464	0,037	0,331	0,392	0,535
Atemfrequenz	0,501	0,033	0,977	0,436	0,566
Leukozyten	0,369	0,038	0,001	0,295	0,444
D-Dimer	0,471	0,039	0,439	0,395	0,547
LDH	0,603	0,039	0,006	0,527	0,679
Lymphozyten absolut	0,445	0,035	0,146	0,377	0,513
CRP	0,621	0,034	0,001	0,555	0,687
Horovitz-Quotient	0,446	0,035	0,154	0,377	0,516
Lactat	0,415	0,036	0,023	0,344	0,485

Tabelle 39: Fläche unter der Kurve für die Variablen der Testergebnisse bzgl. der Gruppenzugehörigkeit "CoVID"

Unter Anwendung des Youden-Index für jeden Parameter zur Differenzierung des besten Verhältnisses zwischen Sensitivität und Spezifität ergeben sich folgende Grenzwerte zur Differenzierung zwischen CoViD-positiv bzw. CoViD-negativ: Tabelle 40: Ermittlung von Sensitivität und Spezifität mittels Youden-Index zur Differenzierung zwischen CoViD-Positiv und CoViD-Negativ

Parameter	Wert	Sensitivität	Spezifität	Youden-Index
Temperatur	> 37,25 °C	54,5 %	74,1 %	0,287
RR systolisch	> 164,50 mmHg	27,3 %	76,3 %	0,046
RR diastolisch	< 87,50mmHg	34,8 %	59,0 %	-0,060
Herzfrequenz	< 102,5 /min	15,2 %	76,1 %	-0,088
O ₂ -Sättigung	< 93,5 %	56,1 %	32,2 %	-0,121
Atemfrequenz	< 20,5 /min	19,7 %	72,4 %	-0,079
Leukozyten	< 5,65 /nl	68,2 %	9,0 %	-0,228
D-Dimere	< 816 µg/l	66,7 %	21,8 %	-0,115
LDH	> 261,50 U/I	54,5 %	67,6 %	0,222
Lymphozyten	< 1,655 /nl	16,7 %	69,9 %	-0,134
absolut				
CRP	> 24,85 mg/dl	71,2 %	51,6 %	0,228
Horovitz-Quotient	422,50	18,2 %	69,6 %	-0,125
Lactat	2,45 mmol/l	3 %	83,5 %	-0,133

Beispielhaft wurde für den Endpunkt CoViD-positiv mittels Youden-Index eine definierte Sensitivität des Grenzwerts von > 85 % definiert und die sich daraus ergebenden Werte in nachstehende Tabelle eingetragen:

Tabelle 41: Beispielhafte Ermittlung von Sensititvität und Spezifität mittels Youden-Index, bei einer Vorgebenen Sensitivität > 85 %

Parameter	Wert	Sensitivität	Spezifität	Youden-Index
Temperatur	36,15 °C	87,9 %	19,9 %	0,078
RR systolisch	107,50 mmHg	86,4 %	9,0 %	-0,001
RR diastolisch	60,50mmHg	86,4 %	11,8 %	-0,018
Herzfrequenz	66,50 /min	86,4 %	10,7 %	-0,029
O ₂ -Sättigung	89,5 %	92,4 %	13,0 %	0,055
Atemfrequenz	14,5 /min	90,9 %	15,8 %	0,068
Leukozyten	3,95 /nl	86,4 %	2,8 %	-0,108
D-Dimere	530,50	86,4 %	11,3 %	-0,024
LDH	177,50 U/I	86,4 %	18,0 %	0,043
Lymphozyten	0,505 /nl	86,4 %	14,1 %	0,004
absolut				
CRP	8,95 mg/dl	86,4 %	23,3 %	0,196
Horovitz-Quotient	247,50	86,4 %	13,1 %	0,004
Lactat	0,550 mmol/l	93,9 %	5,5 %	0,004



Diagonale Segmente ergeben sich aus Bindungen.

Abbildung 15: Differenzierung mittels ROC-Kurve bzgl. des Endpunkts Diagnose einer Lungenarterienembolie ja/nein

Tabelle 42: Fläche unter der Kurve für die Variablen der Testergebnisse bzgl. der Gruppenzugehörigkeit "Lungenembolie nachgewiesen"

Testergebnis	Fläche	Standard-	Asymptotische Signifikanz	Asymptomatisches 95 % Konfidenzintervall	
		Terner	Olgrinikariz	Untergrenze	Obergrenze
Temperatur	0,655	0,044	0,009	0,569	0,740
Blutdruck systolisch	0,575	0,046	0,203	0,486	0,664
Blutdruck diastolisch	0,608	0,051	0,068	0,508	0,707
Herzfrequenz	0,539	0,057	0,513	0,427	0,650
O ₂ -Sättigung	0,474	0,052	0,655	0,372	0,575
Atemfrequenz	0,536	0,050	0,867	0,392	0,588
Leukozyten	0,490	0,050	0,867	0,392	0,588
D-Dimer	0,719	0,053	< 0,001	0,614	0,824
LDH	0,496	0,046	0,951	0,407	0,586
Lymphozyten absolut	0,567	0,054	0,256	0,461	0,673
CRP	0,572	0,046	0,225	0,481	0,662
Horovitz-Quotient	0,552	0,049	0,374	0,455	0,649
Lactat	0,478	0,056	0,703	0,368	0,587

Auch für den Endpunkt "Nachweis einer Lungenarterienembolie" wurden unter zu Hilfenahme des Youden-Index Schwellenwerte mit dem optimalen Verhältnis zwischen Sensitivität und Spezifität ermittelt und in untenstehender Tabelle dargestellt: Tabelle 43: Ermittlung von Sensitivität und Spezifität mittels Youden-Index zur Differenzierung hinsichtlich der Diagnose einer Lungenarterienembolie

Parameter	Wert	Sensitivität	Spezifität	Youden-Index
Temperatur	36,65 °C	88,0 %	43,8 %	0,318
RR systolisch	128,50 mmHg	92,0 %	29,4 %	0,214
RR diastolisch	81,50 mmHg	72,0 %	50,6 %	0,226
Herzfrequenz	92,50 /min	52,0 %	62,9 %	0,149
O ₂ -Sättigung	< 97,50 %	16,0 %	71,1 %	-0,129
Atemfrequenz	15,5 /min	92,0 %	21,5 %	0,135
Leukozyten	< 14,65 /nl	8,0 %	80,5 %	-0,115
D-Dimere	7470,50 µg/l	48,0 %	88,7 %	0,367
LDH	216,50 U/I	76,0 %	42,5 %	0,185
Lymphozyten	0,835 /nl	84,0 %	32,5 %	0,165
absolut				
CRP	11,45 mg/dl	84,0 %	37,3 %	0,213
Horovitz-Quotient	296,0	92,0 %	22,8 %	0,188
Lactat	< 2,15 mmol/l	12,0 %	80,5 %	-0,075

3.5 Darstellung diskriminierender Surrogatparameter der vier Untergruppen

In der Literatur werden drei laborchemische Parameter zur Differenzierung eines Verdachtsfalls einer CoViD-19-Erkrankung herangezogen: Die absolute Zahl der Lymphozyten, die Lactatdehydrogenase sowie die D-Dimere. Deshalb wurden diese Parameter noch einmal differenziert betrachtet.



3.5.1 Differenzierte Analyse des Parameters "D-Dimere"

Abbildung 16: Differenzierte Betrachtung der D-Dimere mittels Boxplot entsprechend der 4 Untergruppen CoViD-neg/LAE-neg, CoViD-pos/LEA-neg, COVID-neg/LAE-pos und CoVID-pos/LAEpos



Diagonale Segmente ergeben sich aus Bindungen.

Abbildung 17: ROC-Kurve des Parameters "D-Dimere" der Gruppe "CoViD-Negativ" bzgl. der Diagnose "Lungenarterienembolie"



Abbildung 18: ROC-Kurve des Parameters "D-Dimere" der Gruppe "CoViD-Positiv" bzgl. der Diagnose "Lungenarterienembolie"

Gruppenzugehörigkeit CoViD	Fläche	Standard- fehler	Asymptotische Signifikanz	Asymptomati Konfidenz Untergrenze	sches 95 % tintervall Obergrenze
CoViD Negativ	0,728	0,041	< 0,001	0,648	0,807
CoViD Positiv	0,939	0,032	0,001	0,873	1,000

Tabelle 44: ROC-Kurve – Variablen des Testergebnisses für den Parameter "D-Dimer"

Vergleicht man die D-Dimer-Werte beider Gruppen (CoViD-positiv *vs.* CoViD-negativ) zu ihrer Aussagekraft hinsichtlich des Nachweises einer Lungenarterienembolie fand sich ein Unterschied. Ein mit Hilfe des Youden-Index ermittelter Cut-Off der D-Dimere bzgl. des Ereignisses Lungenarterienembolie in der Gruppe CoViD-negativ konnte für 1094 µg/l mit einer Sensitivität von 90,2 % und einer Spezifität von 36,7 % ermittelt werden. Das ideale Verhältnis zwischen Sensitivität und Spezifität lag bei 3693,50 µg/l (Sensitivität 61 %, Spezifität 74,9 %). Der ermittelte Grenzwert in der Gruppe CoViD-positiv liegt bei 3572 µg/l mit einer Sensitivität von 100 % und einer Spezifität von 82,6 %. Das gemäß dem Youden-Index ideale Verhältnis zwischen Sensitivität und Spezifität liegt für diese Gruppe bei einem D-Dimer-Wert von 16691 µg/l (Sensitivität 80,6 %, Spezifität 95,6 %).

3.5.2 Differenzierte Analyse des Parameters "Lactatdehydrogenase (LDH)"



Gruppenzugehörigkeit Lungenarterienembolie

Abbildung 19: Differenzierte Betrachtung der LDH mittels Boxplot entsprechend der 4 Untergruppen CoViD-neg/LAE-neg, CoViD-pos/LEA-neg, COVID-neg/LAE-pos und CoVID-pos/LAE-pos



Abbildung 20: Differenzierte Betrachtung der LDH mittels Boxplot

Der Parameter LDH bietet sowohl in der Range zwischen Minimum und Maximum als auch im Vergleich der Mediane zwischen den einzelnen Gruppen keine signifikanten Unterschiede.



Diagonale Segmente ergeben sich aus Bindungen.

Abbildung 21: ROC-Kurve des Parameters "LDH" zur Differenzierung des Endpunkts CoViD-Positiv

Tabelle 45: ROC-Kurve - Variablen des	Testergebnisses für den Parameter "LDH"
---------------------------------------	---

Gruppenzugehörigkeit CoViD	Fläche	Standard- fehler	Asymptotische Signifikanz	Asymptomati Konfidenz Untergrenze	sches 95 % intervall Obergrenze
CoViD Positiv	0,590	0,031	0,003	0,529	0,651

3.5.3 Differenzierte Analyse des Parameters "Lymphozytenzahl absolut"



Gruppenzugehörigkeit Lungenarterienembolie

Abbildung 22: Differenzierte Betrachtung des Parameters "Lymphozytenzahl absolut" mittels Boxplot entsprechend der 4 Untergruppen CoViD-neg/LAE-neg, CoViD-pos/LEA-neg, COVID-neg/LAE-pos und CoVID-pos/LAE-pos







Diagonale Segmente ergeben sich aus Bindungen.

Abbildung 24: ROC-Kurve des Parameters "Lymphozytenzahl absolut" zur Differenzierung des Endpunkts CoViD-Positiv

Tabelle 46: ROC-Kurve – Variablen des Testergebnisses für den Parameter "Lymphozyten absolut"

Gruppenzugehörigkeit CoViD	Fläche	Standard- fehler	Asymptotische Signifikanz	Asymptomati Konfidenz Untergrenze	sches 95 % intervall Obergrenze
CoViD Positiv	0,555	0,030	0,064	0,496	0,615

Während in der deskriptiven Statistik bzw. in den Chi-Quadrat-Tests eine Lymphozytenzahl kleiner 1,0 signifikant für die Diagnose CoViD-positiv ist, lässt sich dies anhand ihrer Verteilung mit Hilfe der Boxplots nicht mehr feststellen. Beide Parameter zeigen sich in der ROC-Analyse signifikant für den Endpunkt "CoViD-Positiv", bei einer Area under the curve (AUC) von 0,590 (LDH) bzw. 0,555 (Lymphozyten absolut) jedoch mit geringer Sensitivität und Spezifität.

3.6 Klinische Ergebnisse: Einfluss der laborchemischen Surrogatparameter auf das Gesamtüberleben

Um die Aussagekraft und klinische Relevanz der im vorherigen Schritt gewählten laborchemischen Parameter abschätzen zu können, wurden mit Logrank-Tests das Gesamtüberleben der verschiedenen Patientengruppen miteinander verglichen.

3.6.1 Klinische Ergebnisse: Einfluss der Infektion mit SARS-CoV-2 auf das Gesamtüberleben

Tabelle 47: Zusammenfassung der Fallverarbeitung zum Vergleich des kumulativen Überlebens (CoViD-Positiv/Negativ)

		Anzahl von	Zensiert	
Gruppenzugehörigkeit CoViD	Gesamtzahl	Ereignisse	Ν	Prozent
CoViD Negativ	1232	124	1108	89,9 %
CoViD Positiv	102	18	84	82,4 %
Gesamt	1334	142	1192	89,4 %

Tabelle 48: Mittelwerte für die Überlebenszeit beim Vergleich des kumulativen Überlebens (CoViD-Positiv/Negativ)

			95 % - Konfidenzintervall	
Gruppenzugehörigkeit CoViD	Schätzer	Standardfehler	Untergrenze	Obergrenze
CoViD Negativ	85,871	5,027	76,018	95,723
CoViD Positiv	37,688	2,199	33,378	41,997
Gesamt	85,056	4,751	75,745	94,367

Tabelle 49: Gesamtvergleich

	Chi-Quadrat	df	Sig.
Log Rank (Mantel-Cox)	1,426	1	0,232



Abbildung 25: Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens (CoViD-Positiv/Negativ)

Beim Gesamtüberleben ergab sich im Logrank-Test hinsichtlich des Parameters "CoViD" kein signifikanter Unterschied zwischen den beiden Gruppen (p = 0,232).

