

# **EBMT**

**Rapporto sugli esiti del TCS ematopoietico**

**CIC 587**



Gruppo di benchmarking EBMT [registryhelpdesk@ebmt.org](mailto:registryhelpdesk@ebmt.org)

Febbraio 2025

Data di estrazione dei dati: settembre 2024

# Contenuti

Introduzione.....	1
Selezione.....	1
<b>Panoramica del centro</b>	<b>3</b>
<b>Sintesi</b>	<b>3</b>
<b>TOS allogenico</b>	<b>4</b>
Completezza dei dati di base .....	4
Giorno 100 Benchmark.....	6
Risultati clinici.....	8
1-anno Benchmark .....	9
<b>TCS autologa</b>	<b>14</b>
Completezza dei dati di base .....	14
Giorno 100 Benchmark.....	16
1-anno Benchmark .....	19
<b>Feedback</b>	<b>24</b>
<b>Allegato: Dati di base dettagliati sul TCS</b>	<b>24</b>
TOS allogenico .....	25
TCS autologa .....	31

## Introduzione

Il benchmarking è diventato obbligatorio in molti contesti sanitari per le procedure complesse ed è utilizzato dalle autorità competenti, dalle autorità di regolamentazione, dai pagatori e dai pazienti per garantire le prestazioni cliniche, l'efficacia dei costi e la sicurezza delle cure per i pazienti. In diversi Paesi europei extraeuropei ed sono stati istituiti sistemi di benchmarking per l'HSCT, l'accesso non è universale. Alla fine del 2019 l'EBMT e la JACIE hanno sviluppato un sistema di benchmarking internazionale basato sul registro e adattato al rischio per i risultati dell'HSCT nei diversi servizi sanitari e nelle diverse culture all'interno dell'EBMT (*Snowden et al. BMT 2020*) ([link](#)). Il benchmarking viene ripetuto annualmente, su trapianti idonei eseguiti in un periodo di cinque anni, fino a 1,5 anni prima della data del rapporto corrente. In questo documento i vengono riportati i risultati del vostro centro in termini di completezza del follow-up al giorno 100 e a un anno e di mortalità e sopravvivenza libera da recidiva/progressione a un anno rispetto al database EBMT. Ulteriori statistiche descrittive di base sono fornite separatamente per i pazienti pediatrici e adulti, ove appropriato. Questo rapporto si basa sull'estrazione dei dati a settembre 2024 e riguarda i trapianti eseguiti nel periodo 2018-2022.

## Selezione

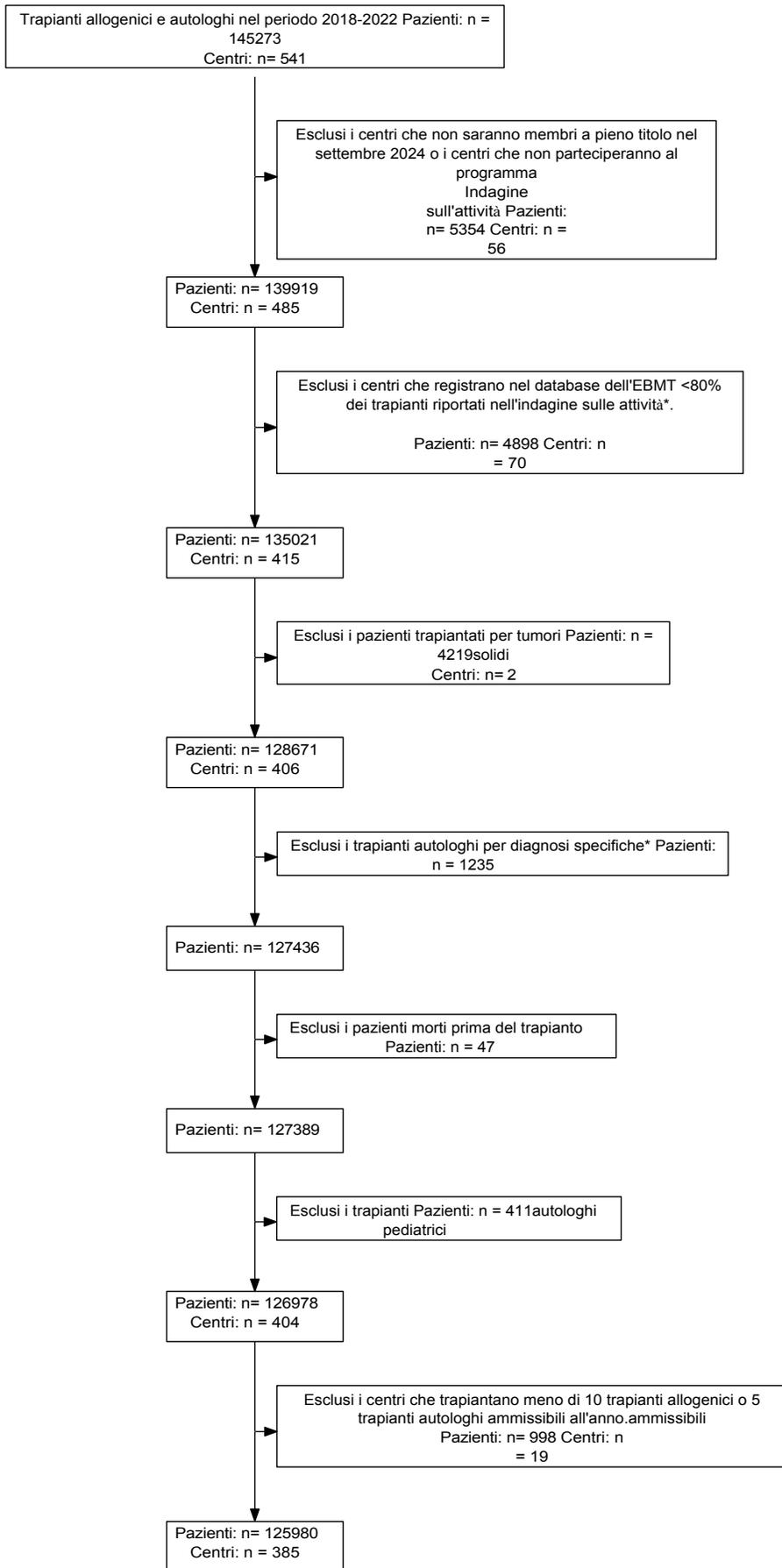
Il benchmark riguarda solo il primo TCS autologo e il primo TCS allogenico, che coprono circa l'80% di tutta l'attività di trapianto. I criteri di selezione sono stati delineati nel diagramma di flusso allegato. I centri sono stati selezionati per il benchmarking del follow-up se:

- nel periodo 2018-2022, almeno l'80% dei trapianti riportati nell'indagine sulle attività è stato registrato presso l'EBMT;

- erano membri a pieno titolo dell'EBMT al del momento'analisi ;attuale
- per il benchmarking del trapianto : allogenico nel periodo 2018-2022, hanno effettuato in media all'anno;almeno 10 allotrapianti
- per il benchmarking dei trapianti : autologo nel periodo 2018-2022, hanno effettuato in media all'anno.almeno 5 autotrapianti

I centri sono stati selezionati per il benchmarking degli esiti clinici se riportano un follow-up assoluto  $\geq 80\%$ , ovvero se sono classificati come VERDI o AMBRA.

Per un resoconto più dettagliato di questi criteri, degli obiettivi e dei risultati complessivi e della metodologia statistica utilizzata, rimanda al position paper in *Bone Marrow Transplantation* (link).



\*Le diagnosi includono malattie autoimmuni, insufficienza midollare, disordini istiocitari, emoglobinopatie, disordini ereditari e disordini mielodisplastici/mieloproliferativi.

L'elenco dei pazienti inclusi del vostro centro, suddivisi per UPN, è riportato nel file .Excel allegato

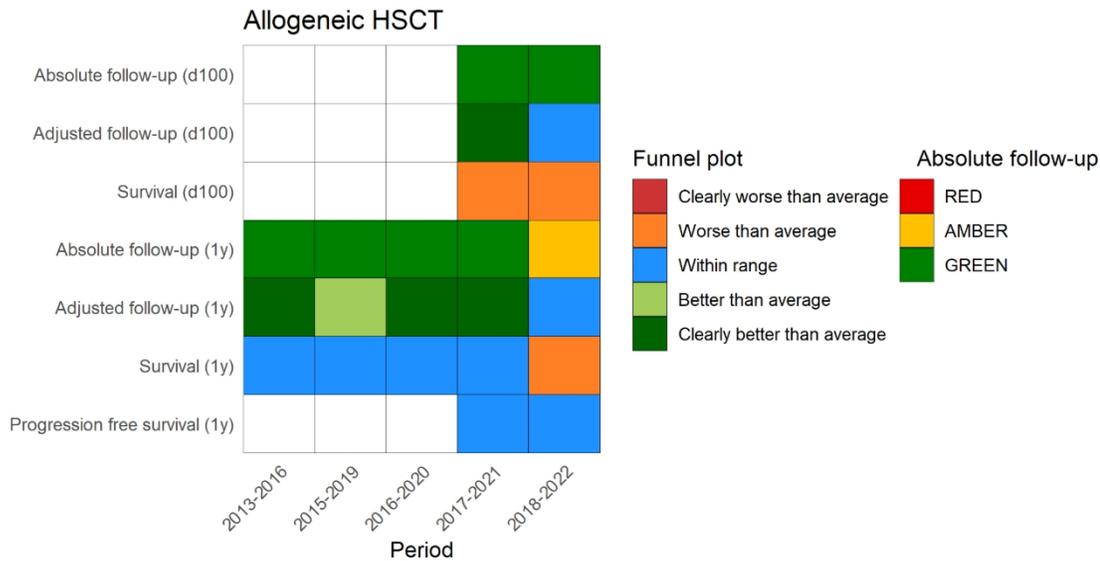
## Panoramica del centro

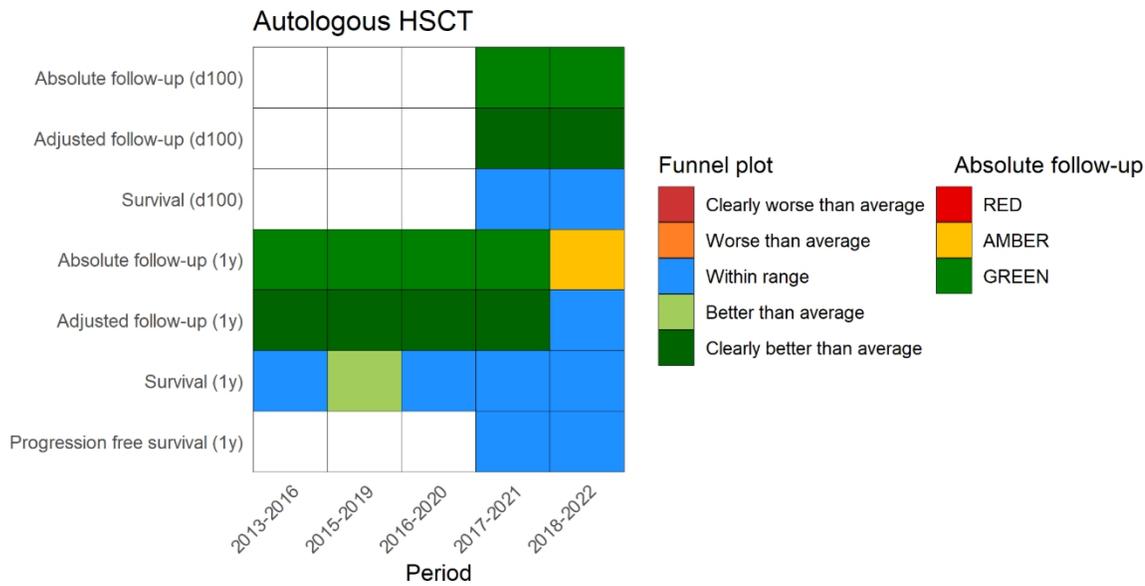
Tabella 1: Panoramica sull'HSCT

		2018	2019	2020	2021	2022
TOS allogenico	Pediatrico	1	1	1	1	0
	Adulti	23	30	29	51	50
TCS autologa	Adulti	43	60	65	88	78

## Sintesi

Riepilogo delle prestazioni del vostro centro nel benchmarking. Vengono forniti i punteggi precedenti attuali e del vostro centro per i benchmark di follow-up e di risultati clinici, ove applicabili. Ogni riquadro colorato indica la prestazione del centro su un particolare benchmark (righe), in un particolare periodo di riferimento (colonne). I riquadri bianchi indicano i casi in cui i punteggi non sono disponibili ,perché il particolare benchmark non era ancora stato implementato (i benchmark del giorno 100 e la PFS prima del 2017-2021), oppure perché il vostro centro non soddisfaceva i corrispondenti criteri di inclusione.

