

Import des résistances bactériennes

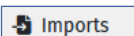
Import des résistances bactériennes

Prérequis : l'inscription est réalisée, les CGU sont acceptées.

Vous possédez un compte **référent** ou **contributeur** activé pour cet établissement.
Les données de structure ont été intégrées et les lits ont été saisis pour l'établissement.

Cette fonctionnalité est inaccessible au compte observateur.

1. Rendez-vous sur l'onglet

 Imports

puis

 Résistances

2. - Sélectionner l'**établissement** au sein du menu déroulant.

- Sélectionner le **laboratoire de biologie médicale** ayant réalisé l'analyse des prélèvements.

- Sélectionner la **version du référentiel du CA-SFM/EUCAST** utilisée par le laboratoire pour l'interprétation des antibiogrammes présents dans votre fichier.

- Indiquer le **nombre de sets d'hémocultures** (positives et négatives) analysés par le laboratoire au cours de la période correspondant à votre fichier (Adultes : un set = un flacon aérobie et un flacon anaérobie. Pédiatrie : un set = un flacon aérobie).

- Indiquer si la **recherche de BLSE** est renseignée ou non dans votre fichier :

→ Si **oui** : le laboratoire a effectué la recherche. Une case vide = une absence d'identification de BLSE.

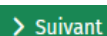
→ Si **non** : le laboratoire n'a pas effectué la recherche. Une case vide = une absence de recherche de BLSE.

- Indiquer si la **recherche de carbapénémase** est renseignée ou non dans votre fichier :

→ Si **oui** : le laboratoire a effectué la recherche. Une case vide = une absence d'identification de carbapénémase.

→ Si **non** : le laboratoire n'a pas effectué la recherche. Une case vide = une absence de recherche de carbapénémase.

3. Cliquer sur

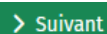
 Suivant

4. Choisir la période concernée par l'import de données :

→ Vous souhaitez importer **trimestriellement** vos données : sélectionner le trimestre correspondant à votre fichier d'import (vous devrez importer 4 fichiers pour couvrir l'année complète).

→ Vous souhaitez importer **annuellement** vos données : sélectionner l'année correspondant à votre fichier d'import.

Cliquer sur

 Suivant

5. Ajouter le **fichier** (format .xls ou .xlsx).

6. Indiquer si le fichier contient ou non une ligne de titre (en-têtes de colonnes).

Etablissement

Période

Import

Import des résistances bactériennes

7. Effectuer les correspondances entre les libellés ConsoRes et les libellés présents dans le fichier.

Correspondances

Données ConsoRes	→	Colonne dans mon fichier
Code UF *	→	<input type="text"/>
Numéro patient *	→	<input type="text"/>
Âge en année ou date de naissance	→	<input type="text"/>
		<small>Veuillez saisir soit l'âge en année soit la date de naissance.</small>
Date de prélèvement *	→	<input type="text"/>
Site de prélèvement *	→	<input type="text"/>
Micro-organisme *	→	<input type="text"/>
BLSE *	→	<input type="text"/>
Carbapénèmase *	→	<input type="text"/>
Type de carbapénèmase	→	<input type="text"/>

8. Cliquer sur [> Suivant](#)

9. Effectuer les correspondances entre les libellés présents dans le fichier et les libellés ConsoRes (**molécules**).

Colonne de mon fichier	→	Molécule correspondante
5fluorocytosine *	→	<input type="text"/> <input type="checkbox"/> Exclure ?
acidefusidique *	→	<input type="text"/> <input type="checkbox"/> Exclure ?
acidenalidixique *	→	<input type="text"/> <input type="checkbox"/> Exclure ?
amoxicilline+acideclavulanique *	→	<input type="text"/> <input type="checkbox"/> Exclure ?
amphotericineb *	→	<input type="text"/> <input type="checkbox"/> Exclure ?
anidulafungine *	→	<input type="text"/> <input type="checkbox"/> Exclure ?
aztreonam *	→	<input type="text"/> <input type="checkbox"/> Exclure ?
caspofungine *	→	<input type="text"/> <input type="checkbox"/> Exclure ?
cefadroxil *	→	<input type="text"/> <input type="checkbox"/> Exclure ?
cefepime *	→	<input type="text"/> <input type="checkbox"/> Exclure ?
cefiderocol *	→	<input type="text"/> <input type="checkbox"/> Exclure ?
cefixime *	→	<input type="text"/> <input type="checkbox"/> Exclure ?

→ Si une molécule, présente dans le fichier, est absente du menu déroulant, cocher le bouton « exclure ».

10. Cliquer sur [> Suivant](#)

Import des résistances bactériennes

11. Effectuer les correspondances entre les libellés présents dans le fichier et les libellés ConsoRes (**sites de prélèvement**).

Valeur de mon fichier	→	Site de prélèvement correspondant	
collection_fermee *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
dispositif_intra_vasculaire *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
dispositif_medical_profond *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
genital *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
liq_articulaire *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
liq_ascite_dialyse *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
liq_pleur *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
liq_profond *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
oculaire *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
ORL *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
os *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
peau_phaneres *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
plvt_perinatal *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
plvt_vaginal *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?

12. Effectuer les correspondances entre les libellés présents dans le fichier et les libellés ConsoRes (**espèces bactériennes**).

Valeur de mon fichier	→	Micro-organisme correspondant	
A. baumannii *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
A. calcoaceticus *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
Achromobacter sp. *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
Actinomyces sp. *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
A. defectiva *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
Aeromonas sp. *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
A. europaeus *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
A. faecalis *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
A. haemolyticum *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
A. hydrophila *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?
A. johnsonii *	→	<input type="text"/>	<input type="checkbox"/> Exclure ?