3.6.2 Klinische Ergebnisse: Einfluss der D-Dimere auf das Gesamtüberleben

Tabelle 50: Zusammenfassung der Fallverarbeitung zum Vergleich des Gesamtüberlebens hinsichtlich des D-Dimer-Schwellenwerts von 2000 μ g/l

Gruppenzugehörigkeit			Anzahl von	Zen	siert
D-Dimere	CoViD	Gesamtzahl	Ereignissen	N	Prozent
D Dimoro	CoViD Negativ	698	42	656	94,0 %
	CoViD Positiv	62	8	54	87,1 %
≤ 2000 µg/i	Gesamt	760	50	710	93,4 %
D Dimoro	CoViD Negativ	458	76	382	83,4 %
	CoViD Positiv	35	10	25	71,4 %
> 2000 µg/i	Gesamt	493	86	407	82,6 %
Toot night	CoViD Negativ	76	6	70	92,1 %
durchaoführt	CoViD Positiv	5	0	5	100,0 %
durchgerunnt	Gesamt	81	6	75	92,6 %
Gesamt	Gesamt	1334	142	1192	98,4 %

Tabelle 51: Gesamtvergleiche hinsichtlich des D-Dimer-Schwellenwerts von 2000 μ g/l

		Chi-Quadrat	df	Sig.
D-Dimere ≤ 2000 µg/l	Log Rank (Mantel-Cox)	1,689	1	0,194
D-Dimere > 2000 µg/l	Log Rank (Mantel-Cox)	0,968	1	0,325
Test nicht durchgeführt	Log Rank (Mantel-Cox)	0,423	1	0,515



Abbildung 26: Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens bei D-Dimeren ≤ 2000 µg/l (CoViD-Positiv/Negativ)



Abbildung 27: Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens bei D-Dimeren > 2000 µg/l (CoViD-Positiv/Negativ)



Abbildung 28: Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens bei den Probanden, bei denen der D-Dimer-Wert nicht bestimmt wurde (CoViD-Positiv/Negativ)

Es gibt keine signifikanten Unterschiede hinsichtlich des kumulativen Überlebens bzw. des Verlaufs der Kaplan-Meier-Kurven (p = 0,194 bzw. 0,325 bzw. 0,515)

Zur differenzierten Betrachtung des Einflusses des D-Dimer-Schwellenwertes innerhalb der Gruppe CoViD-Positiv bzw. Negativ wird eine Analyse des kumulativen Überlebens getrennt nach diesen beiden Gruppen durchgeführt.

Tabelle 52: Zusammenfassung der Fallverarbeitung zum Vergleich des Gesamtüberlebens hinsichtlich des D-Dimer-Schwellenwerts von 2000 µg/l getrennt nach der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv/Negativ

Gruppenzugehörig-	D-Dimere		Anzahl von	Zer	nsiert
keit CoViD		Gesamtzahl	Ereignissen	Ν	Prozent
	D-Dimere ≤ 2000 µg/l	698	42	656	94,0 %
CoViD Nogotiv	D-Dimere > 2000 µg/l	458	76	382	83,4 %
COVID Negativ	Test nicht durchgeführt	76	6	70	92,1 %
	Gesamt	1232	124	1108	89,9 %
	D-Dimere ≤ 2000 µg/l	62	8	54	87,1 %
CoViD Positiv	D-Dimere > 2000 µg/l	35	10	25	71,4 %
COVID FOSILIV	Test nicht durchgeführt	5	0	5	100 %
	Gesamt	102	18	84	82,4 %
Gesamt	Gesamt	1334	142	1192	89,4 %

Tabelle 53: Gesamtvergleiche hinsichtlich des D-Dimer-Schwellenwerts von 2000 µg/l getrennt nach der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv/Negativ

		Chi-Quadrat	df	Sig.
CoViD Negativ	Log Rank (Mantel-Cox)	23,660	2	< 0,001
CoViD Positiv	Log Rank (Mantel-Cox)	3,932	2	0,14



Abbildung 29: Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens in Bezug auf den D-Dimer-Wert und der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Negativ



Abbildung 30: Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens in Bezug auf den D-Dimer-Wert und der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv

Hierbei zeigte sich in der Gruppe der CoViD-Negativen Probanden ein signifikanter Unterschied im Gesamtüberleben abhängig von einem D-Dimer-Level > 2000 μ g/l bei Aufnahme (p < 0,001). Dieser Effekt war in der Gruppe der CoViD-positiven Probanden ebenfalls zu finden, jedoch nicht signifikant (p = 0,140).

3.6.3 Klinische Ergebnisse: Einfluss der Lactatdehydrogenase auf das Gesamtüberleben

Als nächstes wurde der Schwellenwert des Laborparameters "Lactatdehydrogenase" (LDH) mit 400 U/I einer Analyse unterzogen.

Tabelle 54: Zusammenfassung der Fallverarbeitung zum Vergleich des Gesamtüberlebens hinsichtlich des Schwellenwertes 400 U/I für den Parameter "Lactatdehydrogenase"

	Gruppenzugehörigkeit		Anzahl von	Zen	siert
LDH	CoViD	Gesamtzahl	Ereignissen	Ν	Prozent
	CoViD Negativ	1067	93	974	91,3 %
	CoViD Positiv	80	11	69	86,3 %
≤ 400 0/I	Gesamt	1147	104	1043	90,9 %
	CoViD Negativ	123	26	97	78,9 %
	CoViD Positiv	21	6	15	71,4 %
> 400 0/1	Gesamt	144	32	223	77,8 %
Toot pight	CoViD Negativ	42	5	37	88,1 %
durchaoführt	CoViD Positiv	1	1	0	0,0 %
uurungerunn	Gesamt	43	6	37	86,0 %
Gesamt	Gesamt	1334	142	1192	89,4 %

Tabelle 55: Gesamtvergleiche des Gesamtüberlebens hinsichtlich des Schwellenwertes 400 U/I für den Parameter "Lactatdehydrogenase"

		Chi-Quadrat	df	Sig.
LDH ≤ 400 µg/l	Log Rank (Mantel-Cox)	0,270	1	0,603
LDH > 400 µg/l	Log Rank (Mantel-Cox)	0,398	1	0,528
Test nicht durchgeführt	Log Rank (Mantel-Cox)	0,648	1	0,421



Abbildung 31: Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens bei einem Wert ≤ 400 µg/l für den Parameter "Lactatdehydrogenase" (CoViD-Positiv/Negativ)



Abbildung 32: Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens bei einem Wert > 400 µg/l für den Parameter "Lactatdehydrogenase" (CoViD-Positiv/Negativ)



Abbildung 33: Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens bei den Probanden, bei denen der Wert für den Parameter "Lactatdehydrogenase" nicht bestimmt wurde (CoViD-Positiv/Negativ)

Hinsichtlich des Gesamtüberlebens gibt es innerhalb der Gruppenzugehörigkeit keinen signifikanten Unterschied bezüglich des Gesamtüberlebens. P war mit 0,603, 0,528 bzw. 0,421 für die Gruppen "LDH \leq 400 U/I", "LDH > 400 U/I" und "LDH nicht bestimmt" nicht signifikant.

Gruppenzugehörig-	LDH		Anzahl von	Zensiert	
keit CoViD		Gesamtzahl	Ereignissen	Ν	Prozent
CoViD Negativ	LDH ≤ 400 µg/l	1067	93	974	91,3 %
	LDH > 400 µg/l	123	26	97	78,9 %
	Test nicht durchgeführt	42	5	37	88,1 %
	Gesamt	1232	124	1108	89,9 %
CoViD Positiv	LDH ≤ 400 µg/l	80	11	69	86,3 %
	LDH > 400 µg/l	21	6	15	71,4 %
	Test nicht durchgeführt	1	1	0	0,0 %
	Gesamt	102	18	84	82,4 %
Gesamt	Gesamt	1334	142	1192	89,4 %

Tabelle 56: Zusammenfassung der Fallverarbeitung zum Vergleich des Gesamtüberlebens hinsichtlich des Schwellenwerts von 400 U/I für den Parameter "Lactatdehydrogenase" getrennt nach der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv/Negativ

Tabelle 57: Gesamtvergleiche hinsichtlich des Schwellenwerts von 400 U/I für den Parameter "Lactatdehydrogenase" getrennt nach der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv/Negativ

		Chi-Quadrat	df	Sig.
CoViD Negativ	Log Rank (Mantel-Cox)	16,596	2	< 0,001
CoViD Positiv	Log Rank (Mantel-Cox)	5,605	2	0,061



Abbildung 34: Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens in Bezug auf den Wert für den Parameter "Lactatdehydrogenase" und der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Negativ



Abbildung 35: Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens in Bezug auf den Wert für den Parameter "Lactatdehydrogenase" und der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv

Bei der Analyse des kumulativen Überlebens differenziert nach der Gruppenzugehörigkeit "CoViD" zeigt sich, dass der Schwellenwert von 400 U/I des

Parameters "Lactatdehydrogenase" einen signifikant negativen Einfluss auf den Verlauf hat. In der Gruppe der CoViD-Negativen mit einem p < 0,001 signifikanter als in der Gruppe der CoViD-Positiven (p = 0,061)

3.6.4 Klinische Ergebnisse: Einfluss der absoluten Lymphozytenzahlen auf das Gesamtüberleben

Wie bei den beiden Parametern zuvor, wird nun für den Parameter "Lymphozytenzahl absolut" mittels Logrank Test der Verlauf der Überlebenskurven analysiert, im ersten Schritt aus der Perspektive des Parameters "Lymphozytenzahl absolut" und im zweiten Schritt aus der Perspektive der Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Positiv/Negativ" bezogen auf den Parameter "Lymphozytenzahl absolut".

Tabelle 58: Zusammenfassung der Fallverarbeitung zum Vergleich des Gesamtüberlebens hinsichtlich des Schwellenwertes 1,0 /nl für den Parameter "Lymphozytenzahlen absolut"

Lymphozytenzahl	ytenzahl Gruppenzugehörigkeit		Anzahl von	Zensiert	
absolut	CoViD	Gesamtzahl	Ereignissen	N	Prozent
	CoViD Negativ	464	72	392	84,5 %
$absolut \leq 1.0 / pl$	CoViD Positiv	51	15	36	70,6 %
absolut $\leq 1,0$ /m	Gesamt	515	87	428	83,1 %
Lymphozytenzahl absolut > 1,0 /nl	CoViD Negativ	711	43	668	94,0 %
	CoViD Positiv	50	3	47	94,0 %
	Gesamt	761	46	715	94,0 %
Test nicht durchgeführt	CoViD Negativ	57	9	48	84,2 %
	CoViD Positiv	1	0	1	100,0 %
	Gesamt	58	9	49	84,5 %
Gesamt	Gesamt	1334	142	1192	89,4 %

Tabelle 59: Gesamtvergleiche des Gesamtüberlebens hinsichtlich des Schwellenwertes 1,0 /nl für den Parameter "Lymphozytenzahlen absolut"

		Chi-Quadrat	df	Sig.
Lymphozytenzahl absolut ≤ 1,0 /nl	Log Rank (Mantel-Cox)	2,247	1	0,134
Lymphozytenzahl absolut > 1,0 /nl	Log Rank (Mantel-Cox)	0,139	1	0,709
Test nicht durchgeführt	Log Rank (Mantel-Cox)	0,318	1	0,573







Abbildung 36: Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens bei einem Wert ≤ 1,0 /nl für den Parameter "Lymphozytenzahl absolut" (CoViD-Positiv/Negativ)



Abbildung 37: Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens bei der Wert für den Parameter "Lymphozytenzahl absolut" (CoViD-Positiv/Negativ)

Überlebensfunktionen



Abbildung 38: Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens bei den Probanden, bei denen der Wert für den Parameter "Lactatdehydrogenase" nicht bestimmt wurde (CoViD-Positiv/Negativ)

Bei einer Lymphozytenzahl \leq 1,0 /nl gibt es mit einem p = 0,134 eine Tendenz zu einem signifikanten Unterschied bzgl. einer Infektion mit SARS-CoV-2. In den beiden anderen Gruppen sind die Unterschiede mit p = 0,709 bzw. 0,573 nicht signifikant.

Tabelle 60: Zusammenfassung der Fallverarbeitung zum Vergleich des Gesamtüberlebens hinsichtlich des Schwellenwerts von 1,0 /nl für den Parameter "Lymphozytenzahlen absolut" getrennt nach der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv/Negativ

Gruppenzugehörig-	Lymphozytenzahl		Anzahl von	Zensiert	
keit CoViD	absolut	Gesamtzahl	Ereignissen	Ν	Prozent
	Lymph abs ≤ 1,0 /nl	464	72	392	84,5 %
	Lymph abs > 1,0 /nl	711	43	668	94,0 %
COVID Negativ	Test nicht durchgeführt	57	9	48	84,2 %
	Gesamt	1232	124	1108	89,9 %
CoViD Positiv	Lymph abs ≤ 1,0 /nl	51	15	36	70,6 %
	Lymph abs > 1,0 /nl	50	3	47	94,0 %
	Test nicht durchgeführt	1	0	1	100,0 %
	Gesamt	102	18	84	82,4 %
Gesamt	Gesamt	1334	142	1192	89,4 %

Tabelle 61: Gesamtvergleich hinsichtlich des Schwellenwerts von 1,0 /nl für den Parameter "Lymphozytenzahlen absolut" getrennt nach der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv/Negativ

		Chi-Quadrat	df	Sig.
CoViD Negativ	Log Rank (Mantel-Cox)	22,452	2	< 0,001
CoViD Positiv	Log Rank (Mantel-Cox)	6,974	2	0,031


Abbildung 39: Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens in Bezug auf den Wert für den Parameter "Lymphozytenzahl absolut" und der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Negativ



Abbildung 40: Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens in Bezug auf den Wert für den Parameter "Lymphozytenzahl absolut" und der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv

Bei der differenzierten Betrachtung nach der Gruppenzugehörigkeit "CoViD" stellt sich heraus, dass eine Lymphozytenzahl ≤ 1,0 /nl mit einem signifikant schlechteren

Krankheitsverlauf einhergeht, unabhängig von der Gruppenzugehörigkeit "CoViD" (p < 0,001 bzw. 0,031).