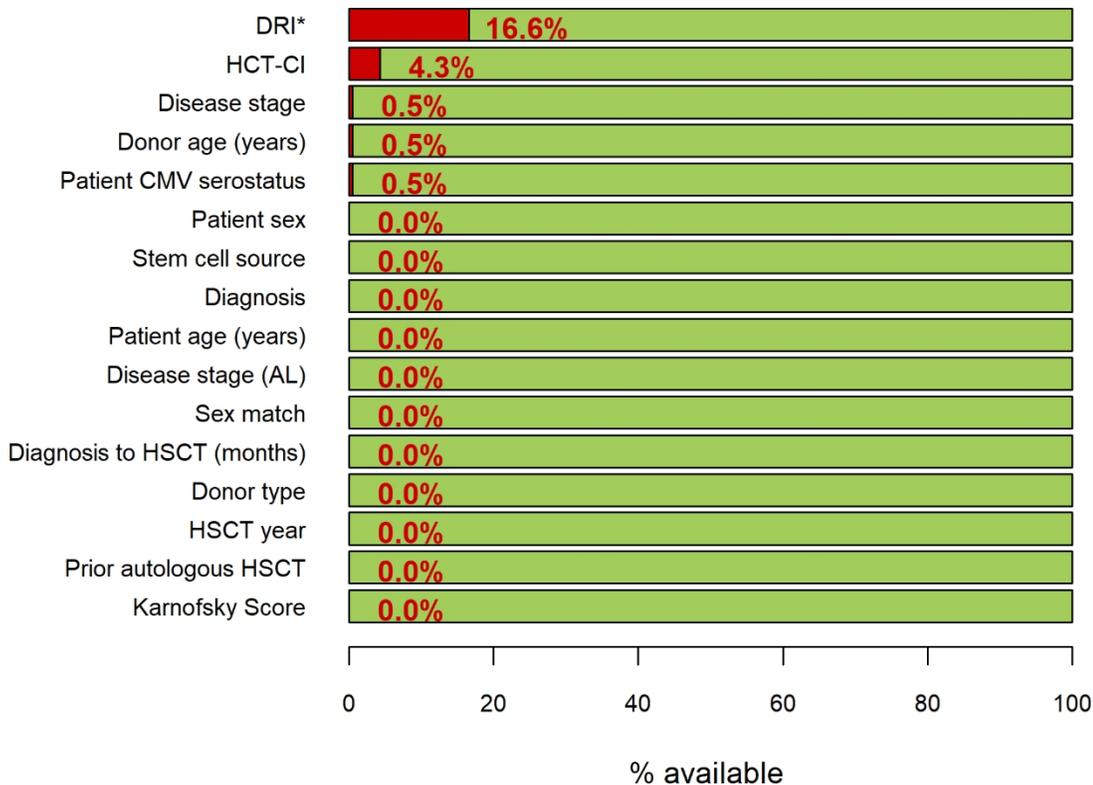




## TOS allogeneico

### Completezza dei dati di base

Questa panoramica mostra la percentuale di dati mancanti per ogni variabile pre-trapianto (basale) inclusa nel benchmarking. I dati mancanti sono rappresentati dalle barre rosse, mentre i dati osservati sono rappresentati dalle barre verdi. La percentuale di mancanze è indicata in rosso. Le variabili sono ordinate in base alla percentuale decrescente di dati mancanti.



Il \*DRI (link) è mancante se per una particolare diagnosi manca una qualsiasi delle componenti del punteggio richieste. Nel benchmarking mancano

Si presume che il DRI sia intermedio. Questa barra mostra la percentuale di DRI mancante se non vienetale ipotesi. Le mancanze dei singoli componenti del DRI sono indicate nella tabella seguente.

La citogenetica è classificata come segue:

- **MDS**: delezione 7, monosomia 7, cariotipo monosomico e cariotipo complesso sono classificati come avversi. Tutte le altre anomalie sono classificate come intermedie.
- **AML**: delezione e/o monosomia 5, 7, 17, t(3;3), t(9;22), t(10;11), t(6;11) e cariotipo monosomico sono classificati come avversi. t(8;21), inversione 16 e t(15;17) sono classificati come favorevoli. Tutto il resto è classificato come intermedio.

Tabella 2: Missingness in DRI e HCT-CI

Caratteristiche	Gruppi	EBMT	Il vostro centro
		N (%)	N (%)
DRI	Fase mancante quando necessario	893 (1.5)	1 (0.5)
	Manca la citogenetica, se necessaria	3519 (5.7)	29 (15.5)
	Stadio MDS mancante per MDS	26 (0.0)	0 (0.0)
	Manca la classificazione OMS per il linfoma Dati completi	160 (0.3)	1 (0.5)
HCT-CI	Tutti gli articoli mancanti*	56610 (93.5)	156 (83.4)
	Manca almeno un elemento	31965 (52.2)	101 (54.0)
	Tutte le voci riportate	25623 (41.9)	78 (41.7)

\* Se solo l'obesità è "Si" e tutte le altre voci sono "No" o mancanti, l'obesità è considerata mancante

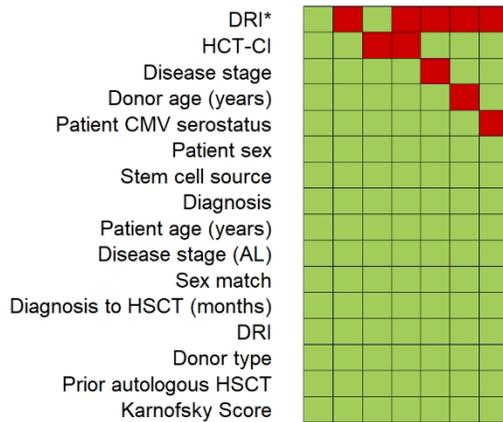
I dati citogenetici e sui marcatori molecolari sono richiesti nei moduli principali anche per malattie diverse da MDS e AML; in particolare per AML, ALL, CML, NHL, MDS, MPN e MM.

Tabella 3: Missingness in citogenetica e marcatori molecolari

Caratteristiche	Gruppi	EBMT	Il vostro centro
		N (%)	N (%)
Totale Marcatori molecolari prima del TCS	Non fatto/mancante	51948 (100.0)	572 (100.0)
	Fatto (almeno 1 marcatore registrato)	20067 (38.6)	44 (25.6)
	Fatto (nessun marcatore registrato)	18144 (34.9)	72 (41.9)
Citogenetica prima dell'HSCT	Normale	18963 (36.5)	63 (36.6)
	Anormale (citogenetica registrata)	12965 (25.0)	29 (16.9)
	Anormale (citogenetica mancante)	8637 (16.6)	23 (13.4)
	Non fatto/Fallito	2506 (4.8)	29 (16.9)
	Mancante	8877 (17.1)	28 (16.3)

La figura seguente fornisce una panoramica dei modelli di osservazioni mancanti nel casemix e in altre variabili. I riquadri rossi indicano dati mancanti, mentre quelli verdi indicano che la variabile è osservata. Una riga completamente verde indica che la variabile è completa. Una colonna completamente verde indica che tutti i dati di base dei pazienti del centro sono riportati nel database. Ciò fornisce un'indicazione di quali variabili tendono a mancare insieme e della frequenza con cui tali combinazioni mancano nei pazienti del vostro centro

## Missingness in your centre | Casemix/other variables



150 (80.2%)  
26 (13.9%)  
6 (3.2%)  
2 (1.1%)  
1 (0.5%)  
1 (0.5%)  
1 (0.5%)

### Missing in each pattern\*

\*Variables in pattern listed in left margin

## Benchmark del 100° giorno

### Seguito

Il grafico seguente mostra la distribuzione del follow-up del vostro centro (in blu tratteggiato) insieme a quella dell'EBMT nel suo complesso (in solidonero), stimata utilizzando il metodo di Kaplan-Meier inverso (link). Sull'asse delle ascisse è indicato il tempo trascorso dall'HSCT in mesi, sull'asse delle ordinate la percentuale di pazienti ancora in follow-up. Ad ogni punto temporale in cui un paziente viene perso al follow-up, la curva aumenta proporzionalmente al numero di pazienti ancora in follow-up in quel momento. Una curva più ripida indica un tasso più elevato di pazienti persi al follow-up. Le aree ombreggiate indicano l'intervallo di confidenza del 95% intorno alle stime. Se il vostro centro non è mostrato nella figura, la vostra percentuale di pazienti persi al follow-up nel periodo di tempo è pari allo 0%.

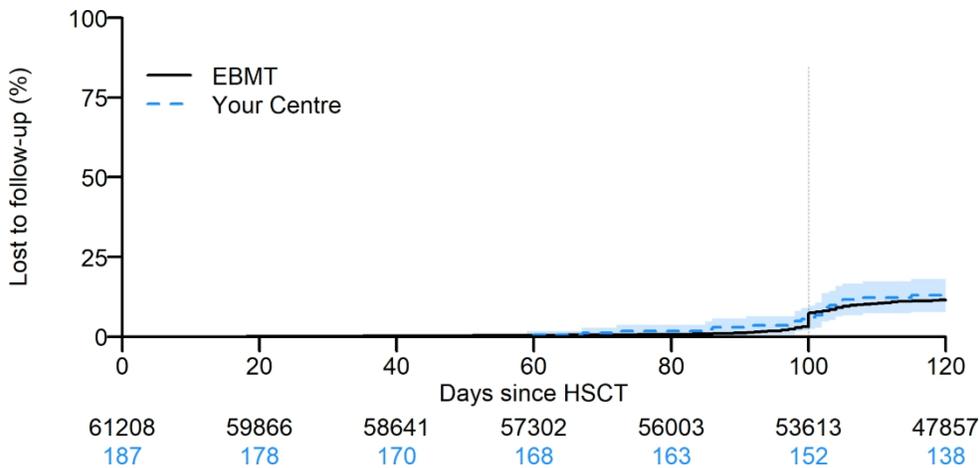


Tabella 4: Follow-up non aggiustato

	N	Giorno 100 % perso al follow-up
EBMT	61208	7% (7-8%)
Il vostro centro	187	6% (2-10%)

Si noti che queste curve non sono state aggiustate per il case-mix. Il grafico a imbuto sottostante è stato aggiustato per il case-mix e mostra il relativo follow-up . a un annoQuesto fornisce un confronto equo tra il vostro centro e l'EBMT. Per una spiegazione della metodologia statistica utilizzata, consultare il position paper in Bone Marrow Transplantation più dettagliata (link).

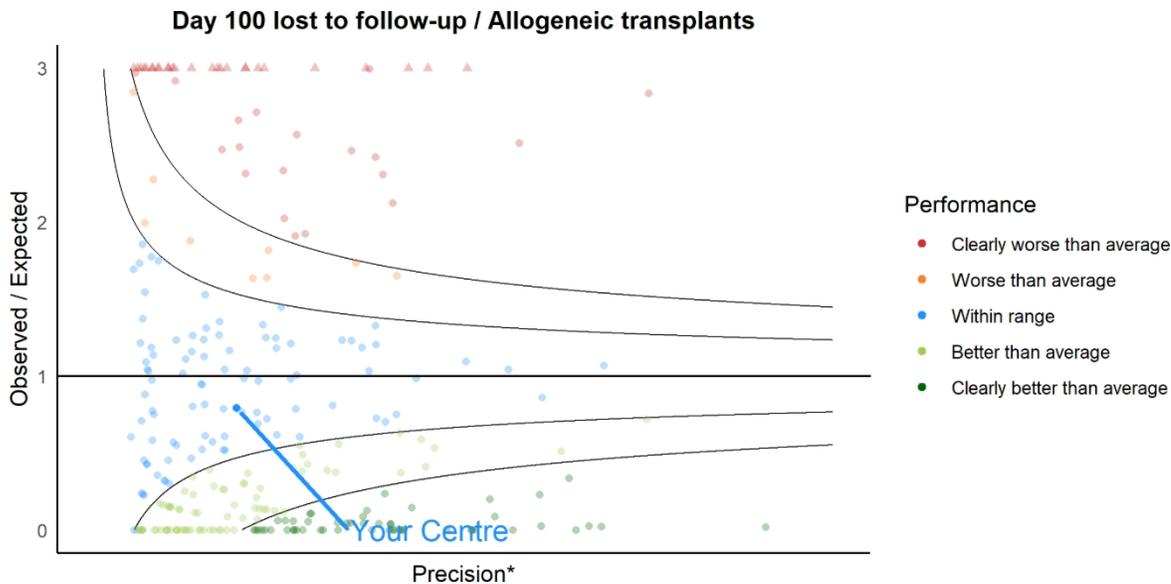


Tabella 5: Follow-up corretto

Chiaramente peggiore della media della media	Peggior della media	Entro la gamma	Migliore
	Chiaramente migliore della media 46 (16,5%)	9 (3.2%)	93 (33.5%)
	78 (28.1%)		52 (18.7%)

Il grafico a imbuto sopra riportato mostra la percentuale di decessi al follow-up dal giorno al 100 dopo il TCS , allogeniconfrontando la mortalità attesa, aggiustata per la mortalità specifica del paziente e del centro. osservata con quella I risultati sono fortemente influenzati dalla qualità del follow-up nel periodo. La posizione nell'imbuto è **All'interno dell'intervallo**.

Mentre le del categorie funnel-plot sono relative e tengono conto dell'incertezza delle stime, la qualità del follow-up può anche essere quantificata in termini . assolutiQuesta viene calcolata dividendo il tempo totale di follow-up osservato per il tempo di follow-up massimo, cioè il tempo fino alla morte per i pazienti che sono morti entro il primo anno o un anno per i pazienti che sono sopravvissuti al primo anno, per ogni centro totale Clark et al. (Lancet 2002).

Il vostro follow-up assoluto a 100 giorni è del **99%**. Questa metrica sarà utilizzata per selezionare il vostro centro per il benchmarking dei risultati clinici a 100 giorni.

Il follow-up soddisfa gli standard JACIE pertinenti (>90%) e può essere comodamente incluso nel benchmarking (*VERDE - conforme*).

La distribuzione del follow-up nell'intera EBMT nel periodo attualmente oggetto di benchmark è la seguente:

Tabella 6: Follow-up assoluto

	VERDE	AMBRA	ROSSO
TOS allogenico	278 (100%)	0 (0%)	0 (0%)

## Risultati clinici

### Sopravvivenza

Il grafico seguente mostra la curva di sopravvivenza al giorno 100 del vostro centro (in blu) trattergiatoinsieme quella di tutti i centri EBMT idonei (VERDE e AMBRA) in nero. Sull'asse delle ascisse è indicato il tempo trascorso dall'HSCT in mesi, sull'asse delle ordinate la percentuale di pazienti ancora vivi. Una curva più ripida indica un tasso di mortalità più elevato. Le aree ombreggiate indicano l'intervallo di intorno alle stime corrispondenti, confidenza del 95%

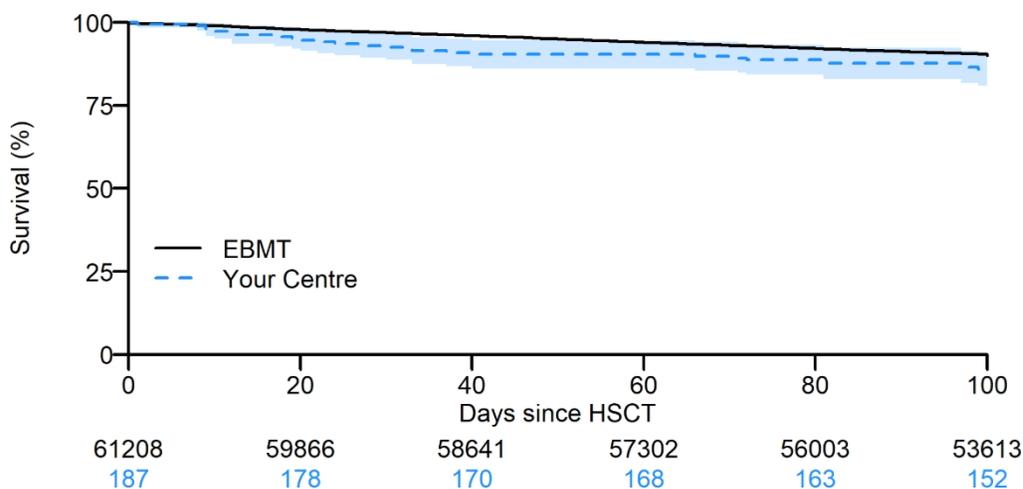


Tabella 7: Sopravvivenza complessiva non aggiustata

	N	Sopravvivenza al 100° giorno
EBMT	61208	90% (90-90%)
Il vostro centro	187	86% (81-91%)

Si noti che queste curve non sono state aggiustate per il case-mix. Il grafico a imbuto sottostante è stato aggiustato per il case-mix e fornisce un confronto equo tra il vostro centro e l'EBMT. Per una spiegazione più dettagliata della metodologia statistica utilizzata, rimanda al position paper in Bone Marrow Transplantation (link).

