



Agence Technique de l'Information sur l'Hospitalisation

# **DATIM HAD**

Détection des Atypies de l'Information Médicale

Version 2012

## **GUIDE DE LECTURE ET D'INTERPRETATION**

Mise à jour – 15 juin 2012



## SOMMAIRE

<b>1. Présentation de DATIM HAD</b>	<b>p 3</b>
1.1 Objectifs	p 3
1.2 Types de tests	p 3
1.3 Principes de fonctionnement	p 4
1.4 Références	p 5
<b>2. Utilisation de DATIM HAD</b>	<b>p 7</b>
2.1 Par les établissements de santé	p 7
2.2 Par les unités de coordination régionale	p 7
<b>3. Liste des tests</b>	<b>p 9</b>
3.1 Par type de test	p 9
3.2 Par numéro de test	p 11
<b>4. Détail des tests</b>	<b>p 14</b>
<b>5. Annexes</b>	<b>p 49</b>
5.1 Sigles utilisés	p 49
5.2 Tables utilisées	p 50



## 1. Présentation de DATIM HAD

### 1.1 Objectifs

DATIM (Détection des Atypies de l'Information Médicale) est un outil d'aide à l'analyse de la qualité des informations PMSI contenues dans les fichiers de RAPSS (Résumé Anonyme Par SousSéquence). Cette analyse répond à deux objectifs complémentaires :

- amélioration de la qualité des bases,
- mise en œuvre des procédures de contrôle externe.

La mise à disposition des établissements des diverses informations produites par DATIM lors des transmissions de données, notamment l'édition de séquences ou de séjours suspects d'atypies, doit à terme améliorer la qualité du codage.

Dans le cadre des contrôles externes, DATIM doit permettre de :

- participer à l'élaboration du programme de contrôle régional en effectuant un ciblage des établissements atypiques ;
- faciliter la préparation des contrôles sur site en permettant notamment de cibler précisément les activités qui devront être contrôlées.

### 1.2 Types de tests

Compte tenu des objectifs précédemment énoncés, on distingue deux types de tests :

- les tests qui mettent en évidence une non qualité du codage liée au non respect de certaines règles de codage, susceptible d'être corrigée ;
- les tests qui mettent en évidence des séquences ou des séjours atypiques pouvant aboutir à une survalorisation et donc, susceptibles d'être contrôlés.

#### Tests d'amélioration de la qualité des bases

Ces tests reposent essentiellement sur le principe de la détection d'incohérences médicales ou médico-administratives entre les différentes informations d'une séquence ou d'un séjour. Les séquences ou les séjours sélectionnés, *a priori* marqueurs d'anomalies de codage selon la performance du test, peuvent être éventuellement corrigés par l'établissement après vérification (retour au dossier), mais aussi constituer une activité à contrôler.

#### Tests de repérage d'atypies

Ce module repère des erreurs de codage correspondant au non respect de certaines règles du *Guide méthodologique de production des recueils d'information standardisés de l'hospitalisation à domicile* ou à des atypies par comparaison aux autres établissements d'hospitalisation à domicile.



Les critères utilisés dans les différents tests sont essentiellement descriptifs et ne peuvent être rapportés de façon univoque à la notion de qualité du codage, aussi le terme d'atypie doit-il être pris avec prudence, dans son sens le plus littéral.

Cette approche statistique a le double avantage d'une relative équité de traitement entre les établissements et, surtout, la possibilité d'utiliser des critères très généraux permettant de s'affranchir des nombreuses spécificités rencontrées sur le terrain.

En revanche, il n'est pas possible d'apprécier la qualité d'un fichier directement à travers son degré d'atypie sans avoir au préalable écarté les nombreuses autres causes fréquemment associées telles des spécificités liées aux types de patients, de prise en charge ou encore d'organisation pour ne citer que les plus évidentes.

**Aussi, le nombre de tests en alerte ne constitue qu'un premier élément d'orientation qui demande impérativement à être confirmé et documenté.**

Cette analyse plus fine repose sur l'interprétation de résultats détaillés fournis par DATIM, éventuellement confrontés à d'autres sources d'informations sur l'établissement. Cette phase d'interprétation conduit à confirmer le caractère atypique de l'établissement mais aussi à déterminer précisément les activités à contrôler (ciblage).

Ce n'est qu'au terme de ces deux étapes, repérage des établissements atypiques puis compréhension fine des éventuelles anomalies de codage avec ciblage des activités à contrôler, qu'il pourra être utile d'envisager un déplacement sur site.

### **1.3 Principes de fonctionnement**

DATIM passe un fichier de RAPSS au crible d'une batterie de tests et produit des résultats qualitatifs et quantitatifs. Les fichiers de RAPSS utilisés sont transmis par l'établissement via e-PMSI.