3.7 Klinische Ergebnisse: Einfluss der Diagnose einer Lungenarterienembolie auf das Gesamtüberleben

In einem abschließenden Schritt wurde der Einfluss einer Lungenembolie auf das Gesamtüberleben abhängig von der Gruppenzugehörigkeit "CoViD" untersucht.

Tabelle 62: Zusammenfassung der Fallverarbeitung zum Vergleich des Gesamtüberlebens hinsichtlich der Diagnose "Lungenarterienembolie"

Gruppenzugehörigkeit Gruppenzugehör			Anzahl von	Zei	nsiert
"Lungenarterienembolie"	CoViD	Gesamtzahl	Ereignissen	N	Prozent
Kaina	CoViD Negativ	1190	121	1069	89,8 %
Lungonartarianombolia	CoViD Positiv	97	17	80	82,5 %
Lungenanenenenbolle	Gesamt	1287	138	1149	89,3 %
Lungonartarianomhalia	CoViD Negativ	42	3	39	92,9 %
Lungenantenenembolie	CoViD Positiv	5	1	4	80,0 %
nachgewiesen	Gesamt	47	4	43	91,5 %
Gesamt	Gesamt	1334	142	1192	89,4 %

Tabelle 63: Gesamtvergleich des Gesamtüberlebens hinsichtlich der Diagnose "Lungenarterienembolie"

		Chi-Quadrat	df	Sig.
Lymphozytenzahl absolut ≤ 1,0 /nl	Log Rank (Mantel-Cox)	1,400	1	0,237
Lymphozytenzahl absolut > 1,0 /nl	Log Rank (Mantel-Cox)	0,688	1	0,407

Überlebensfunktionen





Abbildung 41: Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens hinsichtlich der Diagnose "Keine Lungenarterienembolie nachgewiesen" (CoViD-Positiv/Negativ)



Abbildung 42: Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens hinsichtlich der Diagnose "Lungenarterienembolie nachgewiesen" (CoViD-Positiv/Negativ)

Der Logrank-Test zeigt hinsichtlich des Vergleichs des kumulativen Überlebens innerhalb der Gruppenzugehörigkeit "CoViD" keinen signifikanten Unterschied

bezüglich der Variablen "Lungenarterienembolie nachgewiesen/nicht nachgewiesen" (p = 0,237 bzw. 0,407).

Tabelle 64: Zusammenfassung der Fallverarbeitung zum Vergleich des Gesamtüberlebens hinsichtlich des Parameters "Lungenarterienembolie nachgewiesen/nicht nachgewiesen" getrennt nach der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv/Negativ

Gruppenzugehörig-	Lungenarterien-		Anzahl von	Zensiert	
keit CoViD	eit CoViD embolie		Ereignissen	Ν	Prozent
	Keine LAE nachgewiesen	1190	121	1069	89,8 %
CoViD Negativ	LAE nachgewiesen	42	3	39	92,9 %
	Gesamt	1232	124	1108	89,9 %
	Keine LAE nachgewiesen	97	17	80	82,5 %
CoViD Positiv	LAE nachgewiesen	5	1	4	80,0 %
	Gesamt	102	18	84	82,4 %
Gesamt Gesamt		1334	142	1192	89,4 %

Tabelle 65: Gesamtvergleich hinsichtlich des Parameters "Lungenarterienembolie nachgewiesen/nicht nachgewiesen" getrennt nach der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv/Negativ

		Chi-Quadrat	df	Sig.
CoViD Negativ	Log Rank (Mantel-Cox)	0,105	1	0,746
CoViD Positiv	Log Rank (Mantel-Cox)	0,017	1	0,896



Abbildung 43: Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens in Bezug auf den Parameter "Lungenarterienembolie nachgewiesen/nicht nachgewiesen" und der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Negativ



Abbildung 44: Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens in Bezug auf den Parameter "Lungenarterienembolie nachgewiesen/nicht nachgewiesen" und der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv

Auch aus dieser Perspektive ergibt sich nach Anwenden des Logrank-Tests kein signifikanter Unterschied im kumulativen Überleben hinsichtlich des Parameters "CoViD" (p = 0,746 bzw. 0,896).

4. Diskussion

Nachdem die Infektionskrankheit verursacht durch das Virus SARS-CoV-2, erstmals im November 2019 in der Stadt Wuhan in China auftrat, stiegen die Fallzahlen deutlich innerhalb der nächsten Monate an. Im Frühjahr 2020 konnten die ersten Fälle in der Europäischen Union (EU) und der Bundesrepublik Deutschland (BRD)beobachtet werden. Im weiteren Verlauf entwickelte sich eine globale Pandemie (30), die bei Erstellung der vorliegenden Arbeit weiterhin andauert. Innerhalb Europas war im Frühjahr und Frühsommer 2020 insbesondere Norditalien betroffen. (74)

Nachdem in Deutschland der erste Nachweis einer Infektion mit SARS-CoV-2 Ende Januar erfasst worden war (75), wurde auch hierzulande mit Vorbereitungen begonnen, um dem neuen Virus zu begegnen (76). Bereits Mitte Februar wurde im Klinikum Ingolstadt zur Behandlung der neuartigen Erkrankung CoViD-19 ein Krisenstab eingerichtet, um Maßnahmen im Rahmen der Pandemie zu definieren.

Ein standardisiertes diagnostisches Vorgehen, um potentiell an CoViD-19 erkrankte Patient*innen möglichst rasch zu identifizieren und in separaten Bereichen des Krankenhauses zu behandeln, wurde festgelegt. Alle Patient*innen wurden bei Eintreffen in der Notfallklinik hinsichtlich möglicher Symptome einer Erkrankung an CoViD-19 stratifiziert / differenziert. Die Angaben wurden in einem speziellen CoViD-Triage-Protokoll dokumentiert (siehe Kapitel 3.3.2).

Ab dem 23.03.2020 wurde im Institut für Laboratoriumsmedizin des Klinikum Ingolstadt die hausinterne SARS-CoV-2-Diagnostik etabliert. Ab diesem Zeitpunkt wurde jeder Patient / Patientin, die/ der stationär ins Klinikum Ingolstadt aufgenommen wurde, auf SARS-CoV-2 mittels eines Nasenrachenabstrich untersucht. Die maximale Anzahl von Untersuchungen pro Tag lag initial bei maximal 160, die Latenz bis zum Ergebnis der Untersuchung variierte zwischen 6 und 24 Stunden, abhängig vom Probenaufkommen.

In den ersten Studien, die Anfang 2020 publiziert wurden (27,39,77), kristallisierten sich diverse klinische und laborchemische Parameter heraus, die im Rahmen einer Erkrankung an CoViD-19 signifikant im Vergleich zu den übrigen Patientengruppen

erhöht bzw. erniedrigt waren. Innerhalb des Krisenstabs am Klinikum Ingolstadt wurden folgende Parameter für die Risikostratifizierung definiert:

- 1) LHD > 400 U/I (77,78)
- 2) Absolute Lymphozytenzahl < 1,0 /nl (39,79)
- 3) D-Dimere > 2000 μg/l (41,42,44,48,49,80)
- 4) Körpertemperatur > 37,5 °C (38)
- 5) Vorhandensein von Husten (38)
- 6) Subjektive Dyspnoe (38,81)
- 7) Störungen des Geruchs- oder Geschmackssinns (39)

Die hieraus resultierende Diskussion bzgl. der D-Dimere bildet den Ausgangspunkt für die vorliegende Arbeit. Entsprechend den aktuell gültigen Leitlinien der Deutschen Gesellschaft für Angiologie zur Diagnostik und Therapie der Venenthrombose und der Lungenembolie von 2015 (82) sind die D-Dimere ein relevanter Paramater um das weitere Vorgehen bei Verdacht auf eine Lungenarterienembolie zu bestimmen. Für Patienten, deren Risiko an einer Lungenarterienembolie erkrankt zu sein, als niedrig bis mittel z.B. mittels des Wells-Scores (83) eingeschätzt wurde, gelten D-Dimere unterhalb des Normwerts (< 500 μ g/l) als Hinweis, dass das Vorliegen einer Lungenarterienembolie unwahrscheinlich macht. Eine weitere Bildgebung wäre dementsprechend auf Basis dieses Werts nicht erforderlich (84).

Wie ist aber speziell dieser Laborparameter in Zusammenhang mit einer CoViD-19-Infektion zu bewerten? Wenn, wie in den Beschreibungen von Huang *et al.* (77) oder Cascella *et al.* (85), die D-Dimer-Werte bei Patienten, die an CoViD-19 leiden, durch die mit der Krankheit einhergehende Aktivierung der Gerinnungskaskade pathologisch erhöht sind, dann würde ein Nichtberücksichtigen dieses Sachverhalts zahlreiche Diagnostik zum Ausschluss einer Lungenarterienembolie nach sich ziehen. Zumal der klinische Aspekt einer CoViD-19-Pneumonie eine Lungenarterienembolie als Differentialdiagnose zumindest als wahrscheinlich erschienen lässt.

Im Zuge der Entwicklung des standardisierten Vorgehens bei V.a. CoViD-19 wurde im Klinikum Ingolstadt ein Schwellenwert für die D-Dimere von 2000 µg/l zum Ausschluss einer Lungenarterienembolie gewählt. Entsprechend den Leitlinien zur Diagnose und Therapie einer Lungenarterienembolie (82) ist als eine adäquate Diagnostik entweder eine Pulmonalisangiographie mittels Kontrastmittel-CT (82) oder eine kombinierte Ventilations-/Perfusionsszintigraphie der Lunge (82) zu werten. Durch Anheben des Schwellenwerts um den Faktor 4 wird den im Abschnitt zuvor beschriebenen Erhöhungen der D-Dimere durch eine Infektion mit SARS-CoV-2 Rechnung getragen. Aus Gründen der Strahlenhygiene und nicht zuletzt der Patientensicherheit erscheint dieses Vorgehen mehr als vertretbar. Sowohl die Strahlenbelastung als auch die Exposition gegenüber Kontrastmittel bedarf einer sicheren Indikationsstellung (86). Jede Anwendung von Strahlung, die über das notwendige Maß hinausgeht, stellt eine Körperverletzung dar. Dies hat der BGH am 03.12.1997 in einem Grundsatzurteil festgestellt (67). Der gleiche Sachverhalt gilt für die Anwendung von Kontrastmittel im CT. Da jede Anwendung potentielle Nebenwirkungen nach sich ziehen könnte, ist der Arzt dazu verpflichtet, den Einsatz dieser Methode auf ein medizinisch begründetes Mindestmaß zu reduzieren. In unserer Überlegung würde ein D-Dimer-Wert unter 2000 µg/l als alternative radiologische Bildgebung ein low dose CT des Thorax nach sich ziehen. Dabei wird kein Kontrastmittel verwendet, die Exposition gegenüber ionisierenden Strahlungen ist deutlich geringer (87).

Das Berücksichtigen dieses Schwellenwertes der D-Dimere setzt voraus, dass dem Kliniker der Infektionsstatus des Patienten bei der Entscheidung, wie er aktuelle Laborparameter interpretiert und welche Folgerungen er dadurch für die zu wählende Untersuchung ableitet, bereits bekannt ist. Es gibt bis heute kein valides und zugelassenes Verfahren um eine Infektion mit SARS-CoV-2 als point–of-care-Diagnostik zum Beispiel in einer Notaufnahme nachzuweisen (65).

Die ersten Fälle von CoViD-19-Erkrankten sahen wir im Klinikum Ingolstadt ab Mitte März 2020. Zu diesem Zeitpunkt war die Datenlage noch eingeschränkt und evidenzbasierte Diagnose- und Therapieempfehlung existierten nicht. Die Zuordnung eines Patienten als Verdachtsfall für eine Erkrankung an CoViD-19 basierte letztendlich auf einer klinischen Einschätzung. Ziel dieser Arbeit war somit nicht zuletzt mit Hilfe der oben aufgeführten klinischen und laborchemischen Surrogatparameter eine Grundlage für eine evidenzbasierte Entscheidung bzgl. des Infektionsstatus und der sich daraus ergebenden diagnostischen und therapeutischen Konsequenzen bereits bei Erstkontakt mit dem Patienten innerhalb der Notaufnahme zu bieten.

78

4.1 Differenzierung bzgl. einer Infektion mit SARS-CoV2- bzw. dem Vorhandensein einer Lungenarterienembolie mit Hilfe klinischer und laborchemischer Parameter

Zunächst musste die Frage beantwortet werden, ob man in klinischen oder laborchemischen Parameter signifikante Kriterien bezüglich der Endpunkte "Infektion mit SAR-CoV-2" beziehungsweise "Vorhandensein einer Lungenarterienembolie nachweisen kann und ob eine Differenzierung zwischen beiden Endpunkten möglich ist.

In den Studien, die zum Zeitpunkt der Planung der Arbeit vorlagen, waren die Beobachtungen an relativ niedrigen Fallzahlen mit n = 41 (77) bis n = 138 (39) publiziert. Huang et al. (77), deren Arbeit über den Ausbruch von CoViD-19 in Wuhan am 15. Februar 2020 im Lancet publiziert worden war, beschreiben die klinischen Symptome von 41 Patienten, die positiv auf SARS-CoV-2 getestet wurden. Als Hauptsymptome wurden dabei Fieber mit 40 von 41 Patienten (98 %), Husten mit 31 von 41 (76 %) und Myalgien mit 18 von 41 Patienten (44 %) beschrieben. Dyspnoe trat bei 22 Patienten (55 %) auf. 63 % aller Patienten litten an einer Lymphozytopenie, zudem zeigten alle 41 Patienten auffällig pathologische Befunde in den durchgeführten computertomographischen Untersuchungen des Thorax. In dieser Studie wurden auch die Laborparameter nach Schweregrad der Erkrankung untersucht. Unter anderem zeigten die Lactatdehydrogenase, die D-Dimere sowie die Lymphozyten signifikante Abweichungen bei Aufnahme auf eine Intensivstation. Der Median der Lactatdehydrogenase lag bei 400,0 U/I (gegenüber 286,0 U/I beim Gesamtkollektiv, p = 0,0011), der Median der D-Dimere bei 2400 μ g/l (gegenüber 500 μ g/l, p = 0,0042). Die absolute Lymphozytenzahl war mit 0,4 /nl deutlich erniedrigt im Vergleich zu 0,8 /nl im Gesamtkollektiv (p = 0.0041).