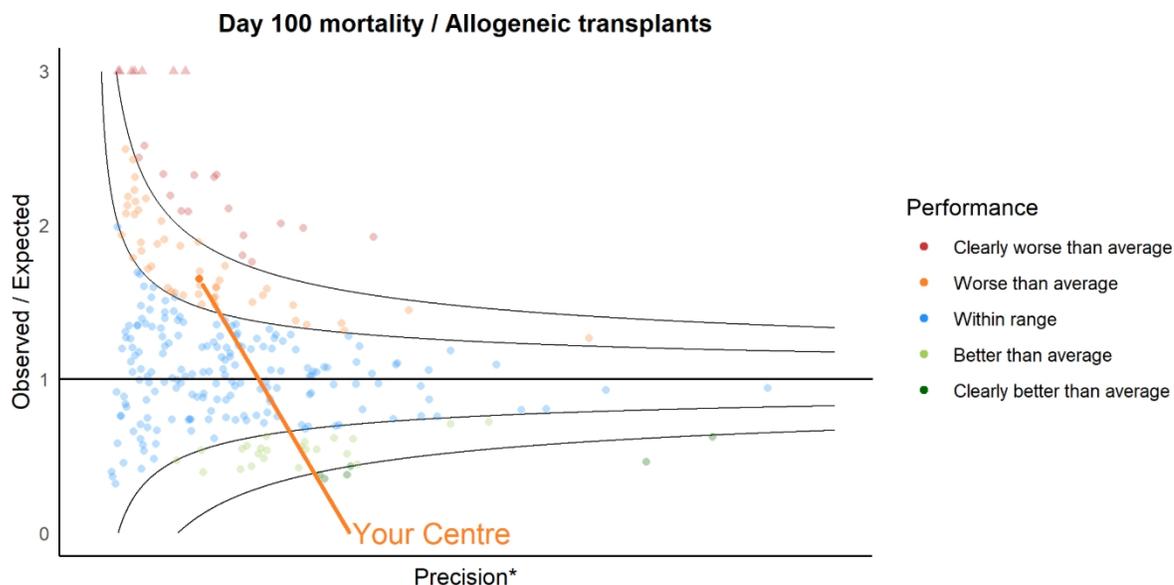


Tabella 8: Mortalità aggiustata al giorno 100

Chiaramente peggiore della media della media	Peggioro della media	Entro la gamma	Migliore
	Chiaramente migliore della media 23 (8,3%)	48 (17.3%)	178 (64%)
	23 (8.3%)	6 (2.2%)	

Funnel plot per la mortalità a 100 giorni in seguito a HSCT allogenico che confronta la mortalità osservata con quella attesa, aggiustata per il case mix e il follow-up del centro. I risultati sono fortemente influenzati dalla qualità del follow-up nel periodo. La vostra posizione nell'imbuto è **peggiore della media**.

## 1-anno Benchmark

### Seguito

Il grafico seguente mostra la distribuzione del follow-up del vostro centro (in blu tratteggiato) insieme a quella dell'EBMT nel suo complesso (in solidonero), stimata utilizzando il metodo di Kaplan-Meier inverso (link). Sull'asse delle ascisse è indicato il tempo trascorso dall'HSCT in mesi, sull'asse delle ordinate la percentuale di pazienti ancora in follow-up. Ad ogni punto temporale in cui un paziente viene perso al follow-up, la curva aumenta proporzionalmente al numero di pazienti ancora in follow-up in quel momento. Una curva più ripida indica un tasso più elevato di pazienti persi al follow-up. Le aree ombreggiate indicano l'intervallo di confidenza del 95% intorno alle stime corrispondenti.

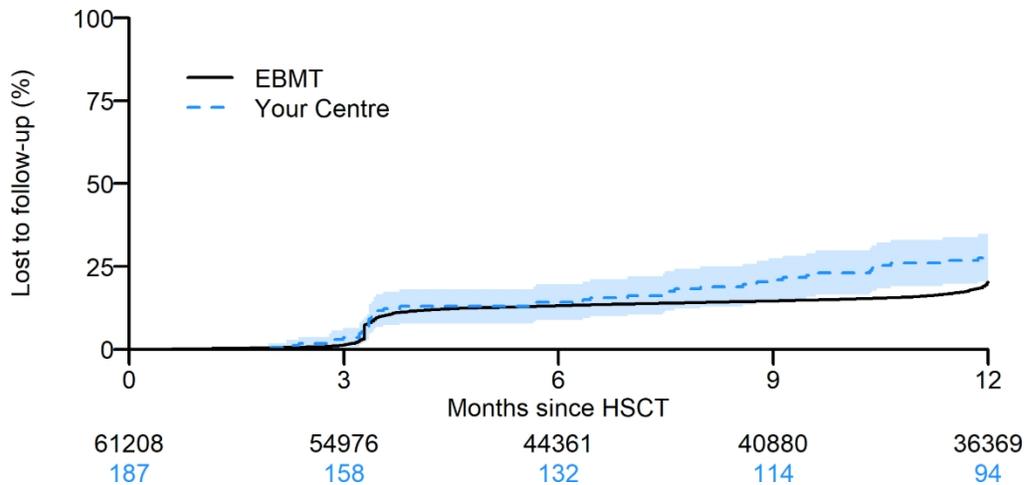


Tabella 9: Follow-up non aggiustato

	N	1 anno % persi al follow-up
EBMT	61208	20% (20-21%)
Il vostro centro	187	28% (20-35%)

Si noti che queste curve non sono state aggiustate per il case-mix. Il grafico a imbuto sottostante è stato aggiustato per il case-mix e mostra il relativo follow-up a un anno. Questo fornisce un confronto equo tra il vostro centro e l'EBMT. Per una spiegazione della metodologia statistica utilizzata, consultare il position paper in Bone Marrow Transplantation più dettagliata (link).

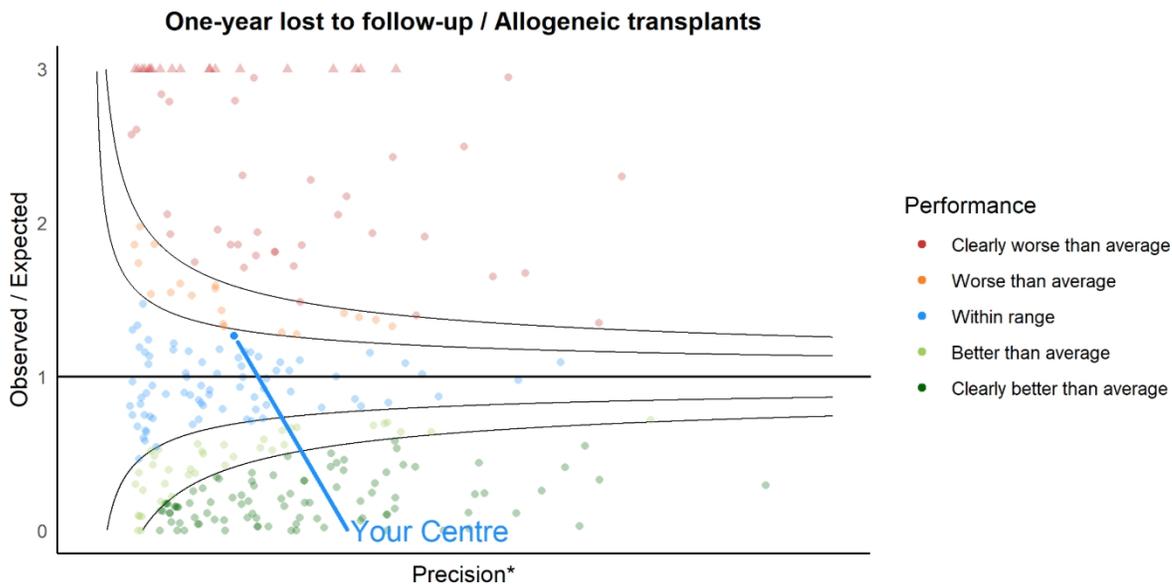


Tabella 10: follow-up aggiustato a 1 anno

Chiaramente peggiore della media della media	Peggior della media	Entro la gamma	Migliore
	Chiaramente migliore della media 53 (19,1%)	19 (6.8%)	77 (27.7%)
	38 (13.7%)		91 (32.7%)

Funnel plot per la perdita di follow-up a 1 anno dopo HSCT, allogenico confrontando la mortalità osservata con quella attesa, aggiustata per la del paziente mortalità specifica e del centro. I risultati sono fortemente influenzati dalla qualità del follow-up nel periodo. La vostra posizione nell'imbuto è all'**interno del raggio d'azione**.

Mentre le del categorie funnel-plot sono relative e tengono conto dell'incertezza delle stime, la qualità del follow-up può anche essere quantificata in termini assoluti. Questa viene calcolata dividendo il tempo totale di follow-up osservato per il tempo di follow-up massimo, cioè il tempo fino alla morte per i pazienti che sono morti entro il primo anno o un anno per i pazienti che sono sopravvissuti al primo anno, per ogni centro totale Clark et al. (Lancet 2002).

Il follow-up a 1 anno è dell'**86%**. La metrica del follow-up a 1 anno sarà utilizzata per selezionare il vostro centro per il benchmarking dei risultati clinici del vostro centro.

Il follow-up è al limite della completezza e parzialmente conforme agli standard JACIE (80-90%). Il centro sarà incluso nel benchmarking con questa limitazione (*AMBER - parzialmente conforme*).

La distribuzione del follow-up nell'intera EBMT nel periodo attualmente oggetto di benchmark è la seguente:

Tabella 11: Follow-up assoluto

	VERDE	AMBRA	ROSSO
TOS allogenico	168 (60.4%)	61 (21.9%)	49 (17.6%)

## Risultati clinici

### Sopravvivenza

Il grafico seguente mostra la curva di sopravvivenza a 1 anno del vostro centro (in blu tratteggiato) insieme a quella di tutti i centri EBMT idonei (VERDE e AMBRA) in nero. Sull'asse delle ascisse è indicato il tempo trascorso dall'HSCT in mesi, sull'asse delle ordinate la percentuale di pazienti ancora vivi. Una curva più ripida indica un tasso di mortalità più elevato. Le aree ombreggiate indicano l'intervallo di confidenza del 95% intorno alle stime corrispondenti.

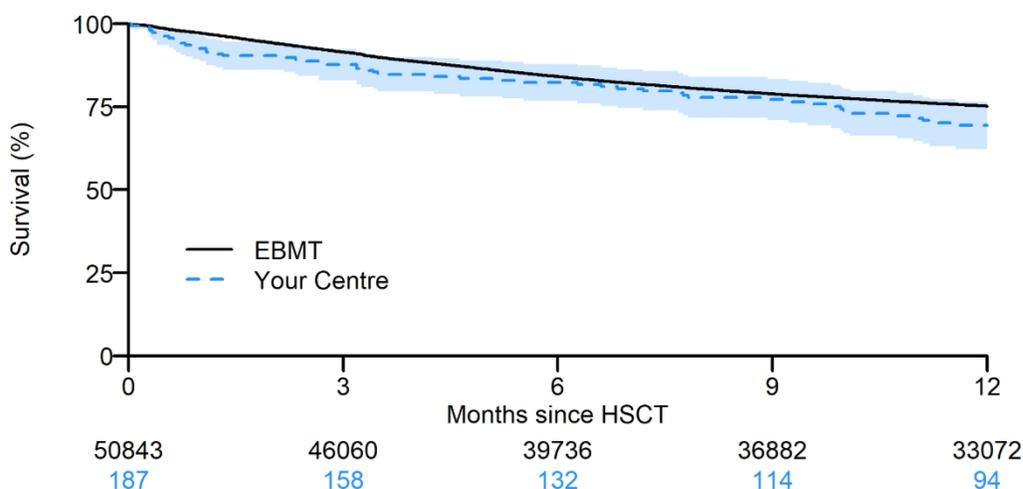


Tabella 12: Sopravvivenza complessiva

	N	1 anno Sopravvivenza
EBMT	50843	75% (75-76%)
Il vostro centro	187	69% (62-77%)

Si noti che queste curve non sono state aggiustate per il case-mix. Il grafico a imbuto sottostante è stato aggiustato per il case-mix e fornisce un confronto equo tra il vostro centro e l'EBMT. Per una spiegazione più dettagliata della metodologia statistica utilizzata, rimanda al position paper in Bone Marrow Transplantation (link).