Les informations produites sont :

Résultat du test

Valeur numérique

Il s'agit soit d'un pourcentage soit d'un dénombrement de séquences ou de séjours.

Moyenne de référence

Valeur moyenne du résultat du test, calculée sur la base nationale de l'année n-1.

Alerte

Information qualitative sur le résultat d'un test pour un établissement.

Les modalités de calcul de l'alerte sont fournies pour chaque test.

Un lien dans la colonne "Séquences référencées" ou "Séjours référencés" conduit, s'il y a lieu, aux éditions des séquences ou des séjours selon le test.



## 1.4 Références

### 1. Les tests

Chaque test fait l'objet d'une description standardisée dans le guide de lecture et d'interprétation.

**N° du test** : <numéro du test>  
**Intitulé** : <intitulé du test>  
**Type du test** : <qualité ou atypie>  
**Sélection** : séquences / séjours / **non** <indique si le test peut être utilisé pour sélectionner des séquences ou des séjours en vue d'une visite sur site>  
**Mode de recueil des diagnostics** :  $n^{\circ}1 / n^{\circ}2$  <indique le mode de recueil des diagnostics pour lequel est prévu le test >

### I. Description -Objectif

<Donne une définition littérale du test et de ses objectifs>

### II. Lecture – Interprétation

<Propose dans la mesure du possible des grandes lignes d'interprétation>

### III. Caractéristiques techniques

**Fonction** : <amélioration de la qualité ou repérage d'atypie>  
**Domaine de travail** : <définition de l'ensemble des résumés testés>  
**Valeur résultat** : <pourcentage ou nombre>  
**Numérateur** : <définition du numérateur utilisé>  
**Dénominateur** : <définition du dénominateur utilisé en cas de calcul d'un ratio>  
**Table utilisée** : <désignation de la table utilisée pour le test>  
**Alerte** : <définition du mode de déclenchement de l'alerte>



## 2. Valeurs de référence

Une valeur de référence est proposée pour les tests dont le résultat est le calcul d'un pourcentage.

Les deux premiers mois de transmission des données (M1 et M2), les valeurs de références ne changent pas ; ce sont celles utilisées l'année n-2.

Les références sont mises à jour pour le troisième mois de transmission des données (M3) ; elles sont alors calculées sur l'année n-1 avec les données disponibles à cet instant (M12). Dès que la base de l'année n-1 est scellée, les références sont mises à jour et publiées sur le site de l'ATH.

## 3. Tables de référence

Les fichiers "INFO" contiennent l'ensemble des informations sur les modes de prise en charge, diagnostics, grilles IK et AVQ, utilisés par les différents tests.

On distingue :

- Diag\_MP\_Info : ensemble des relations d'incompatibilités entre le mode de prise en charge et un diagnostic (principal ou associé) ;
- DiagInfo (MCO) : ensemble des informations relatives aux codes CIM-10 (table utilisée dans le Datim MCO) ;
- IK\_AVQ\_Info : ensemble des informations relatives aux associations d'un indice de Karnofsky et du score AVQ ;
- MP\_Info : ensemble des informations relatives aux modes de prise en charge ;
- MPP\_MPA\_Info : ensemble des informations relatives aux associations des modes de prise en charge principal et associé ;
- MPP\_MPA\_IK\_Info : ensemble des informations relatives aux combinaisons des modes de prises en charge principal, associé, et de l'indice de Karnofsky.

Ces tables sont mises en ligne sur le site de l'ATH.

## 4. Score global de qualité

Un score global (de qualité) est attribué à chaque établissement. Il s'agit du pourcentage de séquences en alerte pour au moins l'un des tests.



## 2. Utilisation de DATIM HAD

### 2.1 Utilisation par les établissements de santé

La production de RAPSS est effectuée sous le contrôle du médecin responsable de l'information médicale à partir des fichiers de RPSS groupés. Elle est le résultat d'un processus automatique réalisé par le logiciel PAPRICA, diffusé par l'ATIH. Les résumés anonymes par sousséquence sont transmis à l'Agence Régionale de Santé (ARS) via la plateforme e-PMSI de l'ATIH.

Les fichiers de RAPSS utilisés sont transmis par l'établissement via e-PMSI. Le traitement DATIM, permettant l'analyse de la qualité et le repérage d'atypie, est déclenché automatiquement et systématiquement lors de chaque transmission. Les résultats du traitement sont consultables immédiatement par l'établissement.

Lors de cette transmission une large analyse de l'activité de l'établissement est également réalisée à travers les tableaux MAT2A.