Eine kurz darauf im Journal of the American Medical Association (JAMA) erschienene Arbeit von Wang *et al.* (39) zeigte ähnliche Auffälligkeiten bei 138 positiv auf SARS-CoV-2 getesteten Patienten. Auch in dieser Gruppe waren die Hauptsymptome Fieber (98,6 %), Husten (59,4 %), Myalgien (34,8 %) sowie Dyspnoe (31,2 %). Auch hier waren unter anderem im Durchschnitt erniedrigte Lymphozyten, erhöhte D-Dimere und erhöhte LDH bei Patienten mit CoViD-19 nachweisbar. Das Maß der Abweichung von der Norm stellte gleichzeitig einen wichtigen prognostischen Faktor dar. Je weiter einer der drei Paramater von der Norm abwich, desto schwerwiegender war der Krankheitsverlauf. In Ergänzung zu den bisher berichteten Krankheitscharakteristika hat die Arbeitsgruppe von Andrea Giacomelli *et al.* (88) Ende März eine Untersuchung der Universität Mailand im der Fachzeitschrift "Clinical Infectious Diseases" publiziert. Thema waren die bereits aus dem ersten SARS-Ausbruch bekannten Geruch- und Geschmacksstörungen, die oft vor dem eigentlichen Ausbruch der Krankheit auftreten können und somit möglicherweise ein Frühsymptom darstellen. In dieser Studiengruppe litten 20 von 59 Patienten (34 %) an jeglicher Form der Geruchs- oder Geschmacksstörung.

Diese Arbeiten stellten die Grundlage für unser Vorgehen dar. In den Arbeitsgruppen, die sich zuvor mit den klinischen und laborchemischen Besonderheiten der an CoViD-19 erkrankten Patienten beschäftigt hatten, wurde lediglich die Gruppe der CoViDpositiven betrachtet. (39,77). Wenn bestimmte Symptome und bestimmte Abweichungen von laborchemischen Parametern typisch für Patienten mit CoViD-19 sind, prüften wir, ob mit Hilfe dieser Parameter bei Patienten eine Erkrankung an CoViD-19 sicher festgestellt werden kann.

In der vorliegenden Arbeit wurden insgesamt 1334 Patienten eingeschlossen. Die Einschlusskriterien wurden so gewählt, dass alle im Studienzeitraum stationär aufgenommenen Patienten, die folgenden Kriterien entsprachen, in die Untersuchung einbezogen werden konnten: Entweder wurden sie unter den Leitsymptomen "Dyspnoe" oder "Infekt der oberen Atemwege" vorstellig. Oder sie waren aufgrund der Begleitumstände nicht hinreichend zu anamnestizieren, um einen Verdacht auf eine CoViD-19-Erkrankung auszuschließen. 102 der 1334 Patienten wurden positiv auf SARS-CoV-2 getestet. In einem ersten Schritt wurde die Gruppe der CoViD-positiven mit den CoViD-negativen Patienten verglichen. Es zeigten sich wie in den oben beschriebenen Studien signifikante Unterschiede bei den Parametern "Husten" (12,7 % vs. 29,4 %, p < 0,001), Dyspnoe (22,6 % vs. 38,2 %, p < 0,001), Temperatur > 37.5 °C (19,7 % vs. 43,1 %, p < 0,001), Lymphozyten < 1,0 /nl (37,7 % vs. 50,0 %, p < 0,020) sowie LDH > 400 U/I (10,0 % vs. 20,6 %, p 0 0,002). Die in der Mailänder Gruppe beschriebene Störung des Geruchs- oder Geschmackssinns fand sich bei lediglich 5,9 % der positiv auf SARS-CoV-2 getesteten Personen (im Vergleich zu 1,87 % in der CoViD-negativen Gruppe). Zwischen den Gruppen war das Merkmal zwar signifikant differenziert ausgeprägt (p = 0,008), aber insgesamt in einem deutlich geringeren Ausmaß als Giacomelli *et al. (88)* das beschrieben hat. Auch beim Vergleich hinsichtlich des Merkmals "Nachweis einer Lungenarterienembolie" ergaben sich signifikante Unterschiede für die Merkmale "Dyspnoe" (23,2 % vs. 40,4 %, p < 0,007) und "D-Dimere > 2000 μ g/l" (35,7 % vs. 70,2 %, p < 0,001). Allerdings ergab sich bei einer weiteren Aufgliederung der Gruppen hinsichtlich der Ausprägung beider Merkmale kein signifikanter Unterschied mehr. Ein signifikanter qualitativer Einfluss der Infektion mit SARS-CoV-2 auf das Auftreten bestimmter klinischer oder laborchemischer Parameter ergab sich dabei nicht. Dafür kann aber auch die vergleichsweise niedrige Fallzahl an CoViD-positiven Patienten, bei denen eine Lungenarterienembolie nachgewiesen werden konnte, verantwortlich sein (n = 5).

Beim Vergleich der Mediane der einzelnen Subgruppen ergab sich im Gesamtkollektiv ein Wert von 1447 µg/l für die D-Dimere. Auffallend war der deutliche Anstieg der Mediane bei Nachweis einer Lungenembolie auf 4926 µg/l für Patienten, bei denen eine Lungenarterienembolie nachgewiesen werden konnte, die aber negativ auf SARS-CoV-2 getestet waren. Bei den Patienten, bei denen zudem noch ein Nachweis einer Infektion mit SARS-CoV-2 vorlag, lag der Median bei 20487 µg/l. In einer Darstellung mittels Boxplots gelang es, diesen Unterschied graphisch deutlich Mit Hilfe ROC-Kurve ließ darzustellen. einer sich getrennt für die Gruppenzugehörigkeit "CoViD" ein Schwellenwert für das Ereignis "Lungenembolie" ermitteln. In der Gruppe "CoViD-Negativ" lag der Wert bei 3693,50 µg/l (Sensitivität 61 %, Spezifität 74,9 %), in der Gruppe "CoViD-Positiv" lag der Schwellenwert bei 16691 µg/l (Sensitivität 80,6 %, Spezifität 95,6 %).

Für die anderen beiden untersuchten kategorialen Parameter "LDH > 400 U/I" bzw. "absolute Lymphozytenzahl < 1,0 /nl" ergab sich zwar eine Signifikanz bzgl. des Endpunkts "CoViD-Positiv". Der Verlauf der ROC-Kurve bzw. die dadurch zustande gekommene AUC liefert leider keine für eine Entscheidung im klinischen Prozess aussagekräftige Sensitivität bzw. Spezifität.

Bezüglich der Fragestellung lässt sich sagen, dass sich mit Hilfe der gewählten kategorialen Parameter zwar signifikante Aussagen zu einer Erkrankung an CoViD-19 bzw. zum Auftreten einer Lungenarterienembolie treffen lassen, die notwendige Sicherheit, einen diagnostischen Entscheidungsprozess darauf fußen zu lassen, lies

sich jedoch nicht erreichen. Es zeigte sich, dass der Nachweis einer Lungenarterienembolie bei Patienten, die positiv auf SARS-CoV-2 getestet wurden mit einem deutlich höheren D-Dimer-Wert einhergeht. Allerdings ist diese Aussage durch die vergleichsweise niedrige Fallzahl mit n = 5 von nur eingeschränkter Aussagekraft. In der Gruppe der Patienten, die negativ auf SARS-CoV-2 getestet wurden, konnten eine Vielzahl, teilweise extrem hoher D-Dimer-Werte bestimmt werden. Dies ist vor allem der sehr heterogenen Zusammenstellung des Patientenkollektivs geschuldet. Neben den Leitsymptomen "Dyspnoe" und "Infekt des oberen Respirationstrakts" wurden zudem Patienten eingeschlossen, die nicht suffizient anamnestiziert werden konnten. Das gesamte Kollektiv enthielt dadurch auch eine Anzahl traumatologischer Patienten bzw. Patienten mit malignen Grunderkrankungen, gerade auch im Bereich des Respirationstraktes. Und da zudem die Laborparameter LDH und D-Dimere vergleichsweise unspezifisch sind und gerade bei den genannten Beschwerdebildern ebenfalls teilweise deutlich erhöht sein können, sind die wenig signifikanten Unterschiede zu erklären. Allerdings lag ja genau darin der Ansatz dieser Studie. In der Anfangsphase der CoViD-19-Pandemie wurden zwei Patienten positiv auf SARS-CoV-2 getestet, die aufgrund anderer Erkrankungen das Krankenhaus aufsuchen mussten. Eine ältere Patientin war gestürzt und hatte sich den rechten Humerus gebrochen, ein anderer Patient stellt sich mit einer akuten Appendizitis vor.

4.2 Auftreten thromboembolischer Ereignisse in Zusammenhang mit einer Infektion mit SARS-CoV-2

Die zweite Fragestellung der Arbeit befasste sich damit, ob es durch eine Infektion mit SARS-CoV-2 zu einem gehäuften Auftreten von thromboembolischen Ereignissen kommt. In einer Vielzahl von Arbeiten wird von der Aktivierung der Gerinnungskaskade im Rahmen einer inflammatorischen Reaktion berichtet. Erste Hinweise gab es von Cascella *et al.* (88) und Huang *et al.* (77), die im Frühjahr 2020 von gehäuften thromboembolischen Ereignissen bei den Ausbrüchen in Norditalien bzw. in China berichteten.

Eine Arbeitsgruppe um Marco Cattaneo (89) publizierte in "Thrombosis and Haemostasis" einen Letter-to-the-editor, in dem sie zwar die Aktivierung der Gerinnung

durch eine Infektion mit SARS-CoV-2 bestätigten, jedoch auch darauf hinwiesen, dass bei ihrer Arbeit mit 64 Patienten, die an CoViD-19 erkrankt waren, keine asymptomatische tiefe Beinvenenthrombose nachgewiesen werden konnte. Hintergrund dieser Arbeit war die Frage, ob eine Infektion mit SARS-CoV-2 eine hochdosierte Therapie mit niedermolekularem Heparin zur Thromboseprophylaxe rechtfertigt.

Im Juli 2020 publizierten Ackermann *et al.* (90) im "New England Journal of Medicine" eine Arbeit, in der die Lungen von sieben im Rahmen einer CoViD-19-Pneumonie verstorbenen Patienten *post mortem* untersucht und mit den Organen von sieben Patienten verglichen wurden, die an einem durch eine Influenza verursachten acute respiratory distress syndrome (ARDS) verstorben waren. Es zeigte sich, dass eine Erkrankung an CoViD-19 in erster Linie mikroangiopathische Veränderungen nach sich zieht. Im Vergleich zur Gruppe der an Influenza erkrankten sogar um den Faktor 9 signifikant erhöht (p < 0,001).

Die vorliegende Arbeit bestätigt diese Studienergebnisse. Eine Infektion mit SARS-CoV-2 führt zu keinem signifikanten Unterschied bzgl. des Auftretens einer Lungenarterienembolie. In der Gruppe der an CoViD-19 erkrankten Patienten ließen sich n = 5 Lungenarterienembolien (von 102 Patienten, 4,9 %) nachweisen, in der Gruppe, der nicht an CoViD-19 erkrankten Patienten lag die Rate bei 3,4 % (42 von 1232). Der Chi-Quadrat-Test nach Pearson ergab mit einem p von 0,432 keinen signifikanten Unterschied.

Also musste auch die zweite Frage dieser Arbeit mit Nein beantwortet werden: im untersuchten Patientenkollektiv kam es zu keiner gesteigerten Rate an Lungenarterienembolien. In der Literatur gibt es Hinweise darauf, dass die Rate der Lungenarterienembolien bei CoViD-19-Patienten mit dem Schweregrad der Erkrankung assoziiert ist. Helms *et al.* (91) berichten von einem signifikant häufigeren Auftreten von Lungenarterienembolien bei Patienten mit einem CoViD-19-assoziierten ARDS im Vergleich zu Nicht-CoViD-19-ARDS-Patienten (11,7 % vs. 2,1 %, p< 0,008).

Aufgrund dieses Ergebnisses stellte sich die Frage, ob die gewählten Parameter in anderer Weise Einfluss auf den Krankheitsverlauf hatten. Dazu wurden univariate

83

Überlebensanalysen durchgeführt. Es konnte gezeigt, dass sich aufgrund einer Infektion mit SARS-CoV-2 in unserem Kollektiv kein negativer Einfluss auf das Gesamtüberleben ergab (p = 0,232 im Logrank-Test). Ein D-Dimer-Wert größer 2000 ging mit einer signifikant schlechteren kumulativen Überlebenskurve einher, in der Gruppe der nicht an CoViD-19 Erkrankten sogar signifikant (p < 0,001 im Logrank-Test) im Vergleich zur Gruppe der an CoViD-19 Erkrankten (p = 0,14 im Logrank-Test). Auch die beiden anderen kategorialen Laborparameter "LDH > 400 U/I" sowie "absolute Lymphozytenzahl < 1,0 /nl" zeigten den gleichen Einfluss in der Gruppe der Patienten, bei denen SARS-CoV-2 nachgewiesen werden konnte, wie in der Gruppe in der SARS-CoV-2 nicht nachgewiesen werden konnte. Ein Überschreiten des Schwellenwertes von 400 U/I beim Parameter "LDH" sowie ein Unterschreiten des Schwellenwertes von 1,0 /nl beim Parameter "absolute Lymphozytenzahl" ging mit einem signifikant verkürzten kumulativen Überleben einher. Für die Lactatdehydrogenase ergab sich ein p < 0,001 (SARS-CoV-2 negativ) bzw. 0,061 (SARS-CoV-2 positiv), bei den absoluten Lymphozytenzahlen ergab sich ein p < 0,001 (SARS-CoV-2 negativ) bzw. 0,031 (SARS-CoV-2 positiv) im Logrank-Test.