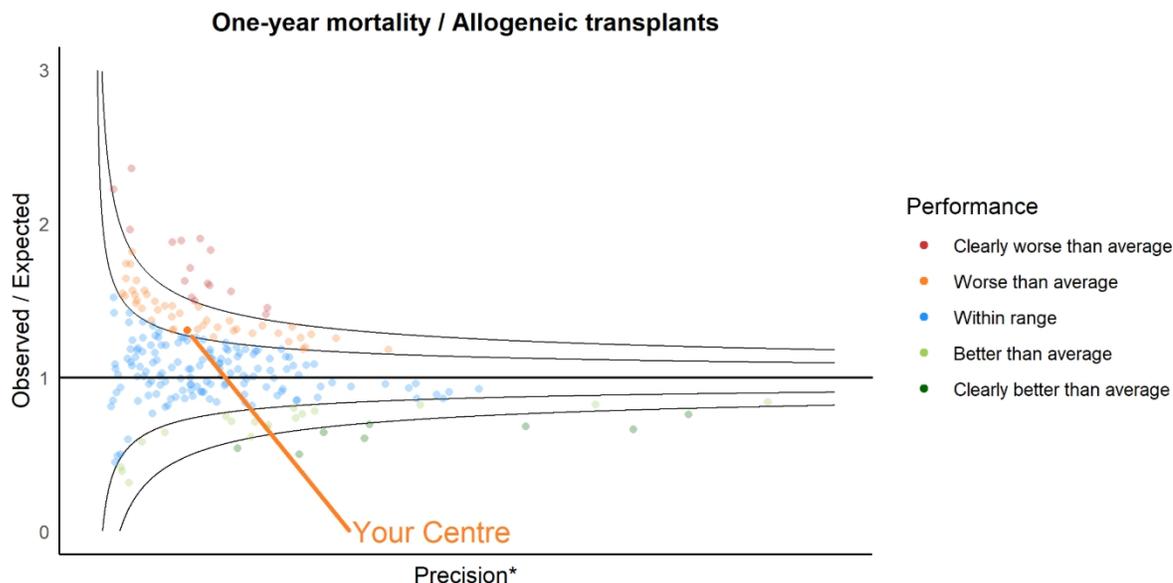


Tabella 13: Mortalità aggiustata a 1 anno

Chiaramente peggiore della media della media	Peggioro della media	Entro la gamma	Migliore
	Chiaramente migliore della media 8 (3.5%)	16 (7%) 44 (19.2%)	143 (62.4%) 18 (7.9%)

Funnel plot per la mortalità a 1 anno in seguito a HSCT allogenico che confronta la mortalità osservata con quella attesa, aggiustata per il case mix e il follow-up del centro. I risultati sono fortemente influenzati dalla qualità del follow-up nel periodo. La vostra posizione nell'imbuto è **peggiore della media**.

### Sopravvivenza libera da progressione

La sopravvivenza libera da progressione è definita come sopravvivenza senza recidiva/progressione, secondo i criteri specifici della malattia. Lo stato e il tempo all'evento di recidiva/progressione sono definiti dai dati inseriti nella voce MED-A *Prima recidiva o progressione dopo HSCT*. La progressione continua non è inclusa come evento in questo endpoint.

Per la PFS, vengono considerate solo le diagnosi maligne. Pertanto, i pazienti trapiantati per i seguenti motivi sono esclusi dal benchmark della PFS:

- Insufficienza del midollo osseo
- Disturbi ereditari
- Disturbi istiocitari
- Malattie autoimmuni
- Emoglobinopatie

Analogamente alla mortalità, la sopravvivenza libera da progressione (PFS) a 1 anno viene valutata, anche solo nei centri con un sufficiente follow-up. Il grafico seguente mostra la curva di sopravvivenza a 1 anno del vostro centro (in blu) tratteggiata insieme a quella di tutti i centri EBMT idonei (VERDE e AMBRA) in nero. Sull'asse delle ascisse è indicato il tempo trascorso dall'HSCT in mesi, sull'asse delle ordinate la percentuale di pazienti ancora vivi. Una curva più ripida indica un tasso di ricaduta/mortalità più elevato. Le aree ombreggiate indicano l'intervallo di intorno alle stime corrispondenti di confidenza del 95%.

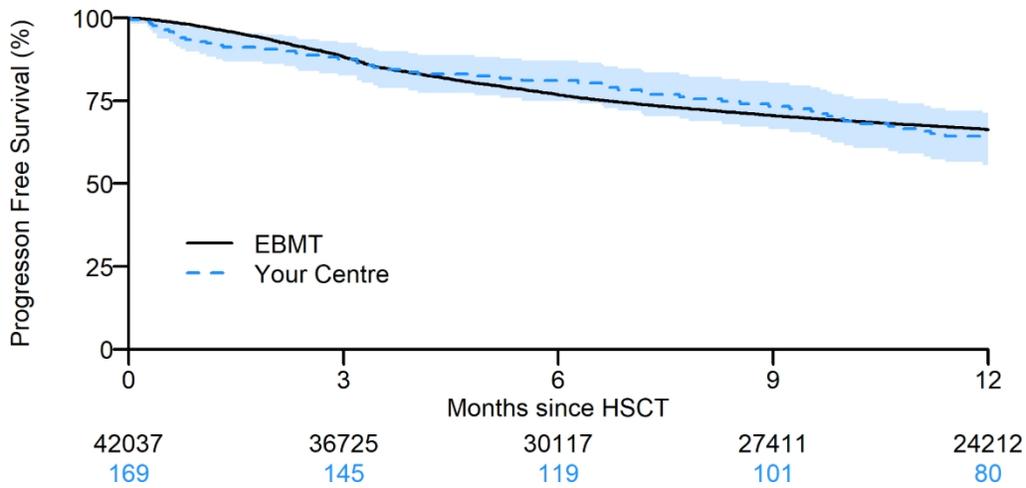


Tabella 14: Sopravvivenza libera da progressione non aggiustata

	N	PFS a 1 anno
EBMT	42037	66% (66-67%)
Il vostro centro	169	63% (56-71%)

Si noti che queste curve non sono state aggiustate per il case-mix. Il grafico a imbuto sottostante è stato aggiustato per il case-mix e fornisce un confronto equo tra il vostro centro e l'EBMT. Per una spiegazione più dettagliata della metodologia statistica utilizzata, rimanda al position paper in Bone Marrow Transplantation (link).

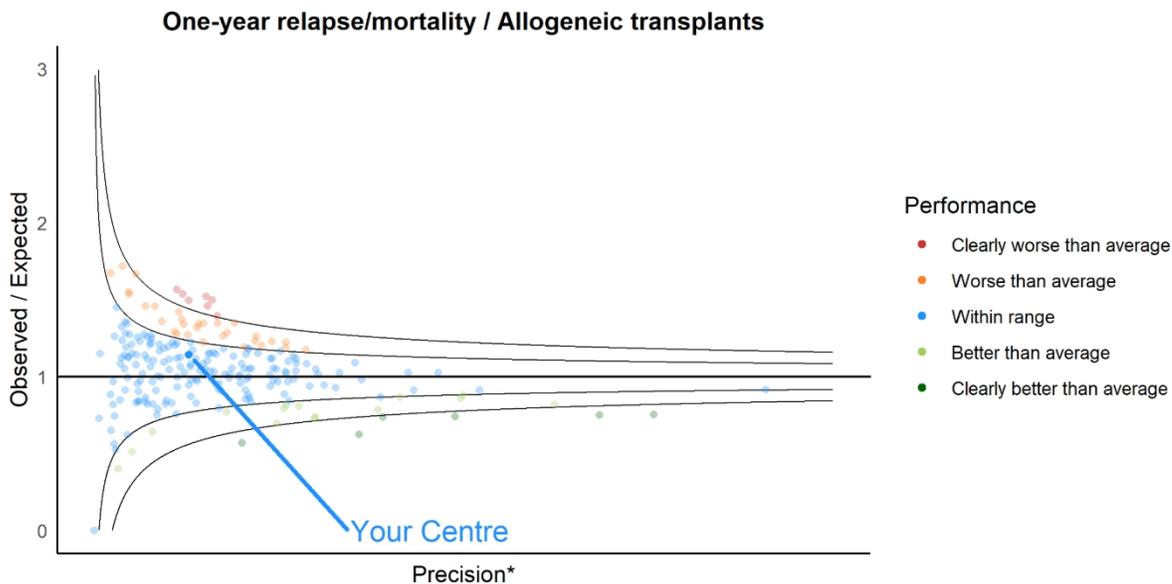


Tabella 15: Ricaduta/mortalità aggiustata a 1 anno

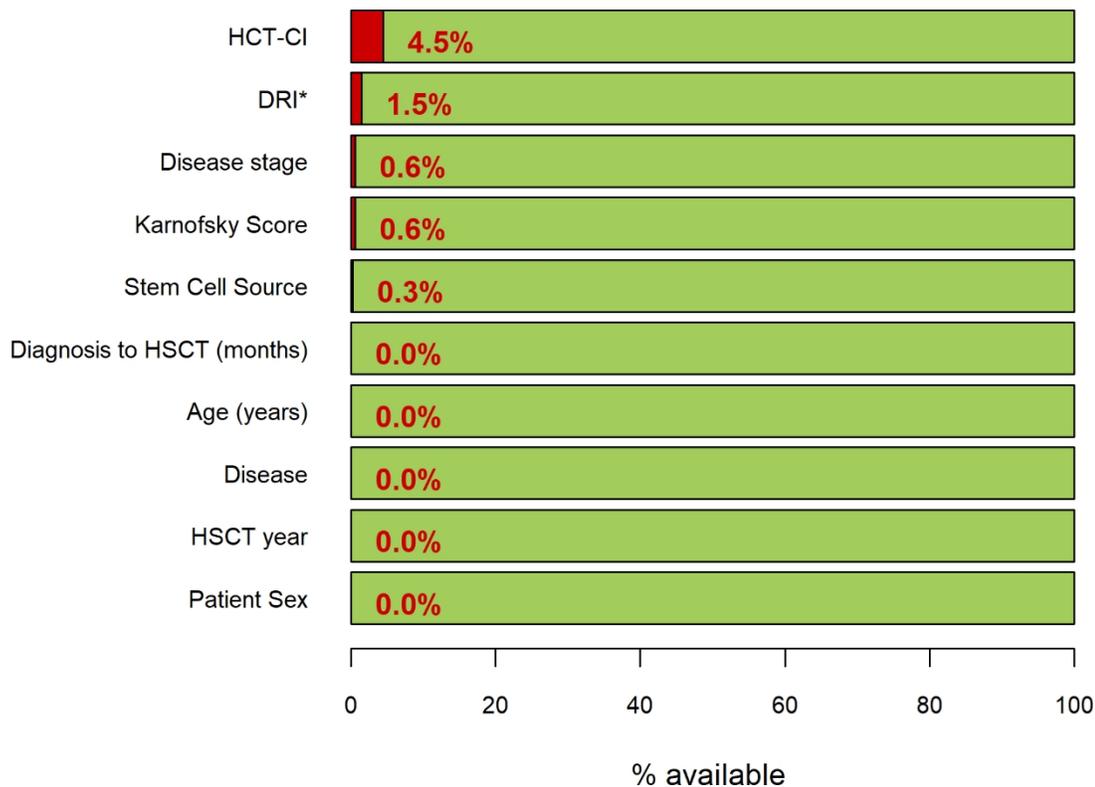
Chiaramente peggiore della media della media	Peggior della media	Entro la gamma	Migliore
	Chiaramente migliore della media 7 (3,1%) 30 (13.2%)	170 (74.6%)	15 (6.6%)
	6 (2.6%)		

Funnel plot per la recidiva/mortalità a 1 anno dopo il trapianto allogenico che confronta la mortalità osservata con quella attesa, aggiustata per il case mix e il follow-up . del centroI risultati sono fortemente influenzati dalla qualità del follow-up nel periodo.  
La vostra posizione nell'imbuto è all'**interno del raggio d'azione**.

## TCS autologa

### Completezza dei dati di base

Questa panoramica mostra la percentuale di dati mancanti per ogni variabile pre-trapianto (basale) inclusa nel benchmarking. I dati mancanti sono rappresentati dalle barre , mentre i rossi dati osservati sono rappresentati dalle barre , verdi con la percentuale di mancanze indicata in rosso. Le variabili sono ordinate in base alla proporzione decrescente di dati mancanti.



\*Il DRI (link) è mancante se per una particolare diagnosi manca . una qualsiasi delle componenti del punteggio richiesteNel benchmarking si presume che il DRI mancante sia intermedio. Questa barra mostra la percentuale di DRI mancante se non si tale ipotesi. La mancanza di singoli componenti del DRI è indicata nella tabella seguente.

La citogenetica è classificata come segue:

- **MDS**: delezione 7, monosomia 7, cariotipo monosomico e cariotipo complesso sono classificati come avversi. Tutte le altre anomalie sono classificate come intermedie.
- **AML**: delezione e/o monosomia 5, 7, 17, t(3;3), t(9;22), t(10;11), t(6;11) e cariotipo monosomico sono classificati come avversi. . t(8;21), inversione 16 e t(15;17) sono classificati come favorevoliTutto il resto è classificato come intermedio.

Tabella 16: Missingness in DRI e HCT-CI

Caratteristiche	Gruppi	EBMT	Il vostro centro
		N (%)	N (%)
DRI	Fase mancante quando necessario	947 (1.5)	2 (0.6)
	Manca la citogenetica, se necessaria	68 (0.1)	0 (0.0)
	Manca la classificazione OMS per il linfoma Dati completi	455 (0.7)	3 (0.9)
HCT-CI	Tutti gli articoli mancanti*	63302 (97.7)	329 (98.5)
	Manca almeno un elemento	5739 (8.9)	15 (4.5)
	Tutte le voci riportate	37422 (57.8)	174 (52.1)
		21611 (33.4)	145 (43.4)

\* Se solo l'obesità è "Si" e tutte le altre voci sono "No" o mancanti, l'obesità è considerata mancante

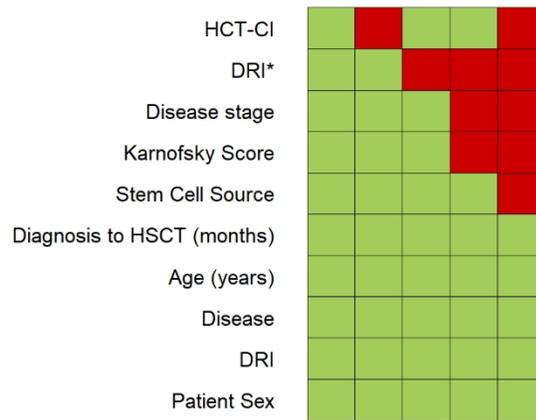
I dati citogenetici e sui marcatori molecolari sono richiesti nei moduli principali anche per malattie diverse da MDS e AML; in particolare per AML, ALL, CML, NHL, MDS, MPN e MM.