Avant validation de la transmission, l'établissement peut corriger les RAPSS qui pourraient contenir des données manquantes, des oublis, des erreurs ou des imprécisions, repérés par DATIM. Ces alertes permettent à l'établissement de savoir s'il transmet des données atypiques en elles-mêmes ou par rapport à la moyenne des autres établissements d'HAD.

### 2.2 Utilisation par les unités de coordination régionale

Les UCD (Unions de Coordination Régionale) disposent d'un accès à la base de données des RAPSS des établissements d'HAD de la région qui les concerne. Elles ont accès aux tableaux MAT2A ainsi qu'aux tests DATIM.

Les contrôleurs des UCR ne peuvent pas accéder aux RAPSS et aux résultats tant que l'établissement n'a pas procédé à la validation de son fichier.

- Les tableaux réservés exclusivement au rôle "contrôleur"

Après avoir sélectionné l'année, le trimestre et les modalités de validation (établissements sans résultats, avec résultats, validés), une nouvelle page affiche l'ensemble des tests. Depuis cette page, il est possible de se diriger vers deux types de résultats :

- *Tableau de synthèse régional*

Ce tableau est accessible en cliquant sur le lien "synthèse", en haut à droite. Il s'adresse uniquement aux contrôleurs et fournit pour tous les établissements de la région, le nombre de tests en alerte de qualité et d'atypie. Il a pour but de participer au ciblage des établissements à contrôler en priorité.

Un lien sur le numéro Finess conduit aux résultats de l'établissement.



## **Agence technique de l'Information sur l'Hospitalisation**

### *- Tableau régional par test*

Ce tableau est accessible en cliquant sur le lien "détail" associé à chaque test, dans la colonne de droite. Il s'adresse uniquement aux contrôleurs et propose pour chaque test, les résultats de tous les établissements de la région. Il permet d'effectuer des comparaisons test par test et éventuellement d'affiner le ciblage des établissements atypiques.

Un lien sur le numéro Finess conduit aux résultats de l'établissement.

- Les éditions de résumés

Les résumés impliqués par le test apparaissent avec les libellés des modes de prise en charge, diagnostics et actes.

L'accès aux différents résumés est assuré par les chevrons situés juste au-dessus du résumé.

L'icône représentant une disquette, placée au bas de la page, permet la génération et le téléchargement d'un fichier de RAPSS qui contient l'ensemble des résumés impliqués par le test. Après intégration dans un tableur ou une base de données, ces informations permettent d'effectuer des traitements complémentaires à la demande en vue d'étayer telle ou telle interprétation. A noter que, du fait de l'anonymisation, les numéros de séjour des RAPSS ne correspondent pas aux numéros des séjours des fichiers des établissements de santé.

L'icône représentant un chariot, accessible uniquement au rôle "contrôleur", permet de sélectionner des résumés pour les intégrer à la liste des séjours devant faire l'objet d'un contrôle sur site (activité 99).





### **3. Liste des tests**

Remarque : les tests numérotés « .2 » sont ceux qui s'appliquent uniquement dans le cadre du mode de recueil des diagnostics n°2 (avec les diagnostics correspondant au mode de prise en charge principal, les diagnostics correspondant au mode de prise en charge associé et les diagnostics associés).

Le mode de recueil n°1 correspond aux séquences avec un diagnostic principal et aucun DCMPPA :

- « nombre de diagnostics MPP » = 1 ET « nombre de diagnostics MPA » = 0.

Le mode de recueil n°2 correspond aux séquences avec un DCMPP au minimum et de 0 à 9 DCMPPA :

- « nombre de diagnostics MPP » = 1 ET « nombre de diagnostics MPA » de 1 à 9 ;
- « nombre de diagnostics MPP » > 1 quel que soit le « nombre de diagnostics MPA ».



### 3.1 Par type de test

#### **AMELIORATION DE LA QUALITE**

##### **CLE DE CHAINAGE**

- Test 111 : Nombre de séjours sans clé de chaînage ou générée sans numéro d'assuré social  
Test 112 : Nombre de séjours avec clé de chaînage générée depuis des informations non conformes ou partiellement manquantes

##### **VALEURS MANQUANTES OU NON AU FORMAT**

- Test 131 : Nombre de sousséquences avec au moins une valeur manquante ou non au format

##### **MODES DE PRISE EN CHARGE PRINCIPAL ET ASSOCIE**

- Test 141 : Nombre de séquences avec une association MPPxMPA non autorisée  
Test 142 : Nombre de séquences avec un MP 18 « Transfusion sanguine » et aucun acte de transfusion  
Test 143 : Nombre de séquences avec un MP incompatible avec le sexe ou l'âge