Alle im Rahmen der Studie differenziert geprüften laborchemischen Parameter haben also grundsätzlich eine Aussagekraft bezüglich des Gesamtüberlebens, differenzieren aber nur ungenügend im Hinblick auf eine Infektion mit SARS-CoV-2.

4.3 Ausblick

In der vorliegenden Arbeit wurden in anderen Studien postulierte Zusammenhänge (41,81,89) in Bezug auf SARS-CoV-2 und insbesondere thromboembolische Ereignisse untersucht. Darüber hinaus konnte gezeigt werden, dass aus einer Infektion mit SARS-CoV-2 Änderungen verschiedener laborchemischer und klinischer Parameter resultieren.

Unter Berücksichtigung der vorliegenden Untersuchung war eine Diskriminierung zwischen Atemnot durch eine CoViD-19-Pneumonie und Atemnot durch eine Lungenarterienembolie nicht möglich. Die Etablierung einer hierauf basierenden Risikoabschätzung war auch aufgrund der Heterogenität des Kollektivs nicht möglich. Insbesondere im Hinblick auf die D-Dimere zeigten sich viele Abweichungen, die z.B.

auf das Vorliegen einer malignen Grunderkrankung oder einer traumatischen Genese der Beschwerden und nicht durch eine die Aktivierung der Gerinnung durch SARS-CoV-2 zurückzuführen sind.

Dementsprechend erscheint die Entwicklung eines Scoringsystems unter Verwendung der Surrogatparameter unter Berücksichtigung der Ergebnisse dieser Untersuchung schwierig. Vielversprechender erscheinen Innovationen aus dem Bereich der PCR, die diese Methode zu einer Point-of-care-Diagnostik ausbauen werden. Während mit dem gängigen RT-PCR-Verfahren der Nachweis von SARS-CoV-2 in erster Linie aufgrund der aufwändigen **RNA-Extraktion** und der sich anschließenden 30-40 Temperaturzyklen mindestens 4 Stunden dauert (63), konnte eine Gruppe um Visseaux (92) im Juli diesen Jahres im "Journal of clinical microbiology" publizieren, in der sie die Diagnosezeit mittels PCR auf unter eine Stunde reduzieren konnten. Smyrlaki et al. (93) beschrieben in ihrer in "Nature communications" im September 2020 erschienenen Arbeit durch Hitzeinaktivierung die Extraktion der mRNA gänzlich umgehen zu können und dadurch wesentlich schneller zur Diagnose zu kommen.

Bereits im Jahr 2017 hat ein Münchner Unternehmen (Fa. GNA Biosolutions GmbH) ein Gerät für eine ultraschnelle PCR auf den Markt gebracht, das in weniger als 15 Minuten den Nachweis eines MRSA mittels eines Laser-PCR[®] genannten Verfahrens führen konnte. Ullerich *et al.* (94) zeigten, dass eine verhältnismäßig geringe Menge von 10 Kopien der MRSA-DNA innerhalb von 10 Minuten nach Beginn der Testung detektiert werden konnte.

Es bleibt abzuwarten, wann diese Technologie zur Diagnostik von SARS-CoV-2 flächendeckend zur Verfügung steht. Im Zuge der Behandlung und Diagnostik von Infektionen mit SARS-CoV-2 werden diese Verfahren sicherlich in kürzester Zeit zum Standard in jedem größeren Krankenhaus. Scoringsysteme zur Abschätzung einer Infektion mit SARS-CoV-2 haben sicherlich ihre Berechtigung und sind vermutlich notwendig zur sicheren Einschätzung von Patienten in Krankenhäusern, die keinen Zugang zu einer eigenen PCR-Diagnostik haben. Es sind jedoch weitere prospektive Studien notwendig, um die Bewertung unterschiedlicher Schwellenwerte bei einzelnen Parametern gezielter herausarbeiten zu können.

85

5. Zusammenfassung

In der vorliegenden Arbeit wurden 1334 Patienten, die während der sogenannten "ersten CoViD-19-Welle" im Frühjahr 2020 im Klinikum Ingolstadt stationär aufgenommen wurden, retrospektiv hinsichtlich des Auftretens einer Infektion mit SARS-CoV-2 und dem Auftreten eines thromboembolischen Ereignisses untersucht. Das Gesamtkollektiv wurde in 4 Subgruppen aufgeteilt (Nachweis einer Infektion mit SARS-CoV-2/Nachweis einer Lungenarterienembolie, kein Nachweis einer Infektion mit SARS-CoV-2/Nachweis einer Lungenarterienembolie, Nachweis einer Infektion mit SARS-CoV-2/kein Nachweis einer Lungenarterienembolie, kein Nachweis einer Infektion mit SARS-CoV-2/kein Nachweis einer Lungenarterienembolie, kein Nachweis einer Infektion mit SARS-CoV-2/kein Nachweis einer Lungenarterienembolie, kein Nachweis einer Infektion mit SARS-CoV-2/kein Nachweis einer Lungenarterienembolie, kein Nachweis einer Infektion mit SARS-CoV-2/kein Nachweis einer Lungenarterienembolie, kein Nachweis einer Infektion mit SARS-CoV-2/kein Nachweis einer Lungenarterienembolie, kein Nachweis einer Infektion mit SARS-CoV-2/kein Nachweis einer Lungenarterienembolie, kein Nachweis einer Infektion mit SARS-CoV-2/kein Nachweis einer Lungenarterienembolie, kein Nachweis einer Infektion mit SARS-CoV-2/kein Nachweis einer Lungenarterienembolie, kein Nachweis einer Infektion mit SARS-CoV-2/kein Nachweis einer Lungenarterienembolie, kein Nachweis einer Infektion mit SARS-CoV-2/kein Nachweis einer Lungenarterienembolie, kein Nachweis einer Infektion mit SARS-CoV-2/kein Nachweis einer Lungenarterienembolie, kein Nachweis einer Infektion mit SARS-CoV-2/kein Nachweis einer Lungenarterienembolie, kein Nachweis einer Infektion kinischtlich der Verteilung klinischer und laborchemischer Surrogatparameter untersucht.

Der Fokus lag dabei insbesondere auf dem Nutzen der D-Dimere für die Diskriminierung eines thromboembolischen Ereignisses im Verlauf einer SARS-CoV-2-Infektion. In diesem Kontext wurde auch die Häufigkeit von Lungenarterienembolien evaluiert. Zwar konnte eine divergierende Verteilung klinischer sowie laborchemischer Parameter in Abhängigkeit einer Infektion mit SARS-CoV-2 gezeigt werden, verlässliche Diskriminierung für die Abgrenzung zu Lungenarterienembolien war jedoch nicht möglich.

Retrospektiv konnte der postulierte Schwellenwert der D-Dimere mit 2000 µg/l bzgl. der Verdachtsdiagnose einer Lungenarterienembolie im Rahmen einer Infektion mit SARS-CoV-2 bekräftigt werden. Allerdings ist diese Annahme nur im Setting einer ersten Inaugenscheinnahme des Patienten in einer Notfallklinik zu sehen. Daten bzgl. der Entwicklung von D-Dimeren im stationären Setting wurden nicht erhoben, insofern lassen sich für diesen Fall auch keine verlässlichen Rückschlüsse ziehen. Eine erhöhte Rate an Lungenarterienembolien im Zusammenhang mit einer Infektion mit SARS-CoV-2 konnte im untersuchten Kollektiv nicht beobachtet werden.

Die Limitationen der vorliegenden Arbeit sind zum einen durch die Heterogenität des Kollektivs sowie auch durch den retrospektiven Ansatz bedingt.

6. Anhang

6.1 Tabellenverzeichnis

Tabelle 1:	Kategorisierung der CT-Veränderungen bei CoViD-19 (Quelle: AG Thoraxdiagnostik der Deutschen Röntgengesellschaft (34))	_ •
Tabelle 2:	Symptome der Coronaviridae (Quelle: Hozhabri, 2020, 13 von 34 (5)) _	1
Tabelle 3:	CoViD-19: Fallzahlen (Quelle: LGL Bayern, zuletzt geprüft am 02.02.2021)	1
Tabelle 4:	Charakterisierung des Patientenkollektivs bezüglich Alter, Geschlecht und klinischer Befunde zur Zeit der Aufnahme ins Klinikum Ingolstadt	2
Tabelle 5:	Statistische Charakterisierung des Patientenkollektivs bezüglich laborchemischer Daten (Labor- und Referenzwerte: Institut für Laboratoriums-medizin, Klinikum Ingolstadt)	2
Tabelle 6:	Charakterisierung des Patientenkollektivs bezüglich radiologischer Bildgebung, mehrfache Bildgebung pro Patient möglich (Institut für Radiologie, Klinikum Ingolstadt; Diagnosticum Bayern Mitte Standort Ingolstadt, Abteilung Nuklearmedizin)	2
Tabelle 7:	Standardisierte Laborparameter zur Erhebung bei stationärer Aufnahme (aus: SOP Umgang mit CoViD-19-Verdachtsfälle, Klinikum Ingolstadt, Institut für Laboratoriumsmedizin, Klinikum Ingolstadt)	2
Tabelle 8:	Parameter der arteriellen Blutgasanalyse (aus: Institut für Laboratoriumsmedizin, Klinikum Ingolstadt)	24
Tabelle 9:	Erhobene Daten bei Aufnahme – gesamtes Probandenkollektiv	34
Tabelle 10): Klinische Symptomatik bei Aufnahme – gesamtes Probandenkollektiv	34
Tabelle 11	: Laborparameter bei Aufnahme - gesamtes Probandenkollektiv	34
Tabelle 12	2: Erhobene Daten bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD- Positiv"	3
Tabelle 13	3: Klinische Symptomatik bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Positiv"	3
Tabelle 14	I: Laborparameter bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD- Positiv"	3
Tabelle 15	5: Erhobene Daten bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD- Negativ"	3
Tabelle 16	6: Klinische Symptomatik bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Negativ"	3
Tabelle 17	7: Laborparameter bei Aufnahme - Gruppenzugehörigkeit "CoViD- Negativ"	3
Tabelle 18	3: Erhobene Daten bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD- Positiv" und "Lungenarterienembolie nachgewiesen"	3

Tabelle 19: Klinische Symptomatik bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Positiv" und "Lungenarterienembolie nachgewiesen"	37
Tabelle 20: Laborparameter bei Aufnahme - Gruppenzugehörigkeit "CoViD- Positiv" und "Lungenarterienembolie nachgewiesen"	37
Tabelle 21: Erhobene Daten bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD- Positiv" und "Lungenarterienembolie nicht nachgewiesen"	38
Tabelle 22: Klinische Symptomatik bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Positiv" und "Lungenarterienembolie nicht nachgewiesen"	38
Tabelle 23: Laborparameter bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD- Positiv" und "Lungenarterienembolie nicht nachgewiesen"	38
Tabelle 24. Erhobene Daten bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD- Negativ" und "Lungenarterienembolie nachgewiesen"	39
Tabelle 25: Klinische Symptomatik bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Negativ" und "Lungenarterienembolie nachgewiesen"	39
Tabelle 26: Laborparameter bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD- Negativ" und "Lungenarterienembolie nachgewiesen"	39
Tabelle 27: Erhobene Daten bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD- Negativ" und "Lungenarterienembolie nicht nachgewiesen"	40
Tabelle 28: Klinische Symptomatik bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD-Negativ" und "Lungenarterienembolie nicht nachgewiesen"	40
Tabelle 29: Laborparameter bei Aufnahme – Gruppenzugehörigkeit "CoViD- Negativ" und "Lungenarterienembolie nicht nachgewiesen"	40
Tabelle 30: Vergleich der Mediane der Parameter nach Gruppenzugehörigkeit	41
Tabelle 31: Vergleich der Häufigkeiten bestimmter klinischer Symptome nach Gruppenzugehörigkeit	41
Tabelle 32: Chi-Quadrat-Test – Signifikanz definierter Parameter bzgl. der Diagnose CoViD-19 (Quelle: Positionspapier der CoViD-Gruppe)	42
Tabelle 33: Chi-Quadrat-Test – Signifikanz definierter Parameter bzgl. der Diagnose Lungenarterienembolie (Quelle: Positionspapier der CoViD- Gruppe)	43
Tabelle 34: Chi-Quadrat-Test - Signifikanz der Parameter bzgl. der Diagnose Lungenarterienembolie differenziert nach der Gruppenzugehörigkeit CoViD-19: CoVID-Positiv (Quelle: Positionspapier der CoViD-Gruppe)	44
Tabelle 35: Chi-Quadrat-Test Signifikanz der Parameter bzgl. der Diagnose Lungenarterienembolie differenziert nach der Gruppenzugehörigkeit CoViD-19: CoVID-Negativ (Quelle: Positionspapier der CoViD- Gruppe)	44
Tabelle 36: Verarbeitete Fälle der Kreuztabelle Gruppenzugehörigkeit "CoViD" – Gruppenzugehörigkeit "Lungenarterienembolie"	45
Tabelle 37: Kreuztabelle Gruppenzugehörigkeit "CoViD" vs. Gruppen- zugehörigkeit "Lungenarterienembolie"	46
Tabelle 38: Chi-Quadrat-Test nach Pearson zur Kreuztabelle "CoViD" vs. "Lungenarterienembolie"	46