Tabella 17: Missingness nei marcatori molecolari e citogenetici

Caratteristiche	Gruppi	EBMT	Il vostro centro
		N (%)	N (%)
<b>Totale</b>			
Marcatori molecolari prima del TCS	Non fatto/mancante	59673 (98.5)	387 (94.4)
	Fatto (almeno 1 marcatore registrato)	793 (1.3)	5 (1.7)
	Fatto (nessun marcatore registrato)	1278 (2.1)	11 (3.8)
Citogenetica prima dell'HSCT	Normale	8364 (14.0)	78 (27.2)
	Anormale (citogenetica registrata)	15917 (26.7)	7 (2.4)
	Anormale (citogenetica mancante)	2970 (5.0)	3 (1.0)
	Non fatto/Fallito	6953 (11.7)	55 (19.2)
	Mancante	25469 (42.7)	144 (50.2)

La figura seguente fornisce una panoramica dei modelli di osservazioni mancanti nel casemix e in altre variabili. I riquadri rossi indicano dati mancanti, mentre quelli verdi indicano che la variabile è osservata. Una riga completamente verde indica che la variabile è completa. Una colonna completamente verde indica che tutti i dati di base dei pazienti del centro sono riportati nel database. Ciò fornisce un'indicazione di quali variabili tendono a mancare insieme e della frequenza con cui tali combinazioni mancano nei pazienti .del vostro centro

## Missingness in your centre | Casemix/other variables



315 (94.3%)  
 14 (4.2%)  
 3 (0.9%)  
 1 (0.3%)  
 1 (0.3%)

Missing in each pattern\*

\*Variables in pattern listed in left margin

## Benchmark del 100° giorno

### Seguito

Il grafico seguente mostra la distribuzione del follow-up del vostro centro (in blu tratteggiato) insieme a quella dell'EBMT nel suo complesso (in solidonero), stimata utilizzando il metodo di Kaplan-Meier inverso (link). Sull'asse delle ascisse è indicato il tempo trascorso dall'HSCT in mesi, sull'asse delle ordinate la percentuale di pazienti ancora in follow-up. Ad ogni punto temporale in cui un paziente viene perso al follow-up, la curva aumenta proporzionalmente al numero di pazienti ancora in follow-up in quel momento. Una curva più ripida indica un tasso più elevato di pazienti persi al follow-up. Le aree ombreggiate indicano l'intervallo di confidenza del 95% intorno alle stime. Se il vostro centro non è mostrato nella figura, la vostra percentuale di pazienti persi al follow-up nel periodo di tempo è pari allo 0%.

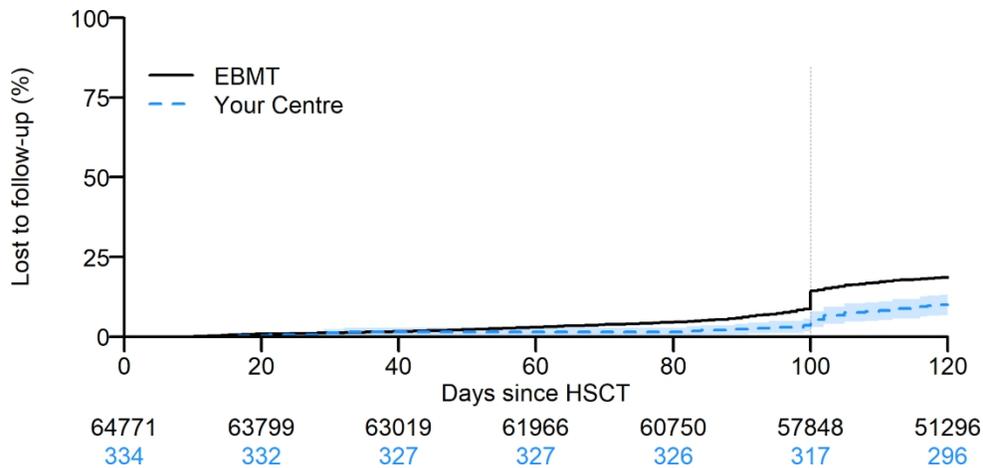


Tabella 18: Follow-up non aggiustato

	N	Giorno 100 % perso al follow-up
EBMT	64771	14% (14-15%)
Il vostro centro	334	5% (3-8%)

Si noti che queste curve non sono state aggiustate per il case-mix. Il grafico a imbuto sottostante è stato aggiustato per il case-mix e mostra il relativo follow-up a un anno. Questo fornisce un confronto equo tra il vostro centro e l'EBMT. Per una spiegazione della metodologia statistica utilizzata, consultare il position paper in Bone Marrow Transplantation più dettagliata (link).

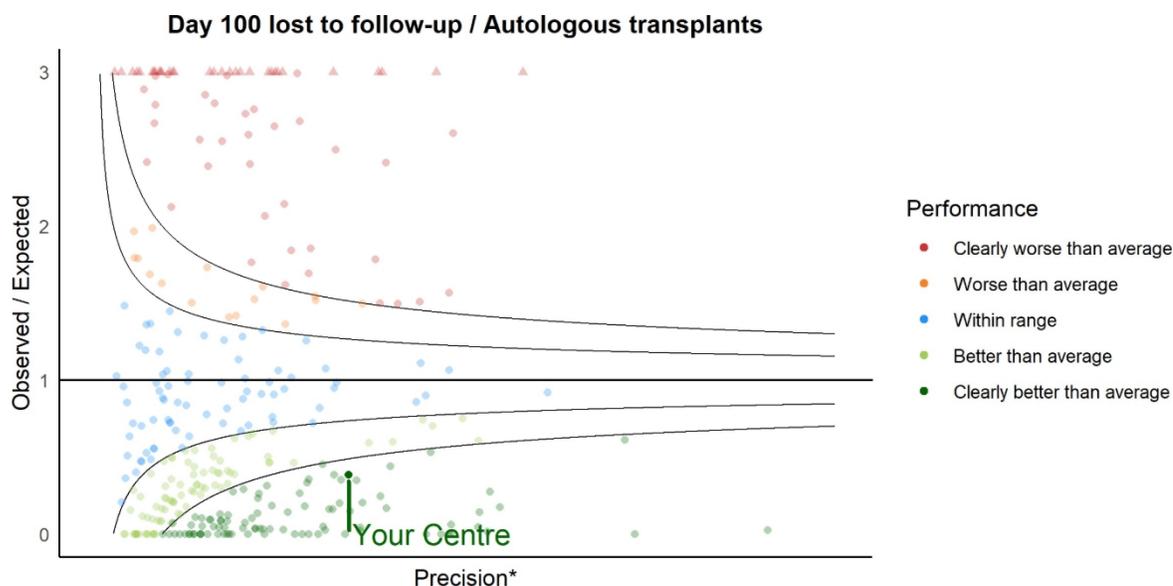


Tabella 19: follow-up aggiustato al giorno 100

Chiaramente peggiore della media della media	Peggior della media	Entro la gamma	Migliore
	Chiaramente migliore della media 66 (19,8%)	16 (4.8%)	75 (22.5%)
	85 (25.4%)		92 (27.5%)

Funnel plot per il giorno 100 perso al follow-up dopo un TCS autologo, confrontando la mortalità osservata con quella attesa, aggiustata per la del paziente mortalità . specifica e del centroI risultati sono fortemente influenzati dalla qualità del follow-up nel periodo.

La vostra posizione nell'imbuto è **chiaramente migliore della media**.

Mentre le del categorie funnel-plot sono relative e tengono conto dell'incertezza delle stime, la qualità del follow-up può anche essere quantificata in termini . assolutiQuesta viene calcolata dividendo il tempo totale di follow-up osservato per il tempo di follow-up massimo, cioè il tempo fino alla morte per i pazienti che sono morti entro il primo anno o un anno per i pazienti che sono sopravvissuti al primo anno, per ogni centro totale Clark et al. (Lancet 2002).

Il vostro follow-up al giorno 100 è del **99%**. Questa metrica sarà utilizzata per selezionare il vostro centro per il benchmarking dei clinici a 100 giornirisultati .

Il follow-up soddisfa gli standard JACIE pertinenti (>90%) e può essere comodamente incluso nel benchmarking (*VERDE - conforme*).

La distribuzione del follow-up nell'intera EBMT nel periodo attualmente oggetto di benchmark è la seguente:

Tabella 20: Follow-up assoluto

	VERDE	AMBRA	ROSSO
TOS autologa	314 (94%)	14 (4.2%)	6 (1.8%)

## Risultati clinici

**Sopravvivenza** Il grafico seguente mostra la curva di sopravvivenza al giorno 100 del vostro centro (in blu tratteggiato) insieme a quella di tutti i EBMT idonei centri (VERDE e AMBRA) in nero. Sull'asse delle ascisse è indicato il tempo trascorso dall'HSCT in mesi, sull'asse delle ordinate la percentuale di pazienti ancora vivi. Una curva più ripida indica un tasso di mortalità più elevato. Le aree ombreggiate indicano l'intervallo di confidenza del 95% intorno alle stime corrispondenti.

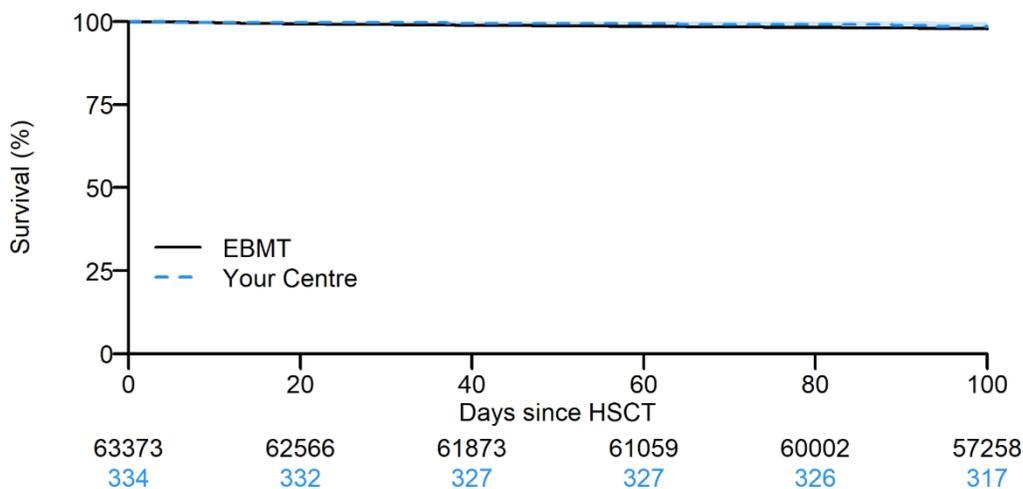


Tabella 21: sopravvivenza globale non aggiustata

	N	Sopravvivenza al 100° giorno
EBMT	63373	98% (98-98%)
Il vostro centro	334	98% (97-100%)

Si noti che queste curve non sono state aggiustate per il case-mix. Il grafico a imbuto sottostante è stato aggiustato per il case-mix e fornisce un confronto equo tra il vostro centro e l'EBMT. Per una spiegazione più dettagliata della metodologia statistica utilizzata, rimanda al position paper in Bone Marrow Transplantation ([link](#)).

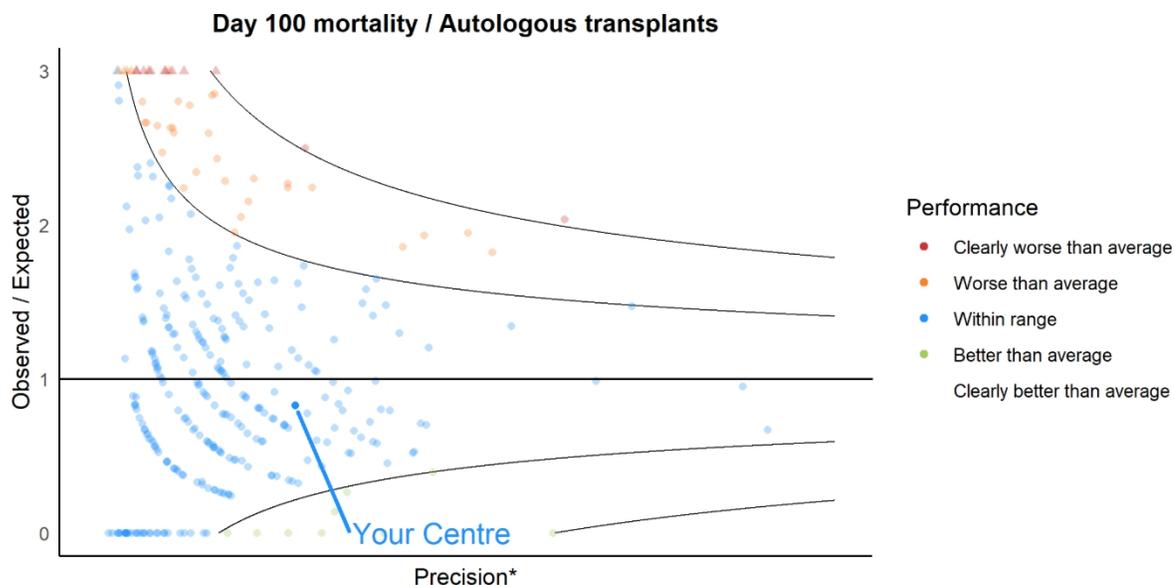


Tabella 22: Mortalità aggiustata al giorno 100

Chiaramente peggiore della media della media (83.5%)	Peggioro della media	Entro la gamma	Migliore
	Chiaramente migliore della media 12 (3,7%)	33 (10.1%)	274
9 (2.7%)	0 (0%)		

Funnel plot per la mortalità a 100 giorni in seguito a TCS autologo che confronta la mortalità osservata con quella attesa, aggiustata per il case mix e il follow-up del centro. I risultati sono fortemente influenzati dalla qualità del follow-up nel periodo. La vostra posizione nell'imbuto è all'**interno del raggio d'azione**.