##### **INDICE DE KARNOFSKY**

- Test 151 : Nombre de séquences avec un IK supérieur au seuil maximal défini pour l'association MPPxMPA  
Test 152 : Nombre de séjours avec décès et une valeur d'IK incohérente

##### **DIAGNOSTIC PRINCIPAL (mode de recueil des diagnostics n°1) ET/OU LE(S) DIAGNOSTIC(S) CORRESPONDANT AU MODE DE PRISE EN CHARGE PRINCIPAL (mode de recueil des diagnostics n°2)**

- Test 171 : Nombre de séquences avec un code CIM-10 imprécis en DP ou en DCMMP  
Test 172 : Nombre de séquences avec un code CIM-10 incompatible avec l'âge ou le sexe (H/F) en DP ou en DCMPP  
Test 173 : Nombre de séquences avec un DP incompatible avec le MPP, ou avec le MPA en l'absence de DA

##### **DIAGNOSTIC(S) CORRESPONDANT AU MODE DE PRISE EN CHARGE PRINCIPAL (mode de recueil des diagnostics n°2)**

- Test 173.2 : Nombre de séquences avec au moins un DCMPP incompatible avec le MPP

##### **DIAGNOSTIC(S) ASSOCIE(S)**

- Test 181 : Nombre de séquences avec au moins un code CIM-10 en DA imprécis  
Test 182 : Nombre de séquences avec un code CIM-10 incompatible avec le sexe ou l'âge en DA  
Test 184 : Pourcentage de séquences avec un MPA renseigné et aucun DA



**DIAGNOSTIC(S) CORRESPONDANT AU MODE DE PRISE EN CHARGE ASSOCIE (mode de recueil des diagnostics n°2)**

- Test 181.2 : Nombre de séquences avec au moins un code CIM-10 en DCMPA imprécis  
Test 182.2 : Nombre de séquences avec un code CIM-10 incompatible avec le sexe ou l'âge en DCMPA  
Test 183.2 : Nombre de séquences avec aucun DCMPA compatible avec le MPA  
Test 184.2 : Nombre de séquences avec un MPA renseigné et aucun DCMPA

**GROUAGES EN GHPC ET GHT**

- Test 191 : Nombre de séquences avec un groupage du RAPSS en GHPC réalisé par l'établissement différent du groupage réalisé par PAPRICA  
Test 192 : Nombre de sous-séquences avec au moins un groupage du RAPSS en GHT réalisé par l'établissement différent du groupage réalisé par PAPRICA



**REPERAGE D'ATYPIES**

**ASSOCIATION DES MODES DE PRISE EN CHARGE**

Test 201 : Pourcentage de séquences avec une association MPPxMPA inattendue

**INDICE DE KARNOFSKY**

Test 211 : Pourcentage de séquences avec un IK inhabituellement bas pour le score AVQ

Test 221 : Pourcentage de séquences avec un IK inférieur au seuil minimal défini pour l'association MPPxMPA

**MULTIPLICATION DES SEQUENCES**

Test 231 : Nombre de séjours de 9 à 23 jours hors décès avec un nombre de séquences élevé

Test 232 : Nombre de séjours de plus de 23 jours avec un nombre de séquences élevé

Test 233 : Nombre de séjours avec changement de séquences liés à un changement répété de variables qui déterminent une séquence (MPP, MPA, IK)

