Contrôle de connaissance information médicale et hygiène hospitalière

Dadi Abel 17/02/2021

I. EVALUATION D'UN TEST DIAGNOSTIQUE :

Résultats de la première équipe:

```
resultat.equipe1 <- t(matrix(c(499,3,502,1,497,498,500,500,1000), ncol = 3,nr
ow = 3))
colnames(resultat.equipe1) <- c("infarctus","pas d'infarctus","total")
rownames(resultat.equipe1) <- c("troponine augmentée","troponine normale","to
tal")
require(knitr)
kable(resultat.equipe1)</pre>
```

	infarctus	pas d'infarctus	total
troponine augmentée	499	3	502
troponine normale	1	497	498
total	500	500	1000

Question 1 : parmi les 4 indicateurs de performance diagnostique de base (sensibilité, spécificité, valeur prédictive positive et valeur prédictive négative) quels sont ceux qui peuvent être mesurés directement par l'équipe 1 (justifiez votre réponse).

Parmi les 4 indicateurs de performance diagnostique de base (sensibilité, spécificité, valeur prédictive positive et valeur prédictive négative) ceux qui peuvent être mesurés directement par l'équipe 1 sont : la sensibilité et spécificité à cause de la manière de constituer l'échantillons (il y a deux échantillons un malade et un autre non malade)

Question 2 : indiquez comment vous calculer ces indicateurs et quelle est leur signification.

```
# VP/(VP + FN) = sensibilité (Se)
(Se <- (resultat.equipe1[1,1]/(resultat.equipe1[3,1]))*100)
Sensibilité = 99.8%</pre>
```

```
# VN/(FP + VN) = spécificité (Sp)
(Sp <- (resultat.equipe1[2,2]/resultat.equipe1[3,2])*100)
Spécificité = 99.4%</pre>
```

Signification:

- La sensibilité est la probabilité (p) du résultat positif du test (T+) chez les sujets porteurs de la maladie (M+)
 - 99.8% des malades qui sont atteint d'infarctus du myocarde ont une troponine qui a augmenté.
- Spécificité est la probabilité du résultat négatif de test (T-) chez les patients définis comme non malades (M-)
 - 99.4% des étudiants volontaires pour l'étude qui n'ont pas d'infarctus du myocarde ont une troponine normale.

Résultats de la deuxième équipe :

```
resultat.equipe2 <- t(matrix(c(245,285,530,5,4465,4470,250,4750,5000), ncol =
3,nrow = 3))
colnames(resultat.equipe2) <- c("infarctus","pas d'infarctus","total")
rownames(resultat.equipe2) <- c("troponine augmentée","troponine normale","to
tal")
kable(resultat.equipe2)</pre>
```

	infarctus	pas d'infarctus	total
troponine augmentée	245	285	530
troponine normale	5	4465	4470
total	250	4750	5000

Question 3 : parmi les 4 indicateurs de performance diagnostique de base (sensibilité, spécificité, valeur prédictive positive et valeur prédictive négative) quels sont ceux qui peuvent être mesurés directement par l'équipe 2 (justifiez votre réponse).

Tous les 4 peuvent être mesurés par l'équipe 2 parce qu'on a un échantillon représentatif de la population et non une certaine catégorie de la population.

Question 4 : indiquez comment vous calculer ces indicateurs et quelle est leur signification.

```
# VP/(VP + FN) = sensibilité (Se)
(Se <- (resultat.equipe2[1,1]/(resultat.equipe2[3,1]))*100)

Sensibilité = 98%

# VN/(FP + VN) = spécificité (Sp)
(Sp <- (resultat.equipe2[2,2]/resultat.equipe2[3,2])*100)

Spécificité = 94%

# VP/(VP + FP) = valeur prédictive positive (VPP)
(VPP <- (resultat.equipe2[1,1]/resultat.equipe2[1,3])*100)

VPP = 46.23%

# VN/(FN + VN) = valeur prédictive négative (VPN)
(VPN <- (resultat.equipe2[2,2]/resultat.equipe2[2,3])*100)

VPN = 99.89%</pre>
```

Signification:

- La probabilité d'avoir un test positif (troponine augmentée) quand on est malade (infarctus) est de 98%
- La probabilité d'avoir un test négatif (troponine normale) quand on n'est pas malade (pas d'infarctus) est de 94%
- La probabilité d'être malade (infarctus) quand le test est positif (troponine augmentée) est de 46.23%
- La probabilité de ne pas être malade (pas d'infarctus) quand le test est négatif (troponine normale) est de 99.89%

II. ESSAIS THERAPEUTIQUES

Question 5 : indiquez les 2 autres éléments nécessaires pour le calcul des effectifs, en précisant dans quel sens ils influent sur les effectifs à inclure.

Les deux autres éléments nécessaires pour le calcul des effectifs à inclure sont : le risque d'erreur de 2ème espèce (β) et la différence attendue entre les résultats (Δ). Ces deux indicateurs influent sur les effectifs à inclure de façon négative (si β augmente l'effectifs à inclure diminue ; et pour ce qui est du Δ s'il augmente l'effectifs à inclure diminu aussi vise vers ça)

III. EPIDEMIOLOGIE

Première étude

```
etude1 <- t(matrix(c(30,70,100,14,86,100,44,156,200), ncol = 3,nrow = 3))
colnames(etude1) <- c("prématuré (oui)","prématuré (non)","total")
rownames(etude1) <- c("gémellité oui (exposé)","gémellité non (non exposé)","
total")
kable(etude1)</pre>
```

	prématuré (oui)	prématuré (non)	total
gémellité oui (exposé)	30	70	100
gémellité non (non exposé)	14	86	100
total	44	156	200