## 1-anno Benchmark

### Seguito

Il grafico seguente mostra la distribuzione del follow-up del vostro centro (in blu tratteggiato) insieme a quella dell'EBMT nel suo complesso (in solidonero), stimata utilizzando il metodo di Kaplan-Meier inverso (link). Sull'asse delle ascisse è indicato il tempo trascorso dall'HSCT in mesi, sull'asse delle ordinate la percentuale di pazienti ancora in follow-up. Ad ogni punto temporale in cui un paziente viene perso al follow-up, la curva aumenta proporzionalmente al numero di pazienti ancora in follow-up in quel momento. Una curva più ripida indica un tasso più elevato di pazienti persi al follow-up. Le aree ombreggiate indicano l'intervallo di confidenza del 95% intorno alle stime corrispondenti.

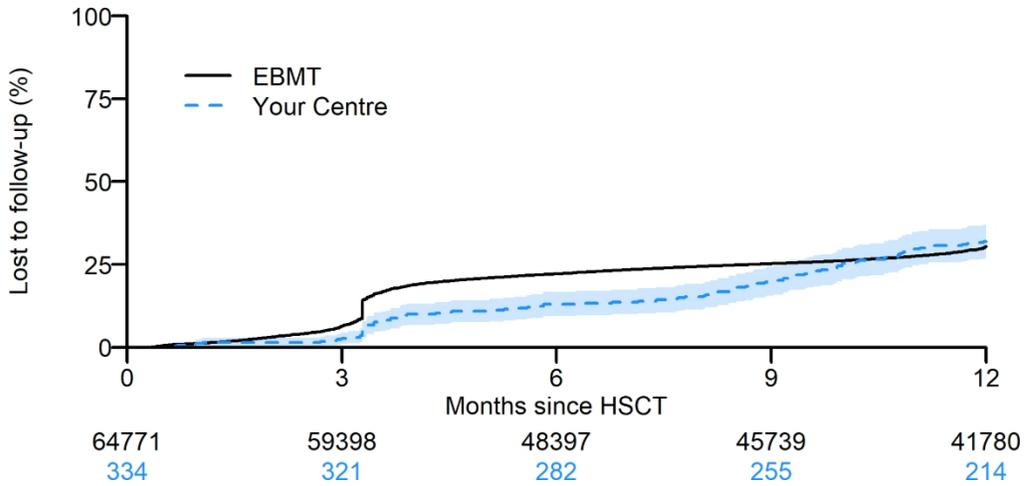


Tabella 23: Follow-up non aggiustato

	N	1 anno % persi al follow-up
EBMT	64771	30% (30-31%)
Il vostro centro	334	32% (27-37%)

Si noti che queste curve non sono state aggiustate per il case-mix. Il grafico a imbuto sottostante è stato aggiustato per il case-mix e mostra il relativo follow-up a un anno. Questo fornisce un confronto equo tra il vostro centro e l'EBMT. Per una spiegazione della metodologia statistica utilizzata, consultare il position paper in Bone Marrow Transplantation più dettagliata (link).

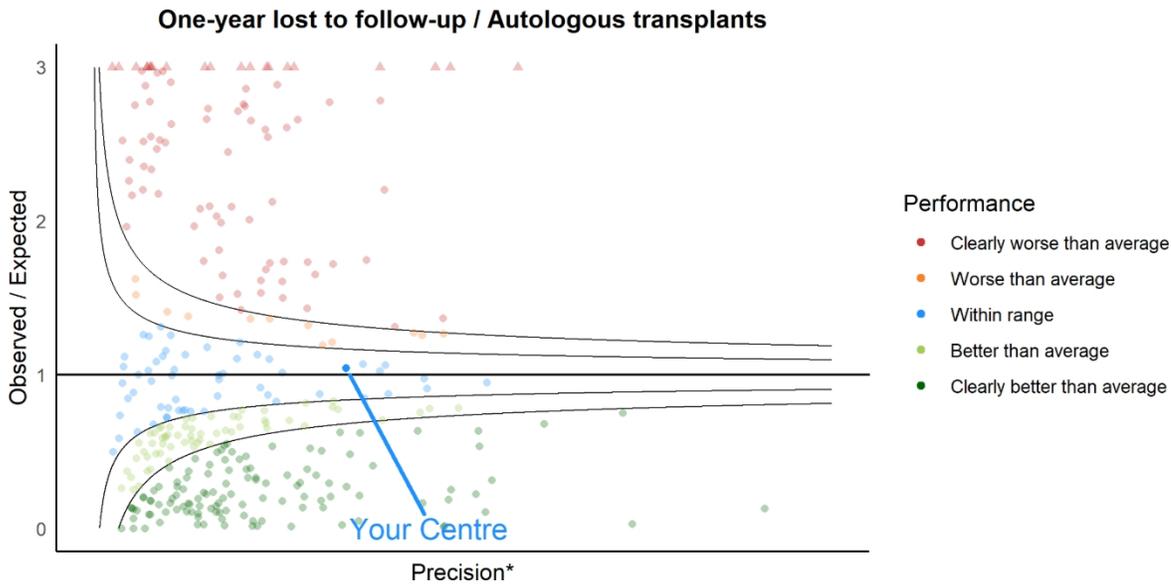


Tabella 24: follow-up aggiustato a 1 anno

Chiaramente peggiore della media della media	Peggior della media	Entro la gamma	Migliore
	Chiaramente migliore della media 87 (26%)	12 (3.6%)	56 (16.8%)
	61 (18.3%)		118 (35.3%)

Funnel plot per la perdita di follow-up a 1 anno dopo HSCT, allogenicoconfrontando la mortalità osservata con quella attesa, aggiustata per la del paziente mortalità . specifica e del centroI risultati sono fortemente influenzati dalla qualità del follow-up nel periodo. La vostra posizione nell'imbuto è all'**interno del raggio d'azione**.

Mentre le del categorie funnel-plot sono relative e tengono conto dell'incertezza delle stime, la qualità del follow-up può anche essere quantificata in termini . assolutiQuesta viene calcolata dividendo il tempo totale di follow-up osservato per il tempo di follow-up massimo, cioè il tempo fino alla morte per i pazienti che sono morti entro il primo anno o un anno per i pazienti che sono sopravvissuti al primo anno, per ogni centro totale Clark et al. (Lancet 2002).

Il follow-up a 1 anno è dell'**87%**. La metrica del follow-up a 1 anno sarà utilizzata per selezionare il vostro centro per il benchmarking dei risultati clinici a 1 anno.

Il follow-up è al limite della completezza e parzialmente conforme agli standard JACIE (80-90%). Il centro sarà incluso nel benchmarking con questa limitazione (*AMBER - parzialmente conforme*).

La distribuzione del follow-up nell'intera EBMT nel periodo attualmente oggetto di benchmark è la seguente:

Tabella 25: Follow-up assoluto

	VERDE	AMBRA	ROSSO TOS
autologa	164 (49.1%)	68 (20.4%)	102 (30.5%)

## Risultati clinici

### Sopravvivenza

Il grafico seguente mostra la curva di sopravvivenza a 1 anno del vostro centro (in blu tratteggiato) insieme a quella di tutti i centri EBMT idonei (VERDE e AMBRA) in nero. Sull'asse delle ascisse è indicato il tempo trascorso dall'HSCT in mesi, sull'asse delle ordinate la percentuale di pazienti ancora vivi. Una curva più ripida indica un tasso di . mortalità più elevatoLe aree ombreggiate indicano l'intervallo di confidenza del 95% intorno alle stime corrispondenti.

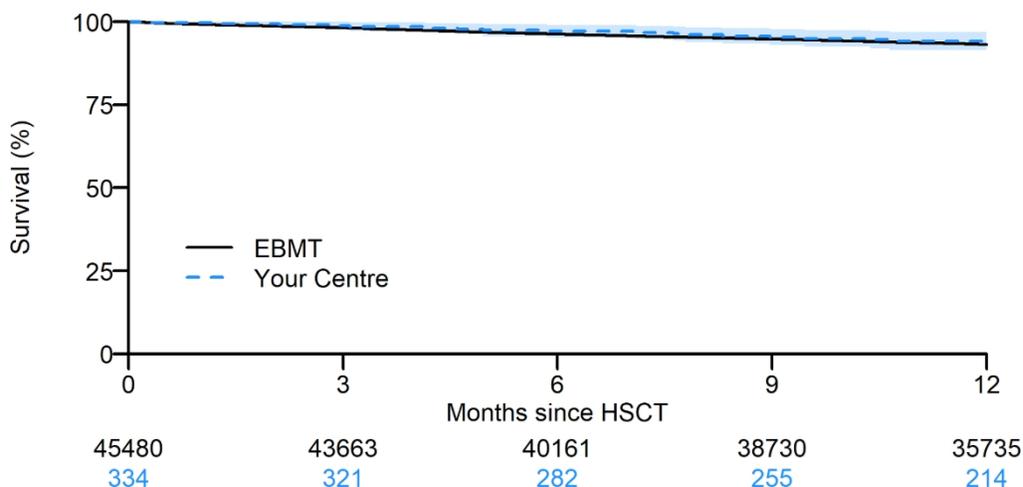


Tabella 26: Sopravvivenza globale non aggiustata

	N	Sopravvivenza a 1 anno
EBMT	45480	93% (93-93%)
Il vostro centro	334	94% (91-97%)

Si noti che queste curve non sono state aggiustate per il case-mix. Il grafico a imbuto sottostante è stato aggiustato per il case-mix e fornisce un confronto equo tra il vostro centro e l'EBMT. Per una spiegazione più dettagliata della metodologia statistica utilizzata, rimanda al position paper in Bone Marrow Transplantation (link).

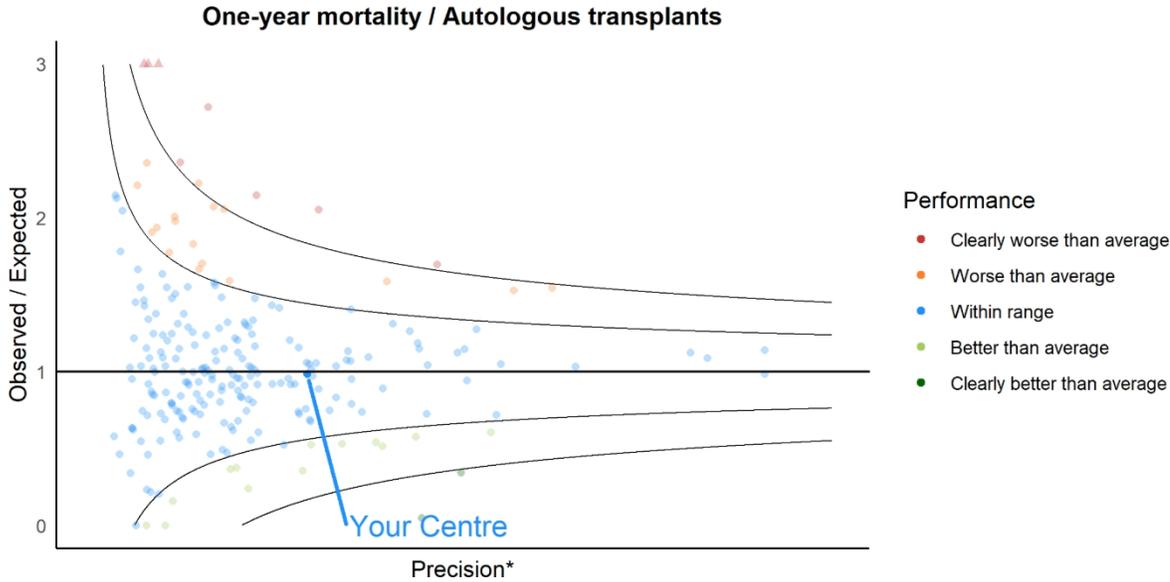


Tabella 27: Mortalità aggiustata a 1 anno

Chiaramente peggiore della media della media	Peggior della media	Entro la gamma	Migliore
	Chiaramente migliore della media 8 (3,4%)	192 (82.8%)	13 (5.6%)
	2 (0.9%)		

Funnel plot per la mortalità a 1 anno in seguito a TCS autologo che confronta la mortalità osservata con quella attesa, aggiustata per il case mix e il follow-up del centro. I risultati sono fortemente influenzati dalla qualità del follow-up nel periodo. La vostra posizione nell'imbuto è all'interno del raggio d'azione.

### Sopravvivenza libera da progressione

La sopravvivenza libera da progressione è definita come sopravvivenza senza recidiva/progressione, secondo i criteri specifici della malattia. Lo stato e il tempo all'evento di recidiva/progressione sono definiti dai dati inseriti nella voce MED-A *Prima recidiva o progressione dopo HSCT*. La progressione continua non è inclusa come evento in questo endpoint.

Come per la mortalità, la a 1 anno anche PFS viene valutata solo nei centri con un sufficiente follow-up. Il grafico seguente mostra la curva di sopravvivenza a 1 anno del vostro centro (in blu) trattergiato insieme a quella di tutti i centri EBMT idonei (VERDE e AMBRA) in nero. Sull'asse delle ascisse è indicato il tempo trascorso dall'HSCT in mesi, sull'asse delle ordinate la percentuale di pazienti ancora vivi. Una curva più ripida indica un tasso di ricaduta/mortalità più elevato. Le aree ombreggiate indicano l'intervallo di confidenza del 95% intorno alle stime corrispondenti.