**VALORISATION DES SEJOURS**

Test 241 : Pourcentage de séquences avec une valorisation élevée

**DUREE DU SEJOUR**

Test 251 : Pourcentage de séjours d'une durée inférieure à 2 jours

Test 252 : Pourcentage de séjours d'une durée supérieure à 30 jours

**PRESENCE SIMULTANEE**

Test 261 : Nombre de séjours avec chevauchement de journées de prise en charge

**SEJOURS CONTIGUS**

Test 262 : Nombre de séjours contigus



### **3.2 Par numéro de test**

#### **AMELIORATION DE LA QUALITE**

- Test 111 : Nombre de séjours sans clé de chaînage ou générée sans numéro d'assuré social
- Test 112 : Nombre de séjours avec clé de chaînage générée depuis des informations non conformes ou partiellement manquantes
- Test 131 : Nombre de sousséquences avec au moins une valeur manquante ou non au format
- Test 141 : Nombre de séquences avec une association MPPxMPA non autorisée
- Test 142 : Nombre de séquences avec un MP 18 « Transfusion sanguine » et aucun acte de transfusion
- Test 143 : Nombre de séquences avec un MP incompatible avec le sexe ou l'âge
- Test 151 : Nombre de séquences avec un IK supérieur au seuil maximal défini pour l'association MPPxMPA
- Test 152 : Nombre de séjours avec décès et une valeur d'IK incohérente
- Test 171 : Nombre de séquences avec un code CIM-10 imprécis en DP ou en DCMMP
- Test 172 : Nombre de séquences avec un code CIM-10 incompatible avec l'âge ou le sexe (H/F) en DP ou en DCMPP
- Test 173 : Nombre de séquences avec un DP incompatible avec le MPP, ou avec le MPA en l'absence de DA
- Test 173.2 : Nombre de séquences avec au moins un DCMPP incompatible avec le MPP
- Test 181 : Nombre de séquences avec au moins un code CIM-10 en DA imprécis
- Test 182 : Nombre de séquences avec au moins un DA incompatible avec le sexe ou l'âge
- Test 184 : Pourcentage de séquences avec un MPA renseigné et aucun DA
- Test 181.2 : Nombre de séquences avec au moins un code CIM-10 en DCMMPA imprécis
- Test 182.2 : Nombre de séquences avec un code CIM-10 incompatible avec le sexe ou l'âge en DCMMPA
- Test 183.2 : Nombre de séquences avec aucun DCMMPA compatible avec le MPA
- Test 184.2 : Nombre de séquences avec un MPA renseigné et aucun DCMMPA
- Test 191 : Nombre de séquences avec un groupage du RAPSS en GHPC réalisé par l'établissement différent du groupage réalisé par PAPRICA



Test 192 : Nombre de sousséquences avec au moins un groupage du RAPSS en GHT réalisé par l'établissement différent du groupage réalisé par PAPRICA

**REPERAGE D'ATYPIES**

- Test 201 : Pourcentage de séquences avec une association MPPxMPA inattendue
- Test 211 : Pourcentage de séquences avec un IK inhabituellement bas pour le score AVQ
- Test 221 : Pourcentage de séquences avec un IK inférieur au seuil minimal défini pour l'association MPPxMPA
- Test 231 : Nombre de séjours de 9 à 23 jours hors décès avec un nombre de séquences élevé
- Test 232 : Nombre de séjours de plus de 23 jours avec un nombre de séquences élevé
- Test 233 : Nombre de séjours avec changement de séquences liés à un changement répété de variables qui déterminent une séquence (MPP, MPA, IK)
- Test 241 : Pourcentage de séquences avec une valorisation élevée
- Test 251 : Pourcentage de séjours d'une durée inférieure à 2 jours
- Test 252 : Pourcentage de séjours d'une durée supérieure à 30 jours
- Test 261 : Nombre de séjours avec chevauchement de journées de prise en charge
- Test 262 : Nombre de séjours contigus



## 4. Détails des tests

**N° du test** : 111  
**Intitulé** : Nombre de séjours sans clé de chaînage ou générée sans numéro d'assuré social

**Type** : amélioration de la qualité  
**Sélection séjours** : oui

### I. Description

Ce test repère les séjours qui présentent une absence de clé de chaînage ou une clé de chaînage générée sans le numéro d'assuré social.

Ce test évalue la qualité de l'enregistrement du chaînage.

### II. Lecture – Interprétation

Un chaînage anonyme des recueils d'information du PMSI est mis en œuvre depuis la circulaire DHOS-PMSI-2001 n° 106 du 22 février 2001. Il permet de relier entre elles les hospitalisations d'un même patient. Le chaînage anonyme repose sur la création d'un numéro anonyme qui utilise trois variables : le numéro d'assuré social, la date de naissance et le sexe.

L'absence de clé de chaînage ou une clé générée sans numéro d'assuré social ne permet plus de relier le séjour avec les autres hospitalisations.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 111 :

Fonction	: amélioration de la qualité
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de séjours avec code retour « n° sécurité sociale »='2' ou code retour « n° identification administratif du séjour »='1' ou code retour « fusion ANO-HOSP et HOSP-PMSI » in ('1','2') ou code retour « fusion ANO-PMSI et fichier PMSI »='1'
Dénominateur	: sans objet
Table utilisée	: sans objet
Alerte	: si nombre de séjours > 0



**N° du test : 112**  
**Intitulé : Nombre de séjours avec clé de chaînage générée depuis des informations non conformes ou partiellement manquantes**

**Type : amélioration de la qualité**  
**Sélection séjours : oui**

### I. Description

Ce test repère les séjours qui présentent une clé de chaînage générée depuis des informations non-conformes ou partiellement manquantes.

Ce test évalue la qualité de l'enregistrement du chaînage.