Questions 6 : Pouvez-vous calculer le risque relatif de prématurité par rapport à la géméllité et si oui calculez-le. Pouvez-vous calculer l'odd's ratio et si oui calculez-le.

```
# (a/e_1)/(c/e_0)
(RR <- round((etude1[1,1]/etude1[1,3])/(etude1[2,1]/etude1[2,3]),2))

Risque relatif = 2.14

# Odds ratio = VPxVN /(FPxFN).
(Odds.ratio <- round((etude1[1,1]*etude1[2,2])/(etude1[2,1]*etude1[1,2]),2))

Odds ratio = 2.63</pre>
```

Deuxiéme étude

```
etude2 <- t(matrix(c(30,14,44,70,86,156,100,100,200), ncol = 3,nrow = 3))
colnames(etude2) <- c("prématuré (oui)", "prématuré (non)", "total")
rownames(etude2) <- c("gémellité oui (exposé)", "gémellité non (non exposé)", "
total")
kable(etude2)</pre>
```

	prématuré (oui)	prématuré (non)	total
gémellité oui (exposé)	30	14	44
gémellité non (non exposé)	70	86	156
total	100	100	200

Questions 7 : Pouvez-vous calculer le risque relatif de prématurité par rapport à la géméllité et si oui calculez-le. Pouvez-vous calculer l'odd's ratio et si oui calculez-le.

Non : le risque relatif ne peut pas être mesuré dans le cas d'une étude cas - témoins

Oui: l'Odds ratio est toujours mesurable quelle que soit le type d'étude (cohorte, cas – témoins, exposés – non exposés)

```
# Odds ratio = VPxVN /(FPxFN).
(Odds.ratio <- round((etude2[1,1]*etude2[2,2])/(etude2[2,1]*etude2[1,2]),2))
Odds.ratio = 2.63</pre>
```

IV. HYGIENE HOSPITALIERE

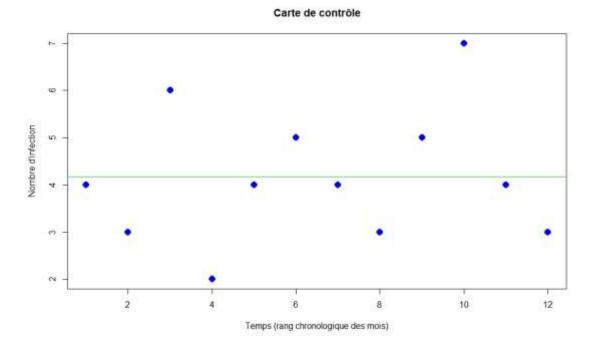
```
mois <- c("janvier" ,"février" ,"mars" ,"avril" ,"mai" ,"juin" ,"juillet" ,"a
oût" ,"septembre" ,"octobre" ,"novembre" ,"décembre")
nb.infection <- c(4 ,3 ,6 ,2 ,4 ,5 ,4 ,3 ,5 ,7 ,4 ,3)
rang <- c(1:12)
don <- data.frame(cbind(rang,mois,nb.infection))
don$rang <- as.numeric(don$rang)
don$nb.infection <- as.numeric(don$nb.infection)
kable(don)</pre>
```

rang	mois	nb.infection
1	janvier	4
2	février	3
3	mars	6
4	avril	2
5	mai	4
6	juin	5
7	juillet	4
8	août	3
9	septembre	5
10	octobre	7
11	novembre	4
12	décembre	3

Construisons la carte de contrôle correspondant aux données du tableau ci-d essus et indiquons comment nous expliquons à l'équipe d'hygiène la manière de s'en servir.

```
carte <- function(don, cible=NULL){</pre>
```

```
n = length(don$nb.infection)
  ok = rep(1, n)
  lambda.old = mean(don$nb.infection)
  lambda = 0
  i.ok = don$nb.infection[ok==1]
  while(lambda!=lambda.old)
    lambda.old = mean(i.ok)
    lim.sup1 = qpois(0.95, lambda.old)
    for(i in 1:n)
    {
      if(don$nb.infection[i]>=lim.sup1) { ok[i] = 0 }
    i.ok = don$nb.infection[ok==1]
    lambda = mean(i.ok)
  if(is.null(cible)==FALSE) { lambda = cible }
  lim.sup1 = qpois(0.95, lambda)
  \lim.\sup 2 = \operatorname{qpois}(0.99, \operatorname{lambda})
  couleur = c(); symbole = c()
  for(i in 1:n)
    if(don$nb.infection[i]>=lim.sup1) { couleur[i] = "orange"; symbole[i] = 1
7}
    if(don$nb.infection[i]>=lim.sup2) { couleur[i] = "red" ; symbole[i] = 17}
    if(don$nb.infection[i]<lim.sup1) { couleur[i] = "blue" ; symbole[i] = 16</pre>
}
plot(don$rang, don$nb.infection, xlab="Temps (rang chronologique des mois)",y
lab="Nombre d'infection", cex=2, col=couleur, pch=symbole, main="Carte de con
trôle")
abline(h=lambda, col="green")
abline(h=lim.sup1,col="orange")
abline(h=lim.sup2,col="red")
}
x11()
carte(don, cible =NULL)
```



INTERPRETATION: Nous constatons une oscillation aléatoire autour de la cible

La courbe de nos résultats oscille de façon aléatoire de chaque côté de la valeur cible entre les limites de contrôle. Cela signifie que notre procédé analytique est sous contrôle. C'est à dire que l'infection est sous contrôle.