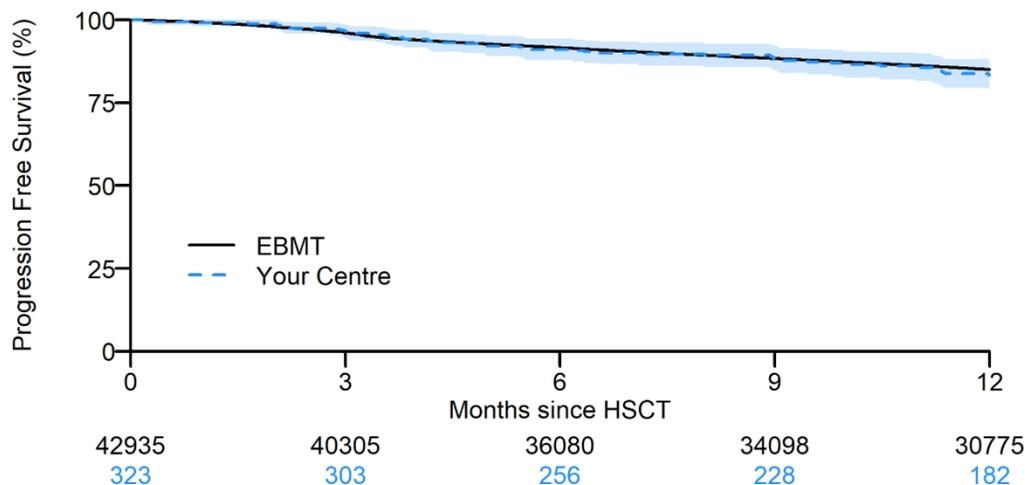


Tabella 28: Sopravvivenza libera da progressione non aggiustata

	N	PFS a 1 anno
EBMT	42935	85% (85-85%)
Il vostro centro	323	83% (79-88%)

Si noti che queste curve non sono state aggiustate per il case-mix. Il grafico a imbuto sottostante è stato aggiustato per il case-mix e fornisce un confronto equo tra il vostro centro e l'EBMT. Per una spiegazione più dettagliata della metodologia statistica utilizzata, rimanda al position paper in Bone Marrow Transplantation (link).

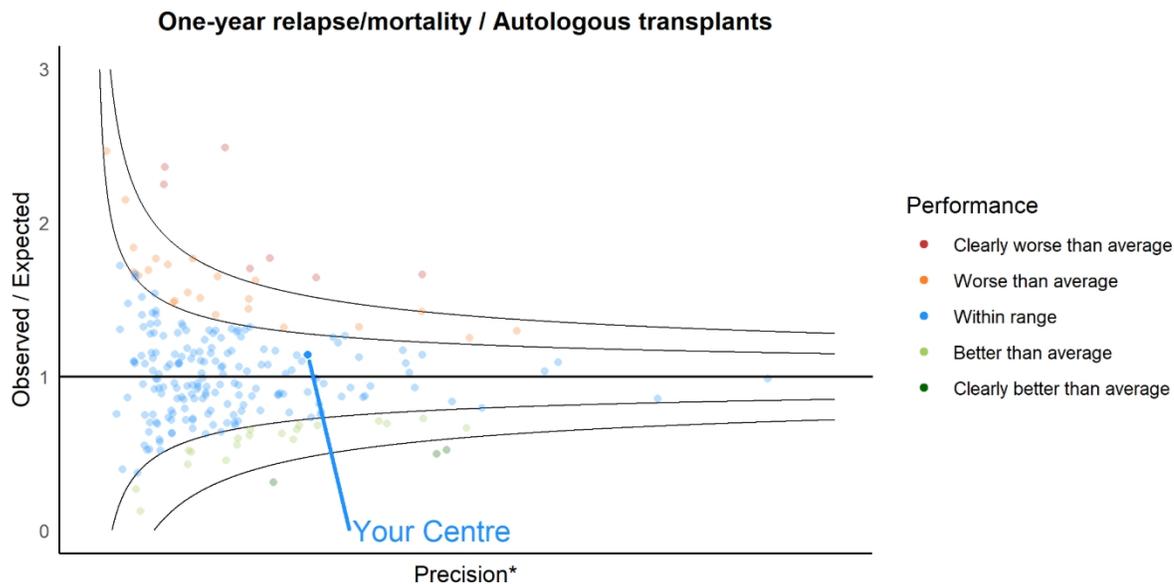


Tabella 29: Ricaduta/mortalità aggiustata a 1 anno

Chiaramente peggiore della media della media	Peggior della media	Entro la gamma	Migliore
	Chiaramente migliore della media 7 (3%)	180 (77.6%)	19 (8.2%)
	23 (9.9%)		
	3 (1.3%)		

Funnel plot per la recidiva/mortalità a 1 anno in seguito a TCS autologo che confronta la mortalità osservata con quella attesa, aggiustata per il case mix e il follow-up . del centroI risultati sono fortemente influenzati dalla qualità del follow-up nel periodo. La vostra posizione nell'imbuto è all'**interno del raggio d'azione**.

## Feedback

Vi preghiamo di compilare il **modulo di feedback** (link) con le vostre opinioni e i vostri suggerimenti per aiutare l'EBMT a migliorare continuamente la metodologia di valutazione e i contenuti dei rapporti.

## Allegato: Dati di base dettagliati sul TCS

Tabella 30: Panoramica sul TCS

		2018	2019	2020	2021	2022
TOS allogenico	Pediatrico	1	1	1	1	0
	Adulti	23	30	29	51	50
TCS autologa	Adulti	43	60	65	88	78

Di seguito .sono le riportatecaratteristiche di base specifiche dei pazienti trapiantati nel vostro centro in questo periodo

## TOS allogeneico

Tabella 31: Variabili del Casemix

Variabili del Casemix	Gruppi	EBMT		Il vostro centro	
		N (%)	Mancanti	N (%)	Mancanti*
Totale		61208 (100.0)		187 (100.0)	
Punteggio Karnofsky	Totale	56591 (92.5)	4617 (7.5)	187 (100.0)	0 (0.0)
	90-100	41452 (73.2)		155 (82.9)	
	80	11796 (20.8)		29 (15.5)	
	<80	3343 (5.9)		3 (1.6)	
Precedente HSCT autologo	No	56741 (92.7)		161 (86.1)	
	Si	4467 (7.3)		26 (13.9)	
Sierostatus CMV del paziente	Totale	60385 (98.7)	823 (1.3)	186 (99.5)	1 (0.5)
	Negativo	19678 (32.6)		21 (11.3)	
	Positivo	40707 (67.4)		165 (88.7)	
HCT-CI	Totale	57588 (94.1)	3620 (5.9)	179 (95.7)	8 (4.3)
	Basso	31130 (54.1)		108 (60.3)	
	Intermedio	13238 (23.0)		53 (29.6)	
	Alto	13220 (23.0)		18 (10.1)	
Anno HSCT	2018	12487 (20.4)		24 (12.8)	
	2019	12840 (21.0)		31 (16.6)	
	2020	12062 (19.7)		30 (16.0)	
	2021	12461 (20.4)		52 (27.8)	
	2022	11358 (18.6)		50 (26.7)	
Età del donatore (anni)	Totale	52840 (86.3)	8368 (13.7)	186 (99.5)	1 (0.5)
	Mediana (Q1-Q3)	31.7 (24.0-43.0)		38.5 (29.0-52.0)	
Tipo di donatore	Totale	60678 (99.1)	530 (0.9)	187 (100.0)	0 (0.0)
	Abbinato Correlato	12510 (20.6)		52 (27.8)	
	Abbinato Non correlato	21875 (36.1)		47 (25.1)	
	Correlato disadattato	9647 (15.9)		58 (31.0)	
	Disadattato Non correlato	6985 (11.5)		30 (16.0)	
	Correlato (HLA sconosciuto) Non correlato (HLA sconosciuto)	4974 (8.2)		0 (0.0)	
		4687 (7.7)		0 (0.0)	
DR11	Basso	10108 (16.5)		12 (6.4)	
	Intermedio	37047 (60.5)		149 (79.7)	
	Alto	11729 (19.2)		24 (12.8)	
	Molto alto Mediana (Q1-Q3)	2324 (3.8)		2 (1.1)	
Diagnosi a HSCT (mesi)		8.0 (4.9-21.6)		9.6 (6.3-19.6)	
Corrispondenza di sesso	Totale	59704 (97.5)	1504 (2.5)	187 (100.0)	0 (0.0)
	ricevente Donna - donatore Donna	9859 (16.5)		27 (14.4)	
	ricevente Donna - donatore Uomo	14708 (24.6)		50 (26.7)	
	ricevente Maschio - donatore	10775 (18.0)		39 (20.9)	
	Femmina ricevente Maschio - donatore Maschio	24362 (40.8)		71 (38.0)	
Stadio della malattia (AL)2	Non ALL o AML	28061 (45.8)		65 (34.8)	
	ALL o AML, non in RC	5665 (9.3)		11 (5.9)	
	ALL o AML, CR1	20996 (34.3)		98 (52.4)	
	ALL o AML, CR>1	6081 (9.9)		13 (7.0)	
	ALL o AML, CR (non specificato)	405 (0.7)		0 (0.0)	
Età del paziente (anni)	Mediana (Q1-Q3)	51.0 (28.0-62.0)		53.0 (43.0-60.0)	

Indice di rischio di malattia (Armand et al., 2014). Il DRI dei pazienti con stadio di malattia mancante o citogenetica mancante per AML/MDS è impostato su Intermedio.

<sup>2</sup> Lo stadio mancante e l'AML/ALL "non in RC" sono classificati come "non in RC". Informazioni più dettagliate sullo stadio di malattia sono disponibili nelle tabelle degli stadi di malattia riportate di seguito.

\* Per le variabili con più del 5% di dati mancanti: Verde= Più del 20% di miglioramento rispetto all'EBMT; Rosso= Più del 20% di peggioramento rispetto all'EBMT.

Tabella 32: Altre variabili

Altre variabili	Gruppi	EBMT		Il vostro centro	
		N (%)	Mancanti	N (%)	
	Mancante* Totale		61208 (100.0)		187
Diagnosi	AML	24590 (40.2)		89 (47.6)	
	TUTTI	8557 (14.0)		33 (17.6)	
	MDS	6931 (11.3)		19 (10.2)	
	MPN	5169 (8.4)		14 (7.5)	
	CML	1187 (1.9)		2 (1.1)	
	CLL	792 (1.3)		3 (1.6)	
	Mieloma multiplo	1111 (1.8)		2 (1.1)	
	Linfoma	5647 (9.2)		24 (12.8)	
	Altro <sup>1</sup>	7224 (11.8)		1 (0.5)	
Fonte di cellule staminali	Totale	60588 (99.0)	620 (1.0)	187 (100.0)	0 (0.0)
	Sangue periferico	49779 (82.2)		176 (94.1)	
	Midollo osseo	9501 (15.7)		11 (5.9)	
	Sangue	1156 (1.9)		0 (0.0)	
	Altro	152 (0.3)		0 (0.0)	
Sesso del paziente	cordonale	61132 (99.9)	76 (0.1)	187 (100.0)	0 (0.0)
	Totale				
	Donna	25159 (41.2)		77 (41.2)	
	Uomo	35973 (58.8)		110 (58.8)	

<sup>1</sup> Altro include insufficienza midollare, disturbi ereditari, emoglobinopatie, disturbi istiocitari, malattie autoimmuni.

\* Per le variabili con più del 5% di dati mancanti: Verde= Più del 20% di miglioramento rispetto all'EBMT; Rosso = Più del 20% di peggioramento rispetto all'EBMT.

Tabella 33: Tutte le diagnosi

Gruppi	EBMT		Il vostro centro	
	N (%)	Mancante	N (%)	Mancante*
Totale	60315 (98.5)	893 (1.5)	186 (99.5)	1 (0.5)
CR1	23309 (39.0)	592 (1)	102 (55.1)	1 (0.5)
CR2	5693 (9.5)		11 (5.9)	
CR $\geq$ 3	606 (1.0)		2 (1.1)	
CR (non specificato)	3862 (6.5)		15 (8.1)	
CP1	463 (0.8)		1 (0.5)	
CP2	199 (0.3)		0 (0.0)	
CP $\geq$ 3	41 (0.1)		0 (0.0)	
CP (non specificato)	78 (0.1)		0 (0.0)	
AP	134 (0.2)		0 (0.0)	
BC	242 (0.4)		1 (0.5)	
SD	902 (1.5)		3 (1.6)	
PR1	134 (0.2)		1 (0.5)	
VGPR	369 (0.6)		0 (0.0)	
nPR o $\geq$ PR2	2359 (3.9)		9 (4.9)	
Miglioramento/MR	2276 (3.8)		14 (7.6)	
Refrattario primario	3640 (6.1)		1 (0.5)	
La ricaduta	1849 (3.1)		5 (2.7)	
Progressione	1774 (3.0)		2 (1.1)	
Non trattato	3378 (5.7)		5 (2.7)	
nessun CR	155 (0.3)		0 (0.0)	
Altro	1036 (1.7)		12 (6.5)	
Non richiesto	7224 (12.1)		1 (0.5)	

\* Per le variabili con più del 5% di dati mancanti: Verde = Più del 20% di miglioramento rispetto all'EBMT; Rosso = Più del 20% di peggioramento rispetto all'EBMT. La mancanza è separata da missing (1a riga) e registrata come non valutata/non applicabile, mentre è richiesta nel modulo (2a riga).

Tabella 34: AML

Gruppi	EBMT		Il vostro centro	
	N (%)	Mancante	N (%)	Mancante
Totale	24353 (99.0)	237 (1.0)	88 (98.9)	1 (1.1)
CR1	16104 (66.6)	180 (0.7)	68 (78.2)	1 (1.1)
CR2	3225 (13.3)		9 (10.3)	
CR $\geq$ 3	179 (0.7)		2 (2.3)	
CR (non specificato)	282 (1.2)		0 (0.0)	
SD	45 (0.2)		0 (0.0)	
PR1	24 (0.1)		0 (0.0)	
VGPR	11 (0.0)		0 (0.0)	
nPR o $\geq$ PR2	153 (0.6)		0 (0.0)	
Miglioramento/MR	64 (0.3)		0 (0.0)	
Refrattario primario	2014 (8.3)		1 (1.1)	
La ricaduta	1328 (5.5)		2 (2.3)	
Progressione	102 (0.4)		0 (0.0)	
Non trattato	55 (0.2)		0 (0.0)	
nessun CR	48 (0.2)		0 (0.0)	
Altro	539 (2.2)		5 (5.7)	

\* Per le variabili con più del 5% di dati mancanti: Verde= Più del 20% di miglioramento rispetto all'EBMT; Rosso = Più del 20% di peggioramento rispetto all'EBMT. La mancanza è separata da missing (1a riga) e registrata come non valutata/non applicabile, mentre è richiesta nel modulo (2a riga).