### II. Lecture – Interprétation

Un chaînage anonyme des recueils d'information du PMSI est mis en œuvre depuis la circulaire DHOS-PMSI-2001 n° 106 du 22 février 2001. Il permet de relier entre elles les hospitalisations d'un même patient. Le chaînage anonyme repose sur la création d'un numéro anonyme qui utilise trois variables : le numéro d'assuré social, la date de naissance et le sexe.

Une clé de chaînage générée sans numéro depuis des informations non conformes ou partiellement manquantes ne permet plus de relier le séjour avec les autres hospitalisations.

La non qualité est le fait d'un remplissage incorrect des informations sur lesquelles reposent la création du numéro anonyme de chaînage.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 112

Fonction	: amélioration de la qualité
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de séjours avec au moins un code retour* ≠ '0' et non comptabilisé dans le test n°111
Dénominateur	: sans objet
Table utilisée	: sans objet
Alerte	: si nombre de séjours > 0

---

\* parmi les codes retours « n° de sécurité sociale », « date de naissance », « sexe », « n°identification administratif du séjour », « fusion ANO-HOSP et HOSP-PMSI », « fusion « ANO-HOSP et fichier PMSI »





**N° du test : 131**  
**Intitulé : Nombre de sous-séquences avec au moins une valeur manquante ou non au format**

**Type : amélioration de la qualité**  
**Sélection séquences : oui**

### I. Description

Ce test recherche les sous-séquences avec au moins une valeur manquante ou non au format dans les champs suivants :

- âge ;
- sexe ;
- code géographique ;
- mode d'entrée - provenance ;
- mode de sortie - destination ;
- mode de prise en charge principal (MPP) ;
- mode de prise en charge associé (MPA) ;
- mode de prise en charge associé documentaire (MPAD) ;
- indice de Karnofsky (IK) ;
- score de dépendance pour l'habillement (grille AVQ) ;
- score de dépendance pour le déplacement (grille AVQ) ;
- score de dépendance pour l'alimentation (grille AVQ) ;
- score de dépendance pour la continence (grille AVQ) ;
- score de dépendance pour le comportement (grille AVQ) ;
- score de dépendance pour la relation (grille AVQ) ;
- code CCAM pour les actes médicaux.

Il évalue la qualité de la saisie des différents champs de chaque sous-séquence.

### II. Lecture - Interprétation

En cas de sous-séquence avec une ou plusieurs valeurs manquantes ou non au format, une non qualité dans la saisie du résumé est suspectée.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 131 :

Fonction	: amélioration de la qualité
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de sous-séquences avec au moins un code erreur dans le fichier LEG parmi 002-003 (âge), 042 (sexe), 514 (code géographique), 043-044 (mode d'entrée-provenance), 050-051 (mode de sortie-destination), 025 (MPP), 056 (MPA), 068 (MPAD), 026 (IK), 060-065 (scores de la grille AVQ), 079 (acte CCAM)
Dénominateur	: sans objet
Table utilisée	: sans objet
Alerte	: si nombre de sous-séquences > 0



**N° du test** : 141  
**Intitulé** : Nombre de séquences avec une association MPPxMPA non autorisée

**Type** : amélioration de la qualité  
**Sélection séquences** : oui

### I. Description

Ce test recherche le nombre de séquences avec une association MPPxMPA non autorisée (dont les associations avec MPP et MPA identiques).

Ce test évalue la qualité de l'enregistrement des modes de prise en charge.

### II. Interprétation

Certaines associations de MPP et MPA ne sont pas autorisées. On se reportera au premier tableau croisé de l'appendice F du *Guide méthodologique de production des recueils d'information standardisés de l'hospitalisation à domicile 2012* qui détaillent les possibilités d'associations des modes de prise en charge en HAD.

En cas d'enregistrement de l'une de ces associations, l'enregistrement des modes de prise en charge pourra être considéré comme suspect de non qualité.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 141 :

Fonction	: amélioration de la qualité
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de séquences avec Autor='2'
Dénominateur	: sans objet
Table utilisée	: MPP_MPA_Info
Alerte	: si nombre de séquences > 0



**N° du test** : 142  
**Intitulé** : Nombre de séquences avec un MP 18 « Transfusion sanguine » et aucun acte de transfusion

**Type** : amélioration de la qualité  
**Sélection séquences** : oui

### I. Description

Ce test dénombre les séquences avec un mode de prise en charge 18 *Transfusion sanguine* et aucun acte de transfusion parmi la liste suivante :

Code CCAM	Libellé de l'acte CCAM
FEJF006	Saignée thérapeutique, avec transfusion de concentré de globules rouges
FELF006	Transfusion de produit sanguin labile non érythrocytaire
FELF008	Transfusion de concentré de globules rouges, à domicile
FELF011	Transfusion de concentré de globules rouges d'un volume inférieur à une demi masse sanguine
FEPF003	Séance d'érythraphérèse thérapeutique avec transfusion de globules rouges [échange érythrocytaire]

Ce test évalue la qualité de l'enregistrement des modes actes pour le MP de « Transfusion sanguine ».