Tabelle 39: Fläche unter der Kurve für die Variablen der Testergeb	nisse bzgl.
der Gruppenzugehörigkeit "CoVID"	4
Tabelle 40: Ermittlung von Sensitivität und Spezifität mittels Youder	n-Index zur
Differenzierung zwischen CoViD-Positiv und CoViD-Neg	ativ 4
Tabelle 41: Beispielhafte Ermittlung von Sensititvität und Spezifität Youden-Index, bei einer Vorgebenen Sensitivität > 85 %	mittels
Tabelle 42: Fläche unter der Kurve für die Variablen der Testergeb	nisse bzgl.
der Gruppenzugehörigkeit "Lungenembolie nachgewiese	en" 4
Tabelle 43: Ermittlung von Sensitivität und Spezifität mittels Youder Differenzierung hinsichtlich der Diagnose einer Lungenarterienembolie	n-Index zur 5
Tabelle 44: ROC-Kurve – Variablen des Testergebnisses für den P	arameter "D-
Dimer"	5
Tabelle 45: ROC-Kurve – Variablen des Testergebnisses für den P	arameter
"LDH"	5
Tabelle 46: ROC-Kurve – Variablen des Testergebnisses für den P "Lymphozyten absolut"	arameter 5
Tabelle 47: Zusammenfassung der Fallverarbeitung zum Vergleich kumulativen Überlebens (CoViD-Positiv/Negativ)	des5
Tabelle 48: Mittelwerte für die Überlebenszeit beim Vergleich des k Überlebens (CoViD-Positiv/Negativ)	umulativen 5
Tabelle 49: Gesamtvergleich	
Tabelle 50: Zusammenfassung der Fallverarbeitung zum Vergleich	des
Gesamtüberlebens hinsichtlich des D-Dimer-Schwellenv	verts von 2000
µg/l	5
Tabelle 51: Gesamtvergleiche hinsichtlich des D-Dimer-Schwellenv	verts von
2000 µg/l	6
Tabelle 52: Zusammenfassung der Fallverarbeitung zum Vergleich	des
Gesamtüberlebens hinsichtlich des D-Dimer-Schwellenv	verts von 2000
µg/l getrennt nach der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Pos	sitiv/Negativ 6
Tabelle 53: Gesamtvergleiche hinsichtlich des D-Dimer-Schwellenv 2000 µg/l getrennt nach der Gruppenzugehörigkeit CoVi Positiv/Negativ	verts von D6
Tabelle 54: Zusammenfassung der Fallverarbeitung zum Vergleich	des
Gesamtüberlebens hinsichtlich des Schwellenwertes 400	D U/I für den
Parameter "Lactatdehydrogenase"	6
Tabelle 55: Gesamtvergleiche des Gesamtüberlebens hinsichtlich o	des
Schwellenwertes 400 U/I für den Parameter "Lactatdehy	drogenase" 6
Tabelle 56: Zusammenfassung der Fallverarbeitung zum Vergleich	des
Gesamtüberlebens hinsichtlich des Schwellenwerts von	400 U/I für
den Parameter "Lactatdehydrogenase" getrennt nach de	r
Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv/Negativ	6

abelle 57: Gesamtvergleiche hinsichtlich des Schwellenwerts von 400 U/I für den Parameter "Lactatdehydrogenase" getrennt nach der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv/Negativ	66
abelle 58: Zusammenfassung der Fallverarbeitung zum Vergleich des Gesamtüberlebens hinsichtlich des Schwellenwertes 1,0 /nl für den Parameter "Lymphozytenzahlen absolut"	68
abelle 59: Gesamtvergleiche des Gesamtüberlebens hinsichtlich des Schwellenwertes 1,0 /nl für den Parameter "Lymphozytenzahlen absolut"	68
abelle 60: Zusammenfassung der Fallverarbeitung zum Vergleich des Gesamtüberlebens hinsichtlich des Schwellenwerts von 1,0 /nl für den Parameter "Lymphozytenzahlen absolut" getrennt nach der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv/Negativ	70
abelle 61: Gesamtvergleich hinsichtlich des Schwellenwerts von 1,0 /nl für den Parameter "Lymphozytenzahlen absolut" getrennt nach der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv/Negativ	70
abelle 62: Zusammenfassung der Fallverarbeitung zum Vergleich des Gesamtüberlebens hinsichtlich der Diagnose "Lungenarterienembolie"	72
abelle 63: Gesamtvergleich des Gesamtüberlebens hinsichtlich der Diagnose "Lungenarterienembolie"	72
abelle 64: Zusammenfassung der Fallverarbeitung zum Vergleich des Gesamtüberlebens hinsichtlich des Parameters "Lungenarterienembolie nachgewiesen/nicht nachgewiesen" getrennt nach der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv/Negativ	74
abelle 65: Gesamtvergleich hinsichtlich des Parameters "Lungenarterienembolie nachgewiesen/nicht nachgewiesen" getrennt nach der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv/Negativ	74

6.2 Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Ü	Übersicht über die Familie der Coronaviridae (Quelle: Hozhabri, 2020, 3 von 34 (5)).
Abbildung 2: (Genomorganisation des Coronavirus SARS-CoV-2 (Isolat Wuhan- Hu-1, GenBank ACC MN908947, Quelle: (14))
Abbildung 3: S	Struktur der Coronaviridae (Quelle Hozhabri, 2020, 5 von 34 (5))
Abbildung 4: F	Pathogenität der Coronaviridae (Quelle: Hozhabri, 2020, 13 von 34 (5))
Abbildung 5: L	atenz von der Manifestation klinischer Symptome bis zum Tod (Quelle Hozhabri, 2020, 14 von 34 (5))
Abbildung 6: S	Sterblichkeit bei stationärer Behandlung mit oder ohne maschineller Beatmung (Quelle: Karagiannidis, 2020, S. 859)
Abbildung 7: L	ungenverletzung im Rahmen einer Erkrankung an CoViD-19 (Quelle: Tashiaki, 2020, S. 1361)
Abbildung 8: \	/erlauf der Nachweise für SARS-CoV-2 in Bayern (Quelle: Küchenhoff, 2020, 6 von 17 (57,58)
Abbildung 9: L	andkreise und kreisfreie Städte nach bestätigten Infektionen pro 100.000 Einwohner (Quelle: Xplus1, 2020, (59))
Abbildung 10:	Entwicklung der Coronavirusinfektionen in Ingolstadt (Quelle (60))_
Abbildung 11:	Diagnostischer Algorithmus am Klinikum Ingolstadt (Quelle: eigene Darstellung)
Abbildung 12:	Schema der RT-PCR zum Nachweis von SARS-CoV-2 (Quelle:
Abbildung 13:	Screenshot aus dem Formular "KR – Triage Abfrage CoViD-19" (Quelle: Soarian Clinicals, Klinikinformationssystem der Fa. Cerner, Version 4.3.200, Klinikum Ingolstadt)
Abbildung 14:	Differenzierung mittels ROC-Kurve bzgl. der Endpunkte Erkrankung an CoViD ja/nein
Abbildung 15:	Differenzierung mittels ROC-Kurve bzgl. des Endpunkts Diagnose einer Lungenarterienembolie ja/nein
Abbildung 16:	Differenzierte Betrachtung der D-Dimere mittels Boxplot entsprechend der 4 Untergruppen CoViD-neg/LAE-neg, CoViD- pos/LEA-neg, COVID-neg/LAE-pos und CoVID-pos/LAE-pos
Abbildung 17:	ROC-Kurve des Parameters "D-Dimere" der Gruppe "CoViD- Negativ" bzgl. der Diagnose "Lungenarterienembolie"
Abbildung 18:	ROC-Kurve des Parameters "D-Dimere" der Gruppe "CoViD- Positiv" bzgl. der Diagnose "Lungenarterienembolie"
Abbildung 19:	Differenzierte Betrachtung der LDH mittels Boxplot entsprechend der 4 Untergruppen CoViD-neg/LAE-neg, CoViD-pos/LEA-neg, COVID-neg/LAE-pos und CoVID-pos/LAE-pos
Abbildung 20:	Differenzierte Betrachtung der LDH mittels Boxplot

Abbildung 21:	ROC-Kurve des Parameters "LDH" zur Differenzierung des Endpunkts CoViD-Positiv	5!
Abbildung 22:	Differenzierte Betrachtung des Parameters "Lymphozytenzahl absolut" mittels Boxplot entsprechend der 4 Untergruppen CoViD- neg/LAE-neg, CoViD-pos/LEA-neg, COVID-neg/LAE-pos und CoVID-pos/LAE-pos	5
Abbildung 23:	Differenzierte Betrachtung der Lymphozytenzahl absolut mittels Boxplot	56
Abbildung 24:	ROC-Kurve des Parameters "Lymphozytenzahl absolut" zur Differenzierung des Endpunkts CoViD-Positiv	5
Abbildung 25:	Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens (CoViD-Positiv/Negativ)	59
Abbildung 26:	Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens bei D-Dimeren ≤ 2000 μg/l (CoViD-Positiv/Negativ)	6
Abbildung 27:	Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens bei D-Dimeren > 2000 μg/l (CoViD-Positiv/Negativ)	6
Abbildung 28:	Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens bei den Probanden, bei denen der D-Dimer-Wert nicht bestimmt wurde (CoViD-Positiv/Negativ)	6
Abbildung 29:	Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens in Bezug auf den D-Dimer-Wert und der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Negativ	6
Abbildung 30:	Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens in Bezug auf den D-Dimer-Wert und der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv	6
Abbildung 31:	Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens bei einem Wert ≤ 400 μg/l für den Parameter "Lactatdehydrogenase" (CoViD-Positiv/Negativ)	6
Abbildung 32:	Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens bei einem Wert > 400 μg/l für den Parameter "Lactatdehydrogenase" (CoViD-Positiv/Negativ)	6
Abbildung 33:	Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens bei den Probanden, bei denen der Wert für den Parameter "Lactatdehydrogenase" nicht bestimmt wurde (CoViD- Positiv/Negativ)	6
Abbildung 34:	Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens in Bezug auf den Wert für den Parameter "Lactatdehydrogenase" und der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Negativ	6
Abbildung 35:	Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens in Bezug auf den Wert für den Parameter "Lactatdehydrogenase" und der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv	6
Abbildung 36:	Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens bei einem Wert ≤ 1,0 /nl für den Parameter "Lymphozytenzahl absolut" (CoViD-Positiv/Negativ)	6

Abbildung 37:	Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens bei der Wert für den Parameter "Lymphozytenzahl absolut" (CoViD-Positiv/Negativ)	69
Abbildung 38:	Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens bei den Probanden, bei denen der Wert für den Parameter "Lactatdehydrogenase" nicht bestimmt wurde (CoViD- Positiv/Negativ)	70
Abbildung 39:	Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens in Bezug auf den Wert für den Parameter "Lymphozytenzahl absolut" und der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Negativ	71
Abbildung 40:	Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens in Bezug auf den Wert für den Parameter "Lymphozytenzahl absolut" und der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv	71
Abbildung 41:	Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens hinsichtlich der Diagnose "Keine Lungenarterienembolie nachgewiesen" (CoViD-Positiv/Negativ)	73
Abbildung 42:	Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens hinsichtlich der Diagnose "Lungenarterienembolie nachgewiesen" (CoViD-Positiv/Negativ)	73
Abbildung 43:	Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens in Bezug auf den Parameter "Lungenarterienembolie nachgewiesen/nicht nachgewiesen" und der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Negativ	74
Abbildung 44:	Kaplan-Meier-Kurve zum Vergleich des kumulativen Überlebens in Bezug auf den Parameter "Lungenarterienembolie nachgewiesen/nicht nachgewiesen" und der Gruppenzugehörigkeit CoViD-Positiv	75

7. Literaturverzeichnis

- 1. Fung TS, Liu DX. Human Coronavirus: Host-Pathogen Interaction. Annu Rev Microbiol. 2019;73529–57.
- 2. Tyrell DA, BYNOE ML. Cultivation of a novel type of common-cold virus in organ cultures. Br Med J. 1965;1(5448):1467–70.
- 3. Woo PCY, Huang Y, Lau SKP, Yuen K-Y. Coronavirus genomics and bioinformatics analysis. Viruses. 2010;2(8):1804–20.
- Scott FW. Evaluation of Risks and Benefits Associated with Vaccination against Coronavirus Infections in Cats. In: Veterinary Vaccines and Diagnostics: Elsevier; 1999. p. 347–58. (Advances in Veterinary Medicine; vol. 41).
- Hozhabri H, Piceci Sparascio F, Sohrabi H, Mousavifar L, Roy R, Scribano D, Luca A de, Ambrosi C, Sarshar M. The Global Emergency of Novel Coronavirus (SARS-CoV-2): An Update of the Current Status and Forecasting. IJERPH. 2020;17(16).
- 6. Fehr AR, Perlman S. Coronaviruses: an overview of their replication and pathogenesis. Methods Mol Biol. 2015;12821–23.
- Shi M, Lin X-D, Tian J-H, Chen L-J, Chen X, Li C-X, Qin X-C, Li J, Cao J-P, Eden J-S, Buchmann J, Wang W, Xu J, Holmes EC, Zhang Y-Z. Redefining the invertebrate RNA virosphere. Nature. 2016;540(7634):539–43.
- Ashour HM, Elkhatib WF, Rahman MM, Elshabrawy HA. Insights into the Recent 2019 Novel Coronavirus (SARS-CoV-2) in Light of Past Human Coronavirus Outbreaks. Pathogens. 2020;9(3).
- 9. Woo PCY, Lau SKP, Lam CSF, Lau CCY, Tsang AKL, Lau JHN, Bai R, Teng JLL, Tsang CCC, Wang M, Zheng B-J, Chan K-H, Yuen K-Y. Discovery of seven novel Mammalian and avian coronaviruses in the genus deltacoronavirus supports bat coronaviruses as the gene source of alphacoronavirus and betacoronavirus and avian coronaviruses as the gene source of gammacoronavirus and deltacoronavirus. J Virol. 2012;86(7):3995–4008.
- 10. Cui J, Li F, Shi Z-L. Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. Nat Rev Microbiol. 2019;17(3):181–92.
- 11. van der Hoek L, Pyrc K, Jebbink MF, Vermeulen-Oost W, Berkhout RJM, Wolthers KC, Wertheim-van Dillen PME, Kaandorp J, Spaargaren J, Berkhout B. Identification of a new human coronavirus. Nat Med. 2004;10(4):368–73.
- 12. Romano M, Ruggiero A, Squeglia F, Maga G, Berisio R. A Structural View of SARS-CoV-2 RNA Replication Machinery: RNA Synthesis, Proofreading and Final Capping. Cells. 2020;9(5).
- 13. Pyrc K, Berkhout B, van der Hoek L. Identification of new human coronaviruses. Expert Rev Anti Infect Ther. 2007;5(2):245–53.
- 14. GenBank. Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate Wuhan-Hu-1, complete genome [Internet]. 2020 [updated 2020 Mar 18; cited 2021 Mar 15]. Available from: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MN908947
- 15. Lu R, Zhao X, Li J, Niu P, Yang B, Wu H, Wang W, Song H, Huang B, Zhu N, Bi Y, Ma X, Zhan F, Wang L, Hu T, Zhou H, Hu Z, Zhou W, Zhao L, Chen J, Meng Y, Wang J, Lin Y, Yuan J, Xie Z, Ma J, Liu WJ, Wang D, Xu W, Holmes EC, Gao GF, Wu G, Chen W, Shi W, Tan W. Genomic

characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. The Lancet. 2020;395(10224):565–74.