Tabella 35: TUTTI

Gruppi	EBMT		Il vostro centro	
	N (%)	Mancante	N (%)	Mancante*
Totale	8419 (98.4)	138 (1.6)	33 (100.0)	0 (0.0)
CR1	4892 (58.3)	31 (0.4)	30 (90.9)	0 (0)
CR2	2294 (27.3)		2 (6.1)	
CR $\geq$ 3	383 (4.6)		0 (0.0)	
CR (non specificato)	123 (1.5)		0 (0.0)	
SD	4 (0.0)		0 (0.0)	
PR1	5 (0.1)		0 (0.0)	
VGPR	4 (0.0)		0 (0.0)	
nPR o $\geq$ PR2	34 (0.4)		0 (0.0)	
Miglioramento/MR	5 (0.1)		0 (0.0)	
Refrattario primario	200 (2.4)		0 (0.0)	
La ricaduta	337 (4.0)		1 (3.0)	
Progressione	3 (0.0)		0 (0.0)	
nessun CR	8 (0.1)		0 (0.0)	
Altro	96 (1.1)		0 (0.0)	

\* Per le variabili con più del 5% di dati mancanti: Verde= Più del 20% di miglioramento rispetto all'EBMT; Rosso = Più del 20% di peggioramento rispetto all'EBMT. La mancanza è separata da missing (1a riga) e registrata come non valutata/non applicabile, mentre è richiesta nel modulo (2a riga).

Tabella 36: MDS

Gruppi	EBMT		Il vostro centro	
	N (%)	Mancante	N (%)	Mancante*
Totale	6763 (97.6)	168 (2.4)	19 (100.0)	0 (0.0)
CR1	1628 (24.5)	128 (1.8)	4 (21.1)	0 (0)
CR2	44 (0.7)		0 (0.0)	
CR $\geq$ 3	5 (0.1)		0 (0.0)	
CR (non specificato)	39 (0.6)		0 (0.0)	
SD	214 (3.2)		0 (0.0)	
PR1	18 (0.3)		0 (0.0)	
VGPR	2 (0.0)		0 (0.0)	
nPR o $\geq$ PR2	63 (0.9)		1 (5.3)	
Miglioramento/MR	1151 (17.3)		10 (52.6)	
Refrattario primario	671 (10.1)		0 (0.0)	
La ricaduta	52 (0.8)		0 (0.0)	
Progressione	413 (6.2)		0 (0.0)	
Non trattato	2121 (32.0)		3 (15.8)	
nessun CR	24 (0.4)		0 (0.0)	
Altro	190 (2.9)		1 (5.3)	

\* Per le variabili con più del 5% di dati mancanti: Verde= Più del 20% di miglioramento rispetto all'EBMT; Rosso = Più del 20% di peggioramento rispetto all'EBMT. La mancanza è separata da missing (1a riga) e registrata come non valutata/non applicabile, mentre è richiesta nel modulo (2a riga).

Tabella 37: CML

Gruppi	EBMT		Il vostro centro	
	N (%)	Mancante	N (%)	Mancante
Totale	1156 (97.4)	31 (2.6)	2 (100.0)	0 (0.0)
CP1	463 (40.1)		1 (50.0)	
CP2	199 (17.2)		0 (0.0)	
CP $\geq$ 3	41 (3.5)		0 (0.0)	
CP (non specificato)	61 (5.3)		0 (0.0)	
AP	123 (10.6)		0 (0.0)	
BC	233 (20.2)		1 (50.0)	
Altro	36 (3.1)		0 (0.0)	

\* Per le variabili con più del 5% di dati mancanti: Verde= Più del 20% di miglioramento rispetto all'EBMT; Rosso= Più del 20% di peggioramento rispetto all'EBMT.

Tabella 38: LLC

Gruppi	EBMT		Il vostro centro	
	N (%)	Mancante	N (%)	Mancante*
Totale	781 (98.6)	11 (1.4)	3 (100.0)	0 (0.0)
CR (non specificato)	361 (47.1)	14 (1.8)	1 (33.3)	0 (0)
SD	66 (8.6)		1 (33.3)	
VGPR	5 (0.7)		0 (0.0)	
nPR o >=PR2	233 (30.4)		1 (33.3)	
Miglioramento/MR	3 (0.4)		0 (0.0)	
La ricaduta	9 (1.2)		0 (0.0)	
Progressione	70 (9.1)		0 (0.0)	
Non trattato	16 (2.1)		0 (0.0)	
nessun CR	1 (0.1)		0 (0.0)	
Altro	3 (0.4)		0 (0.0)	

\* Per le variabili con più del 5% di dati mancanti: Verde = Più del 20% di miglioramento rispetto all'EBMT; Rosso= Più del 20% di peggioramento rispetto all'EBMT. La mancanza è separata da missing (1a riga) e registrata come non valutata/non applicabile, mentre è richiesta nel modulo (2a riga).

Tabella 39: Mieloma multiplo

Gruppi	EBMT		Il vostro centro	
	N (%)	Mancante	N (%)	Mancante
Totale	1099 (98.9)	12 (1.1)	2 (100.0)	0 (0.0)
CR1	172 (15.7)	6 (0.5)	0 (0.0)	0 (0)
CR2	92 (8.4)		0 (0.0)	
CR>=3	36 (3.3)		0 (0.0)	
CR (non specificato)	11 (1.0)		0 (0.0)	
SD	64 (5.9)		0 (0.0)	
PR1	84 (7.7)		1 (50.0)	
VGPR	345 (31.6)		0 (0.0)	
nPR o >=PR2	178 (16.3)		0 (0.0)	
La ricaduta	15 (1.4)		1 (50.0)	
Progressione	82 (7.5)		0 (0.0)	
Non trattato	2 (0.2)		0 (0.0)	
nessun CR	12 (1.1)		0 (0.0)	

\* Per le variabili con più del 5% di dati mancanti: Verde = Più del 20% di miglioramento rispetto all'EBMT; Rosso= Più del 20% di peggioramento rispetto all'EBMT. La mancanza è separata da missing (1a riga) e registrata come non valutata/non applicabile, mentre è richiesta nel modulo (2a riga).

Tabella 40: Linfoma

Gruppi	EBMT		Il vostro centro	
	N (%)	Mancante	N (%)	Mancante*
Totale	5530 (97.9)	117 (2.1)	24 (100.0)	0 (0.0)
CR2	1 (0.0)	44 (0.8)	0 (0.0)	0 (0)
CR>=3	1 (0.0)		0 (0.0)	
CR (non specificato)	2983 (54.4)		14 (58.3)	
SD	268 (4.9)		2 (8.3)	
nPR o >=PR2	1650 (30.1)		7 (29.2)	
Miglioramento/MR	2 (0.0)		0 (0.0)	
La ricaduta	82 (1.5)		1 (4.2)	
Progressione	439 (8.0)		0 (0.0)	
Non trattato	1 (0.0)		0 (0.0)	
nessun CR	20 (0.4)		0 (0.0)	
Altro	39 (0.7)		0 (0.0)	

\* Per le variabili con più del 5% di dati mancanti: Verde= Più del 20% di miglioramento rispetto all'EBMT; Rosso = Più del 20% di peggioramento rispetto all'EBMT. La mancanza è separata da missing (1a riga) e registrata come non valutata/non applicabile, mentre è richiesta nel modulo (2a riga).

## TCS autologa

Tabella 41: Variabili del Casemix

Variabili del Casemix	Gruppi	EBMT		Il vostro Centro	
		N (%)	Mancanti	N (%)	
	Mancanti* Totale		64772 (100.0)	334 (100.0)	
Sesso del paziente	Totale	64667 (99.8)	105 (0.2)	334 (100.0)	0 (0.0)
	Donna	25698 (39.7)		128 (38.3)	
	Uomo	38969 (60.3)		206 (61.7)	
Punteggio Karnofsky	Totale	58589 (90.5)	6183 (9.5)	332 (99.4)	2 (0.6)
	90-100	41727 (71.2)		277 (83.4)	
	80	13380 (22.8)		47 (14.2)	
	<80	3482 (5.9)		8 (2.4)	
Anno HSCT	2018	13410 (20.7)		43 (12.9)	
	2019	13699 (21.1)		60 (18.0)	
	2020	12704 (19.6)		65 (19.5)	
	2021	12894 (19.9)		88 (26.3)	
	2022	12065 (18.6)		78 (23.4)	
DRI1	Basso	3562 (5.5)		27 (8.1)	
	Intermedio	55787 (86.1)		288 (86.2)	
	Alto	3871 (6.0)		15 (4.5)	
	Molto alto	1552 (2.4)		4 (1.2)	

<sup>1</sup>Indice di rischio di malattia (Armand et al. 2014). Il DRI dei pazienti con stadio di malattia o citogenetica mancante per AML/MDS è impostato su Intermedio.mancante

\* Per le variabili con più del 5% di dati mancanti: Verde = Più del 20% di miglioramento rispetto all'EBMT; Rosso = Più del 20% di peggioramento rispetto all'EBMT.



## Stadio della malattia

Tabella 43: Tutte le diagnosi

Gruppi	EBMT		Il vostro centro	
	N (%)	Mancante	N (%)	Mancante*
Totale	63825 (98.5)	947 (1.5)	332 (99.4)	2 (0.6)
CR1	8014 (12.8)	1169 (1.8)	58 (17.8)	6 (1.8)
CR2	344 (0.5)		4 (1.2)	
CR>=3	40 (0.1)		0 (0.0)	
CR (non specificato)	15479 (24.7)		82 (25.2)	
CP1	1 (0.0)		0 (0.0)	
CP (non specificato)	4 (0.0)		0 (0.0)	
AP	2 (0.0)		0 (0.0)	
BC	3 (0.0)		0 (0.0)	
SD	1538 (2.5)		6 (1.8)	
PR1	9985 (15.9)		59 (18.1)	
VGPR	17300 (27.6)		74 (22.7)	
nPR o >=PR2	8210 (13.1)		38 (11.7)	
Miglioramento/MR	35 (0.1)		0 (0.0)	
Refrattario primario	8 (0.0)		0 (0.0)	
La ricaduta	322 (0.5)		3 (0.9)	
Progressione	1120 (1.8)		2 (0.6)	
Non trattato	129 (0.2)		0 (0.0)	
nessun CR	26 (0.0)		0 (0.0)	
Altro	96 (0.2)		0 (0.0)	

\* Per le variabili con più del 5% di dati mancanti: Verde = Più del 20% di miglioramento rispetto all'EBMT; Rosso = Più del 20% di peggioramento rispetto all'EBMT. La mancanza è separata da missing (1a riga) e registrata come non valutata/non applicabile, mentre è richiesta nel modulo (2a riga).

Tabella 44: AML

Gruppi	EBMT		Il vostro centro	
	N (%)	Mancante	N (%)	Mancante
Totale	695 (99.0)	7 (1.0)	7 (100.0)	0 (0.0)
CR1	565 (81.5)	2 (0.3)	6 (85.7)	0 (0)
CR2	86 (12.4)		1 (14.3)	
CR>=3	12 (1.7)		0 (0.0)	
CR (non specificato)	12 (1.7)		0 (0.0)	
VGPR	1 (0.1)		0 (0.0)	
nPR o >=PR2	1 (0.1)		0 (0.0)	
Miglioramento/MR	1 (0.1)		0 (0.0)	
Refrattario primario	5 (0.7)		0 (0.0)	
La ricaduta	6 (0.9)		0 (0.0)	
Altro	4 (0.6)		0 (0.0)	

\* Per le variabili con più del 5% di dati mancanti: Verde = Più del 20% di miglioramento rispetto all'EBMT; Rosso= Più del 20% di peggioramento rispetto all'EBMT. La mancanza è separata da missing (1a riga) e registrata come non valutata/non applicabile, mentre è richiesta nel modulo (2a riga).

Tabella 45: Mieloma multiplo

Gruppi	EBMT		Il vostro centro	
	N (%)	Mancante	N (%)	Mancante*
Totale	38885 (98.8)	465 (1.2)	203 (99.5)	1 (0.5)
CR1	7318 (19.2)	783 (2)	52 (26.3)	5 (2.5)
CR2	251 (0.7)		3 (1.5)	
CR>=3	27 (0.1)		0 (0.0)	
CR (non specificato)	257 (0.7)		2 (1.0)	
SD	1043 (2.7)		4 (2.0)	
PR1	9984 (26.2)		59 (29.8)	
VGPR	17297 (45.4)		74 (37.4)	
nPR o >=PR2	1107 (2.9)		4 (2.0)	
Miglioramento/MR	25 (0.1)		0 (0.0)	
Refrattario primario	2 (0.0)		0 (0.0)	
La ricaduta	75 (0.2)		0 (0.0)	
Progressione	579 (1.5)		0 (0.0)	
Non trattato	118 (0.3)		0 (0.0)	
nessun CR	9 (0.0)		0 (0.0)	
Altro	10 (0.0)		0 (0.0)	

\* Per le variabili con più del 5% di dati mancanti: Verde = Più del 20% di miglioramento rispetto all'EBMT; Rosso = Più del 20% di peggioramento rispetto all'EBMT. La mancanza è separata da missing (1a riga) e registrata come non valutata/non applicabile, mentre è richiesta nel modulo (2a riga).

Tabella 46: Linfoma

Gruppi	EBMT		Il vostro centro	
	N (%)	Mancante	N (%)	Mancante*
Totale	24048 (98.1)	468 (1.9)	122 (99.2)	1 (0.8)
CR (non specificato)	15179 (64.1)	383 (1.6)	80 (66.1)	1 (0.8)
SD	494 (2.1)		2 (1.7)	
PR1	1 (0.0)		0 (0.0)	
nPR o >=PR2	7088 (30.0)		34 (28.1)	
Miglioramento/MR	9 (0.0)		0 (0.0)	
Refrattario primario	1 (0.0)		0 (0.0)	
La ricaduta	237 (1.0)		3 (2.5)	
Progressione	540 (2.3)		2 (1.7)	
Non trattato	11 (0.0)		0 (0.0)	
nessun CR	16 (0.1)		0 (0.0)	
Altro	89 (0.4)		0 (0.0)	

\* Per le variabili con più del 5% di dati mancanti: Verde = Più del 20% di miglioramento rispetto all'EBMT; Rosso = Più del 20% di peggioramento rispetto all'EBMT. La mancanza è separata da missing (1a riga) e registrata come non valutata/non applicabile, mentre è richiesta nel modulo (2a riga).