### II. Interprétation

Les actes médicotechniques sont enregistrés dans le RPSS sous forme codée selon la plus récente version en vigueur de la Classification commune des actes médicaux (CCAM). Tous les actes médicotechniques répertoriés dans la CCAM, effectués pendant le séjour, doivent être enregistrés dans le RPSS.

En cas de non enregistrement d'au moins un acte de transfusion pour chacune des sous-séquences d'une séquence avec un MP 18 « Transfusion sanguine », l'enregistrement des modes de prise en charge ou des actes pourra être considéré comme suspect de non qualité.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 142 :

Fonction	: amélioration de la qualité
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de séquences avec (MPP='18' ou MPA='18') et aucun acte de la liste (FELF006, FELF008, FELF011, FEJF006, FEPF003) pour chacune des sous-séquences des séquences
Dénominateur	: sans objet
Table utilisée	: sans objet
Alerte	: si nombre de séquences > 0



**N° du test : 143**  
**Intitulé : Nombre de séquences avec un MP incompatible avec le sexe ou l'âge**

**Type : amélioration de la qualité**  
**Sélection résumés : oui**

### I. Description

Ce test recherche les séquences avec un mode de prise en charge (MP) incompatible avec le sexe ou l'âge.

Ce test évalue la qualité de l'enregistrement des modes de prise en charge principal (MPP) et associé (MPA), du sexe (homme ou femme) ou de l'âge.

### II. Lecture – Interprétation

Un mode de prise en charge, principal ou associé, considéré comme incompatible avec le sexe ou l'âge enregistré pourra être considéré comme suspect de non qualité.

Six tranches d'âge sont définies et à chacune d'elle est associée une liste de modes de prise en charge hautement improbables :

- CL1W : MPP ou MPA improbable pour un âge < 29 jours ;
- CL2W : MPP ou MPA improbable pour un âge ≥ 29 jours et < 10 ans ;
- CL3W : MPP ou MPA improbable pour un âge ≥ 10 ans et < 18 ans ;
- CL4W : MPP ou MPA improbable pour un âge ≥ 18 ans et < 45 ans ;
- CL5W : MPP ou MPA improbable pour un âge ≥ 45 ans et < 65 ans ;
- CL6W : MPP ou MPA improbable pour un âge ≥ 65 ans.

En cas d'enregistrement de mode de prise en charge incompatible avec le sexe ou l'âge, l'enregistrement pourra être considéré comme suspect de non qualité.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 143 :

Fonction	: amélioration de la qualité
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de séquences avec [ (sexe = '1' et sexD = '2') ou (sexe = '2' et sexD = '1') ou CL1W = '1' ou CL2W = '1' ou CL3W = '1' ou CL4W = '1' ou CL5W = '1' ou CL6W = '1' ] pour au moins une sousséquence par séquence
Dénominateur	: sans objet
Table utilisée	: MP_Info
Alerte	: si nombre de séquences > 0



**N° du test** : 151  
**Intitulé** : Nombre de séquences avec un indice de Karnofsky supérieur au seuil maximal défini pour l'association MPPxMPA

**Type** : amélioration de la qualité  
**Sélection séquences** : oui

### I. Description

Ce test repère les séquences avec un indice de Karnofsky (IK) supérieur au seuil maximal défini pour l'association MPPxMPA, parmi l'ensemble des séquences.

Ce test évalue la qualité de l'enregistrement de l'indice de Karnofsky.

### II. Interprétation

Les plages d'IK associées à chaque association MPPxMPA, et donc l'IK maximal attendu, sont donnés dans le tableau de l'appendice F du *Guide méthodologique de production des recueils d'information standardisés de l'hospitalisation à domicile 2012*.

En cas d'indice supérieur au seuil, l'enregistrement de l'IK pourra être considéré comme suspect de non qualité.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 151 :

Fonction	: amélioration de la qualité
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de séquences avec IkMinMax='2'
Dénominateur	: sans objet
Table utilisée	: MPP_MPA_IK_Info
Alerte	: si nombre de séquences > 0



**N° du test : 152**

**Intitulé : Nombre de séjours avec décès et une valeur incohérente de l'indice de Karnofsky**

**Type : amélioration de la qualité**

**Sélection séquences : oui**

### I. Description

Ce test dénombre les séjours se terminant par une séquence avec un indice de Karnofsky (IK) supérieur ou égal à 30 et un mode de sortie décès.