→ Si une espèce bactérienne, présente dans le fichier, est absente du menu déroulant, cocher le bouton « exclure ».

13. Eventuellement, effectuer les correspondances entre les libellés présents dans le fichier et les libellés ConsoRes (**résultats d'antibiogramme**).

Exemple ci-dessous : SFE (sensible forte exposition) -> S

Valeur de mon fichier	→	Résultat de résistance correspondant
SFE *	→	<input type="text"/>

Import des résistances bactériennes

14. Si la recherche de BLSE est renseignée, indiquer la façon dont le libellé présent dans la colonne « BLSE » doit être interprété.

Exemple ci-dessous : O -> positif (identification de BLSE)

Valeur de mon fichier	→	BLSE - Phénotype correspondant
O *	→	<input checked="" type="radio"/> Positif <input type="radio"/> Négatif

15. Si la recherche de carbapénémase est renseignée, indiquer la façon dont le libellé présent dans la colonne « carbapénémase » doit être interprété.

Exemple ci-dessous : O -> positif (identification de carbapénémase)

Valeur de mon fichier	→	Carbapénémase - Phénotype correspondant
O *	→	<input checked="" type="radio"/> Positif <input type="radio"/> Négatif

16. Cliquer sur [> Suivant](#)

Contrôles

17. Une première lecture du fichier est réalisée.

Le fichier annoté avec les éventuelles incohérences identifiées est disponible au téléchargement ([télécharger mon fichier annoté](#)).

Cliquer sur [> Suivant](#)

<input checked="" type="checkbox"/> Lignes validées	70
<input checked="" type="checkbox"/> Lignes à vérifier	3
<input checked="" type="checkbox"/> Lignes supprimées	43

Votre fichier annoté avec les différentes erreurs rencontrées : [Télécharger mon fichier annoté](#)

Vérifications

18. Eventuellement, la liste des lignes identifiées comme incohérentes s'affiche.

Une action de l'utilisateur est nécessaire pour chaque incohérence identifiée :

- Confirmation de la ligne en l'état :
- Correction de la ligne :
- Suppression de la ligne :

Traité	N° ligne	Contenu de la ligne	Règle en erreur	
<input checked="" type="checkbox"/> Non	6	3 - URINES - Escherichia coli	Résultat incohérent	<input type="checkbox"/> <input checked="" type="checkbox"/> <input type="checkbox"/>
<input checked="" type="checkbox"/> Non	32	1 - URINES - staphylococcus aureus	Résultat incohérent	<input type="checkbox"/> <input checked="" type="checkbox"/> <input type="checkbox"/>
<input checked="" type="checkbox"/> Non	51	3 - Pus profond - Escherichia coli	Résultat incohérent	<input type="checkbox"/> <input checked="" type="checkbox"/> <input type="checkbox"/>

N° ligne	UF	Règle en erreur	
24	1 - URINES - staphylococcus aureus	Résultat incohérent	<input type="checkbox"/>
25	1 - URINES - staphylococcus aureus	Résultat incohérent	<input type="checkbox"/>
26	1 - URINES - staphylococcus aureus	Résultat incohérent	<input type="checkbox"/>
27	1 - URINES - staphylococcus aureus	Résultat incohérent	<input type="checkbox"/>
30	1 - Pus pofond - staphylococcus aureus	Résultat incohérent	<input type="checkbox"/>
31	1 - Pus pofond - staphylococcus aureus	Résultat incohérent	<input type="checkbox"/>
33	2 - URINES - Escherichia coli	Résultat incohérent	<input type="checkbox"/>

Cliquer sur [> Suivant](#)

Import des résistances bactériennes

19. Les données sont dédoublonnées automatiquement.

Le fichier annoté avec les éventuelles incohérences identifiées précédemment + les lignes écartées lors des deux phases de dédoublonnage est disponible au téléchargement ([télécharger mon fichier annoté](#)).

✓	Lignes validées	63
✗	Lignes supprimées (Dédoublonnage phase 1)	10
✗	Lignes écartées (Dédoublonnage phase 2)	7

Votre fichier annoté avec les différentes erreurs rencontrées : [Télécharger mon fichier annoté](#)

Cliquer sur [> Suivant](#)

20. Les pourcentages de SARM et d'EBLSE sont calculés.

- « Pourcentage de SARM/EBLSE » : % de SARM/EBLSE calculé sur la totalité du fichier.
- « Pourcentage de SARM/EBLSE (périmètre SPARES) » calculé en incluant uniquement les UF de code TA 03, 08, 09 et 20 (UF d'hospitalisation complète, de semaine, bloc opératoire, médico-technique = périmètre dit « SPARES »)

L'import de résistance est prêt à être intégré. Veuillez valider cette étape pour procéder à l'importation effective des données.

Indicateurs	
Pourcentage de SARM	37,5 %
Pourcentage de SARM (Périmètre SPARES)	37,5 %
Pourcentage de BLSE	25 %
Pourcentage de BLSE (Périmètre SPARES)	25 %

Le périmètre SPARES inclut uniquement les UF de code TA 03, 08, 09 et 20.

Validation

21. Cliquer sur [Commencer l'import des données](#)

Confirmation

22. Le message suivant apparaît :

L'intégration des données de cet import est terminée. Vous pouvez consulter le statut de l'import directement depuis la fiche établissement.



Les données de résistances bactériennes de l'établissement ont été intégrées.

En cliquant sur le bouton [Fiche établissement](#) -> visualisation du statut de l'import des données de l'établissement.