- 16. Du L, He Y, Zhou Y, Liu S, Zheng B-J, Jiang S. The spike protein of SARS-CoV--a target for vaccine and therapeutic development. Nat Rev Microbiol. 2009;7(3):226–36.
- Siu YL, Teoh KT, Lo J, Chan CM, Kien F, Escriou N, Tsao SW, Nicholls JM, Altmeyer R, Peiris JSM, Bruzzone R, Nal B. The M, E, and N Structural Proteins of the Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Are Required for Efficient Assembly, Trafficking, and Release of Virus-Like Particles. J Virol. 2008;82(22):11318–30.
- 18. Chan JF-W, Kok K-H, Zhu Z, Chu H, To KK-W, Yuan S, Yuen K-Y. Genomic characterization of the 2019 novel human-pathogenic coronavirus isolated from a patient with atypical pneumonia after visiting Wuhan. Emerg Microbes Infect. 2020;9(1):221–36.
- 19. Nal B, Chan C, Kien F, Siu L, Tse J, Chu K, Kam J, Staropoli I, Crescenzo-Chaigne B, Escriou N, van der Werf S, Yuen K-Y, Altmeyer R. Differential maturation and subcellular localization of severe acute respiratory syndrome coronavirus surface proteins S, M and E. J Gen Virol. 2005;86(Pt 5):1423–34.
- 20. Masters PS. The Molecular Biology of Coronaviruses. In:: Elsevier; 2006. p. 193–292. (Advances in Virus Research; vol. 66).
- 21. Hurst KR, Koetzner CA, Masters PS. Identification of in vivo-interacting domains of the murine coronavirus nucleocapsid protein. J Virol. 2009;83(14):7221–34.
- 22. Drosten C, Günther S, Preiser W, van der Werf S, Brodt H-R, Becker S, Rabenau H, Panning M, Kolesnikova L, Fouchier RAM, Berger A, Burguière A-M, Cinatl J, Eickmann M, Escriou N, Grywna K, Kramme S, Manuguerra J-C, Müller S, Rickerts V, Stürmer M, Vieth S, Klenk H-D, Osterhaus ADME, Schmitz H, Doerr HW. Identification of a novel coronavirus in patients with severe acute respiratory syndrome. N Engl J Med. 2003;348(20):1967–76.
- Zaki AM, van Boheemen S, Bestebroer TM, Osterhaus ADME, Fouchier RAM. Isolation of a novel coronavirus from a man with pneumonia in Saudi Arabia. N Engl J Med. 2012;367(19):1814–20.
- 24. Yin Y, Wunderink RG. MERS, SARS and other coronaviruses as causes of pneumonia. Respirology. 2018;23(2):130–7.
- 25. Chan JF-W, Lau SK-P, Woo PC-Y. The emerging novel Middle East respiratory syndrome coronavirus: the "knowns" and "unknowns". J Formos Med Assoc. 2013;112(7):372–81.
- 26. Song Z, Xu Y, Bao L, Zhang L, Yu P, Qu Y, Zhu H, Zhao W, Han Y, Qin C. From SARS to MERS, Thrusting Coronaviruses into the Spotlight. Viruses. 2019;11(1).
- Zhu N, Zhang D, Wang W, Li X, Yang B, Song J, Zhao X, Huang B, Shi W, Lu R, Niu P, Zhan F, Ma X, Wang D, Xu W, Wu G, Gao GF, Tan W. A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019. N Engl J Med. 2020;382(8):727–33.
- 28. Lu H, Stratton CW, Tang Y-W. Outbreak of pneumonia of unknown etiology in Wuhan, China: The mystery and the miracle. J Med Virol. 2020;92(4):401–2.
- Rota PA, Oberste MS, Monroe SS, Nix WA, Campagnoli R, Icenogle JP, Peñaranda S, Bankamp B, Maher K, Chen M-H, Tong S, Tamin A, Lowe L, Frace M, DeRisi JL, Chen Q, Wang D, Erdman DD, Peret TCT, Burns C, Ksiazek TG, Rollin PE, Sanchez A, Liffick S, Holloway B, Limor J, McCaustland K, Olsen-Rasmussen M, Fouchier R, Günther S, Osterhaus ADME, Drosten C, Pallansch MA, Anderson LJ, Bellini WJ. Characterization of a novel coronavirus associated with severe acute respiratory syndrome. Science. 2003;300(5624):1394–9.

- 30. World Health Organization. Pandemie der Coronavirus-Krankheit [Internet] [cited 2020 Oct 18]. Available from: https://www.euro.who.int/de/health-topics/health-emergencies/coronavirus-covid-19/novel-coronavirus-2019-ncov
- 31. The species Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus: classifying 2019-nCoV and naming it SARS-CoV-2. Nat Microbiol. 2020;5(4):536–44.
- 32. Ständiger Arbeitskreis Der Kompetenz- Und Behandlungszentren Für Krankheiten Durch Hochpathogene Erreger. Hinweise zu Erkennung, Diagnostik und Therapie von Patienten mit COVID-19. 2020. de.
- 33. World Health Organization. Laboratory testing for coronavirus disease (COVID-19) in suspected human cases: Interim guidance [Internet]. 2020 [cited 2020 Oct 17]. Available from: https://www.who.int/publications/i/item/laboratory-testing-for-2019-novel-coronavirus-in-suspected-human-cases-20200117
- 34. Vogel-Claussen J, Ley-Zaporozhan J, Agarwal P, Biederer J, Kauczor H-U, Ley S, Kühl H, Mueller-Lisse UG, Persigehl T, Schlett CL, Wormanns D, Antoch G, Hamer OW. Empfehlungen der AG Thoraxdiagnostik der Deutschen Röntgengesellschaft zur klinischen Anwendung der Thoraxbildgebung und strukturierten CT-Befundung bei COVID-19-Pandemie [Recommendations of the Thoracic Imaging Section of the German Radiological Society for clinical application of chest imaging and structured CT reporting in the COVID-19 pandemic]. Rofo. 2020;192(7):633–40.
- Robert-Koch-Institut. Epidemiologischer Steckbrief zu SARS-CoV-2 und COVID-19 [Internet].
 2021 [updated 2021 Jan 8; cited 2021 Mar 15]. Available from: https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Steckbrief.html
- Wu Z, McGoogan JM. Characteristics of and Important Lessons From the Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) Outbreak in China: Summary of a Report of 72 314 Cases From the Chinese Center for Disease Control and Prevention. JAMA. 2020;323(13):1239–42.
- Karagiannidis C, Mostert C, Hentschker C, Voshaar T, Malzahn J, Schillinger G, Klauber J, Janssens U, Marx G, Weber-Carstens S, Kluge S, Pfeifer M, Grabenhenrich L, Welte T, Busse R. Case characteristics, resource use, and outcomes of 10 021 patients with COVID-19 admitted to 920 German hospitals: an observational study. The Lancet Respiratory Medicine. 2020;8(9):853–62.
- 38. Guan W-J, Ni Z-Y, Hu Y, Liang W-H, Ou C-Q, He J-X, Liu L, Shan H, Lei C-L, Hui DSC, Du B, Li L-J, Zeng G, Yuen K-Y, Chen R-C, Tang C-L, Wang T, Chen P-Y, Xiang J, Li S-Y, Wang J-L, Liang Z-J, Peng Y-X, Wei L, Liu Y, Hu Y-H, Peng P, Wang J-M, Liu J-Y, Chen Z, Li G, Zheng Z-J, Qiu S-Q, Luo J, Ye C-J, Zhu S-Y, Zhong N-S. Clinical Characteristics of Coronavirus Disease 2019 in China. N Engl J Med. 2020;382(18):1708–20.
- Wang D, Hu B, Hu C, Zhu F, Liu X, Zhang J, Wang B, Xiang H, Cheng Z, Xiong Y, Zhao Y, Li Y, Wang X, Peng Z. Clinical Characteristics of 138 Hospitalized Patients With 2019 Novel Coronavirus-Infected Pneumonia in Wuhan, China. JAMA. 2020;323(11):1061–9.
- 40. Alshukry A, Ali H, Ali Y, Al-Taweel T, Abu-Farha M, AbuBaker J, Devarajan S, Dashti AA, Bandar A, Taleb H, Al Bader A, Aly NY, Al-Ozairi E, Al-Mulla F, Bu Abbas M. Clinical characteristics of coronavirus disease 2019 (COVID-19) patients in Kuwait. PLoS One. 2020;15(11):e0242768.
- 41. Llitjos J-F, Leclerc M, Chochois C, Monsallier J-M, Ramakers M, Auvray M, Merouani K. High incidence of venous thromboembolic events in anticoagulated severe COVID-19 patients. J Thromb Haemost. 2020;18(7):1743–6.

- 42. Hachim MY, Hachim IY, Naeem KB, Hannawi H, Salmi IA, Hannawi S. D-dimer, Troponin, and Urea Level at Presentation With COVID-19 can Predict ICU Admission: A Single Centered Study. Front Med (Lausanne). 2020;7585003.
- 43. Artifoni M, Danic G, Gautier G, Gicquel P, Boutoille D, Raffi F, Néel A, Lecomte R. Systematic assessment of venous thromboembolism in COVID-19 patients receiving thromboprophylaxis: incidence and role of D-dimer as predictive factors. J Thromb Thrombolysis. 2020;50(1):211–6.
- 44. Zerwes S, Steinbauer M, Gosslau Y, Warm T, Hyhlik-Dürr A. COVID-19-Infektion Risiko für thrombembolische Komplikationen [COVID-19 infection-Risk of thromboembolic complications]. Gefasschirurgie. 2020;1–6. ger.
- 45. Tang N, Li D, Wang X, Sun Z. Abnormal coagulation parameters are associated with poor prognosis in patients with novel coronavirus pneumonia. J Thromb Haemost. 2020;18(4):844–7.
- 46. Susen S, Tacquard CA, Godon A, Mansour A, Garrigue D, Nguyen P, Godier A, Testa S, Levy JH, Albaladejo P, Gruel Y. Prevention of thrombotic risk in hospitalized patients with COVID-19 and hemostasis monitoring. Crit Care. 2020;24(1):364.
- 47. Cui S, Chen S, Li X, Liu S, Wang F. Prevalence of venous thromboembolism in patients with severe novel coronavirus pneumonia. J Thromb Haemost. 2020;18(6):1421–4.
- 48. Iba T, Levy JH, Levi M, Connors JM, Thachil J. Coagulopathy of Coronavirus Disease 2019. Crit Care Med. 2020;48(9):1358–64.
- 49. Garcia-Olivé I, Sintes H, Radua J, Abad Capa J, Rosell A. D-dimer in patients infected with COVID-19 and suspected pulmonary embolism. Respir Med. 2020;169106023.
- 50. Breakey N, Escher R. D-dimer and mortality in COVID-19: a self-fulfilling prophecy or a pathophysiological clue? Swiss Med Wkly. 2020;150w20293.
- 51. Antje Zientek. Coronavirus: Webasto bestätigt Erkrankung von Mitarbeitern und informiert über Schutzmaßnahmen. Webasto Group. Starnberg; 28.01.2020 [cited 2021 Mar 15].
- 52. Bayerische Staatskanzlei. Corona-Pandemie / Bayern ruft den Katastrophenfall aus / Veranstaltungsverbote und Betriebsuntersagungen; 16.03.2020 [cited 2021 Mar 15].
- 53. Vollzug des Infektionsschutzgesetzes (IfSG), des Bayerischen Krankenhausgesetzes (BayKrG) sowie des Bayerischen Katastrophenschutzgesetzes (BayKSG) Notfallplan Corona-Pandemie: Allgemeinverfügung zur Bewältigung erheblicher Patientenzahlen in Krankenhäusern: BayMBI. 2020 Nr. 164. Bayerisches Staatsministerium des Innern, für Sport und Integration sowie des Bayerischen Staatsministeriums für Gesundheit und Pflege; 24.03.2020 [cited 2021 Mar 15].
- 54. WHO. CoViD-19 Explorer [Internet]. 2021 [updated 2021 Feb 2; cited 15.03.2021]. Available from: https://worldhealthorg.shinyapps.io/covid/
- 55. WHO. WHO Coronavirus Disease (COVID-19) Dashboard [Internet]. 2021 [updated 2021 Feb 2; cited 2021 Mar 15]. Available from: https://covid19.who.int/
- 56. Robert-Koch-Institut. COVID-19-Dashboard [Internet]. 2021 [updated 2021 Feb 2; cited 15.03.2021]. Available from: https://experience.arcgis.com/experience/478220a4c454480e823b17327b2bf1d4/page/page_1/
- 57. Günther F, Bender A, Katz K, Küchenhoff H, Höhle M. Nowcasting the COVID-19 pandemic in Bavaria. Biom J. 2020.
- 58. Küchenhoff H, Günther F, Höhle M, Bender A. Analysis of the early Covid-19 epidemic curve in Germany by regression models with change points; 2020. (vol. 7).

- 59. Xplus1. COVID-19 Germany Cases per capita: COVID-19 in Germany Cumulative positive cases per 100k residents by district [Internet]. 2020 [cited 2021 Mar 15]. Available from: https://commons.wikimedia.org/w/index.php?curid=92133538## NLM Identifier: Case numbers delivered by Robert-Koch-Institut.
- 60. Stadt Ingolstadt. Entwicklung der Coronainfektionen in Ingolstadt [Internet]. 2020 [updated 2021 Feb 2; cited 2021 Mar 15]. Available from: https://www.ingolstadt.de/Home/Informationen-zum-Coronavirus.php?object=tx,2789.5&ModID=7&FID=3052.12561.1&NavID=2789.411
- Barrett CD, Moore HB, Yaffe MB, Moore EE. ISTH interim guidance on recognition and management of coagulopathy in COVID-19: A comment. J Thromb Haemost. 2020;18(8):2060– 3.
- 62. Fraissé M, Logre E, Pajot O, Mentec H, Plantefève G, Contou D. Thrombotic and hemorrhagic events in critically ill COVID-19 patients: a French monocenter retrospective study. Crit Care. 2020;24(1):275.
- 63. Holzapfel B, Wickert L. Die quantitative Real-Time-PCR (qRT-PCR). Methoden und Anwendungsgebiete. Biol. Unserer Zeit. 2007;37(2):120–6.
- 64. Moser MJ, DiFrancesco RA, Gowda K, Klingele AJ, Sugar DR, Stocki S, Mead DA, Schoenfeld TW. Thermostable DNA polymerase from a viral metagenome is a potent RT-PCR enzyme. PLoS One. 2012;7(6):e38371.
- Robert-Koch-Institut. Hinweise zur Testung von Patienten auf Infektion mit dem neuartigen Coronavirus SARS-CoV-2 [Internet]. Zentrum für Biologische Gefahren und Spezielle Pathogene 1 (Hochpathogene Viren). 2020 [updated 2020 Dec 23; cited 2021 Mar 15]. Available from: https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Vorl_Testung_nCoV.html
- 66. Wang D, Wang Y, Zhang Q, Jin B, Wen Q, Du F, He J, Zhang T, Li B, Ding G. Clinical and computed tomography features in patients with coronavirus disease 2019. Exp Ther Med. 2021;21(2):129.
- Bundesgerichtshof. Gefährliche Körperverletzung durch Anwendung ionisierender Strahlung;
 03.12.1997 [cited 2021 Mar 15]. Available from: https://dejure.org/dienste/vernetzung/rechtsprechung?Gericht=BGH&Datum=03.12.1997&Ak tenzeichen=2%20StR%20397%2F97
- Thachil J, Tang N, Gando S, Falanga A, Cattaneo M, Levi M, Clark C, Iba T. ISTH interim guidance on recognition and management of coagulopathy in COVID-19. J Thromb Haemost. 2020;18(5):1023–6.
- 69. Hellbrück R. Chi-Quadrat Tests. In: Hellbrück R, editor. Angewandte Statistik mit R. Wiesbaden: Springer Fachmedien Wiesbaden; 2016. p. 99–114.
- 70. Altman DG, Bland JM. Diagnostic tests 3: receiver operating characteristic plots. BMJ. 1994;309(6948):188.
- 71. Martínez-Camblor P, Pardo-Fernández JC. The Youden Index in the Generalized Receiver Operating Characteristic Curve Context. Int J Biostat. 2019;15(1).
- 72. Ziegler A, Lange S, Bender R. Uberlebenszeitanalyse: Eigenschaften und Kaplan-Meier Methode [Survival analysis: properties and Kaplan-Meier method]. Dtsch Med Wochenschr. 2007;132 Suppl 1e36-8. ger.
- 73. Bland JM, Altman DG. The logrank test. BMJ. 2004;328(7447):1073.

- 74. Rapider Anstieg von Covid-19-Erkran-kungen in Italien. Deutsches Ärzteblatt [Internet] [cited 2021 Mar 15]. Available from: https://www.aerzteblatt.de/nachrichten/109618/Rapider-Anstieg-von-Covid-19-Erkrankungen-in-Italien
- 75. Corman VM, Landt O, Kaiser M, Molenkamp R, Meijer A, Chu DK, Bleicker T, Brünink S, Schneider J, Schmidt ML, Mulders DG, Haagmans BL, van der Veer B, van den Brink S, Wijsman L, Goderski G, Romette J-L, Ellis J, Zambon M, Peiris M, Goossens H, Reusken C, Koopmans MP, Drosten C. Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR. Euro Surveill. 2020;25(3).
- Bundesgesundheitsministerium. Coronavirus SARS-CoV-2: Chronik der bisherigen Maßnahmen [Internet]. 2021 [updated 2021 Jan 10; cited 2021 Mar 15]. Available from: https://www.bundesgesundheitsministerium.de/coronavirus/chronik-coronavirus.html
- 77. Huang C, Wang Y, Li X, Ren L, Zhao J, Hu Y, Zhang L, Fan G, Xu J, Gu X, Cheng Z, Yu T, Xia J, Wei Y, Wu W, Xie X, Yin W, Li H, Liu M, Xiao Y, Gao H, Guo L, Xie J, Wang G, Jiang R, Gao Z, Jin Q, Wang J, Cao B. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. The Lancet. 2020;395(10223):497–506.
- 78. Hassan SA, Sheikh FN, Jamal S, Ezeh JK, Akhtar A. Coronavirus (COVID-19): A Review of Clinical Features, Diagnosis, and Treatment. Cureus. 2020;12(3):e7355.
- 79. Zheng Q, Lu Y, Lure F, Jaeger S, Lu P. Clinical and radiological features of novel coronavirus pneumonia. J Xray Sci Technol. 2020;28(3):391–404.
- Larsen K, Coolen-Allou N, Masse L, Angelino A, Allyn J, Bruneau L, Maillot A, Lagrange-Xelot M, Vitry T, André M, Travers JY, Foch E, Allou N. Detection of Pulmonary Embolism in Returning Travelers with Hypoxemic Pneumonia due to COVID-19 in Reunion Island. Am J Trop Med Hyg. 2020;103(2):844–6.
- 81. Casale M, Dattilo G, Imbalzano E, Gigliotti De Fazio M, Morabito C, Mezzetti M, Busacca P, Signorelli SS, Brunetti ND, Correale M. The thromboembolism in COVID-19: the unsolved problem. Panminerva Med. 2020.
- 82. Pilarczyk K, El Mokhtari NE, Fleischmann T, Haake N, Konstantinides SV. Diagnostik und Therapie der akuten Lungenembolie. Notfall Rettungsmed. 2020;23(8):645–57.
- 83. van Es N, Kraaijpoel N, Klok FA, Huisman MV, Den Exter PL, Mos ICM, Galipienzo J, Büller HR, Bossuyt PM. The original and simplified Wells rules and age-adjusted D-dimer testing to rule out pulmonary embolism: an individual patient data meta-analysis. J Thromb Haemost. 2017;15(4):678–84.
- 84. Ceriani E, Combescure C, Le Gal G, Nendaz M, Perneger T, Bounameaux H, Perrier A, Righini M.
 Clinical prediction rules for pulmonary embolism: a systematic review and meta-analysis. J
 Thromb Haemost. 2010;8(5):957–70.
- 85. Cascella M, Rajnik M, Cuomo A, Dulebohn SC, Di Napoli R. StatPearls: Features, Evaluation, and Treatment of Coronavirus. StatPearls Publishing. Treasure Island (FL); 2020.
- 86. Ditchfield M. CT and radiation dose: Where are we now? J Med Imaging Radiat Oncol. 2016;60(1):21–2.
- 87. Euler A, Szücs-Farkas Z, Schindera S. Möglichkeiten der Strahlenreduktion bei der CT des Körperstamms. Radiologie up2date. 2014;14(02):163–76.
- Giacomelli A, Pezzati L, Conti F, Bernacchia D, Siano M, Oreni L, Rusconi S, Gervasoni C, Ridolfo AL, Rizzardini G, Antinori S, Galli M. Self-reported Olfactory and Taste Disorders in Patients With Severe Acute Respiratory Coronavirus 2 Infection: A Cross-sectional Study. Clinical Infectious Diseases. 2020;71(15):889–90.

- Cattaneo M, Bertinato EM, Birocchi S, Brizio C, Malavolta D, Manzoni M, Muscarella G, Orlandi M. Pulmonary Embolism or Pulmonary Thrombosis in COVID-19? Is the Recommendation to Use High-Dose Heparin for Thromboprophylaxis Justified? Thromb Haemost. 2020;120(8):1230–2.
- Ackermann M, Verleden SE, Kuehnel M, Haverich A, Welte T, Laenger F, Vanstapel A, Werlein C, Stark H, Tzankov A, Li WW, Li VW, Mentzer SJ, Jonigk D. Pulmonary Vascular Endothelialitis, Thrombosis, and Angiogenesis in Covid-19. N Engl J Med. 2020;383(2):120–8.
- 91. Helms J, Tacquard C, Severac F, Leonard-Lorant I, Ohana M, Delabranche X, Merdji H, Clere-Jehl R, Schenck M, Fagot Gandet F, Fafi-Kremer S, Castelain V, Schneider F, Grunebaum L, Anglés-Cano E, Sattler L, Mertes P-M, Meziani F. High risk of thrombosis in patients with severe SARS-CoV-2 infection: a multicenter prospective cohort study. Intensive Care Med. 2020;1089– 98.
- 92. Visseaux B, Le Hingrat Q, Collin G, Bouzid D, Lebourgeois S, Le Pluart D, Deconinck L, Lescure F-X, Lucet J-C, Bouadma L, Timsit J-F, Descamps D, Yazdanpanah Y, Casalino E, Houhou-Fidouh N. Evaluation of the QIAstat-Dx Respiratory SARS-CoV-2 Panel, the First Rapid Multiplex PCR Commercial Assay for SARS-CoV-2 Detection. J Clin Microbiol. 2020.
- 93. Smyrlaki I, Ekman M, Lentini A, Rufino de Sousa N, Papanicolaou N, Vondracek M, Aarum J, Safari H, Muradrasoli S, Rothfuchs AG, Albert J, Högberg B, Reinius B. Massive and rapid COVID-19 testing is feasible by extraction-free SARS-CoV-2 RT-PCR. Nat Commun. 2020;4812.
- 94. Ullerich L, Campbell S, Krieg-Schneider F, Bürsgens F, Stehr J. Ultra-fast PCR technologies for point-of-care testing. LaboratoriumsMedizin. 2017;41(5):3866.

8. Danksagung

Eine Promotionsschrift mag zwar das Werk eines Einzelnen sein, aber könnte nie ohne die Unterstützung Vieler zustande kommen. Und so möchte ich mich ganz besonders, bei den folgenden Personen und Institutionen bedanken:

Mein ganz besonderer Dank gilt Herrn Prof. Dr. Schulz, meinem Doktorvater, für die unkomplizierte, professionelle Betreuung meiner Arbeit und an Herrn Prof. Dr. Michael Ried, der als Zweitgutachter für meine Arbeit fungierte.

Sehr herzlich möchte ich mich bei Herrn Florian Zeman vom Zentrum für Klinische Studien der Universität Regensburg bedanken, der mir zur richtigen Zeit mit Rat und Tat zum Thema Statistik und Auswertung zur Seite stand und der Arbeit im richtigen Moment die richtige Wendung gab.

Nicht zu unterschätzen ist der Anteil, den Herr PD Dr. Schmidt von der Klinik für Pneumologie und thorakale Onkologie des Klinikums Ingolstadt an dieser Arbeit hat. Ständig ansprechbar und immer praxisorientiert: Henning, herzlichen Dank!

Ein besonderes Lob verdient mein Team: Das Team der Notfallklinik des Klinikums Ingolstadt, das nicht nur während der CoViD-19-Pandemie großartiges geleistet hat und jeden Tag aufs Neue leistet. Herzlichen Dank, dass ihr so viele Ideen und Spinnereien von mir mitgemacht habt!

Nicht zuletzt gebührt der Dank der Medizinischen Fakultät der Universität Regensburg, die mich als externen Promovenden mit einer Herzlichkeit aufgenommen hat, die ich in dieser Form schlichtweg nicht erwartet habe.

9. Curriculum Vitae Stephan Steger

Adresse:	Orlandostrasse 4
	85057 Ingolstadt
Geburtsdatum:	24.08.1974 in Ingolstadt
Familienstand:	verheiratet, 3 Kinder
Staatsangehörigkeit:	deutsch
Schulabschluss:	Allgemeine Hochschulreife am 09.07.1993

Hochschulausbildung:

1995 – 2003	Studium der Humanmedizin Justus-Liebig-Universität
	Giessen und Friedrich-Alexander-Universität Erlangen-
	Nürnberg
	Abschluss am 05.05.2003 mit dem 3. Staatsexamen in
	Erlangen
2010 – 2012	Fernstudium Gesundheitsmanagement
	Wirtschafts- und Sozialwissenschaftliche Fakultät der
	Friedrich-Alexander-Universität Erlangen-Nürnberg am
	Lehrstuhl Gesundheitsmanagement, Prof. Schöffski,
	Abschluss: Master of Health Business Administration
	(MHBA) im Dezember 2012

Medizinische Ausbildung:

2003 – 2010	Facharztausbildung am Klinikum Ingolstadt, Medizinische Klinik II
29.09.2010	Facharzt für Innere Medizin, WBO 1993
November 2010	Qualifikation zum Leitenden Notarzt
November 2011	Qualifikation zum Transfusionsbeauftragten
Dezember 2013	Risikomanager Patientensicherheit, Austrian Standards
Mai 2018	Weiterbildungsermächtigung Innere Medizin
November 2019	Zusatzbezeichnung Notfallmedizin
März 2021	Zusatzbezeichnung Klin. Akut- und Notfallmedizin

Klinische Tätigkeit:

2003 – 2010	Assistenzarzt Medizinische Klinik II, Klinikum Ingolstadt
2010 – 2015	Oberarzt, Notfallklinik und RettungsZentrum, Klinikum Ingolstadt
	ingolotadt
2015 - 2020	Leitender Oberarzt, Notfallklinik und RettungsZentrum
Seit 2020	kommissarischer Direktor, Notfallklinik und Rettungs-
	Zentrum