Ce test évalue la qualité de l'enregistrement de l'indice de Karnofsky.

### II. Interprétation

L'évaluation de la situation du patient s'effectuant au moins une fois par semaine, l'association d'un IK supérieur ou égal à 30 à la dernière séquence et un mode de sortie décès est incohérente.

L'appendice F du *Guide méthodologique de production des recueils d'information standardisés de l'hospitalisation à domicile 2012* rappelle les situations correspondant à chaque IK :

<i>Cotation</i>	<i>Situation correspondante</i>
100%	Le patient ne présente aucun signe ou symptôme de maladie
90%	Le patient est capable de réaliser les activités normales de la vie quotidienne, symptômes ou signes mineurs de la maladie
80%	Le patient est capable de réaliser les activités normales de la vie quotidienne avec effort, quelques symptômes ou signes mineurs
70%	Le patient est capable de se prendre en charge, mais est incapable de mener une vie normale ou de travailler
60%	Le patient nécessite une aide occasionnelle, mais peut prendre en charge la plupart des soins personnels
50%	Le patient nécessite une aide suivie et des soins médicaux fréquents
40%	Le patient est handicapé et nécessite une aide et des soins particuliers
30%	Le patient est sévèrement handicapé
20%	Le patient, très malade, nécessite un traitement de soutien actif
10%	Le patient est moribond, le processus fatal progressant rapidement

En cas d'indice supérieur au seuil, l'enregistrement de l'IK ou du mode de sortie pourra être considéré comme suspect de non qualité.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 152 :

Fonction	: amélioration de la qualité
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de séjours avec $IK \geq '30'$ et mode de sortie du séjour = 'décès' pour la dernière séquence du séjour
Dénominateur	: sans objet
Table utilisée	: sans objet
Alerte	: si nombre de séquences > 0



**N° du test** : 171  
**Intitulé** : **Nombre de séquences avec un code CIM-10 imprécis en DP ou en DCMPP**

**Type** : **amélioration de la qualité**  
**Sélection séquences** : **oui**

### I. Description

Ce test recherche les séquences avec un code CIM-10 en position de DP ou en position de diagnostic correspondant au mode de prise en charge principal (DCMPP) considéré comme imprécis (utilisation d'un code catégorie alors qu'il existe des codes de souscatégories).

Ce test évalue, selon le choix de recueil de l'établissement, la qualité de l'enregistrement du diagnostic principal (mode de recueil n°1) ou des diagnostics correspondant au mode de prise en charge principal (mode de recueil n°2).

### II. Lecture – Interprétation

En 2012, l'établissement a encore le choix entre deux modes de recueil des diagnostics. Le premier est inchangé ; seul un diagnostic est renseigné en tant que diagnostic principal, celui ayant mobilisé l'essentiel des soins. Le deuxième mode de recueil permet d'enregistrer jusqu'à neuf diagnostics justifiant le mode de prise en charge principal. Ces diagnostics correspondant au mode de prise en charge principal (DCMPP) ainsi que le diagnostic principal sont codés selon la plus récente mise à jour de la 10<sup>ème</sup> révision de la Classification internationale des maladies (CIM-10) de l'Organisation mondiale de la santé.

Le diagnostic principal est réévalué lors de chaque changement de séquence de soins.

Le meilleur code est le plus précis par rapport à l'affection ou au problème de santé à coder.

Un diagnostic principal ou au moins un DCMPP avec un code imprécis dans cette position pourra être considéré comme suspect de non qualité.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 171

Fonction	: amélioration de la qualité
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de séquences avec 'imprecis' in ('1', '2') pour au moins une sousséquence par séquence
Dénominateur	: sans objet
Table utilisée	: DiagInfo-MCO (Imprecis)
Alerte	: si nombre de séquences > 0



**N° du test : 172**

**Intitulé : Nombre de séquences avec un code CIM-10 incompatible avec l'âge ou le sexe (H/F) en DP ou en DCMPP**

**Type : amélioration de la qualité**

**Sélection résumés : oui**

### I. Description

Ce test recherche les séquences avec un diagnostic principal (DP) ou avec au moins un diagnostic correspondant au mode de prise en charge principal (DCMPP) incompatible avec le sexe ou l'âge.

Ce test évalue selon le choix de mode de recueil des diagnostics retenu par l'établissement, la compatibilité du diagnostic principal (mode de recueil n°1) ou des diagnostics correspondant au mode de prise en charge principal (mode de recueil n°2), avec le sexe (H/F) ou l'âge du patient.

### II. Lecture – Interprétation

L'établissement a encore le choix, en 2012, entre deux modes de recueil. Le premier est inchangé, seul un diagnostic est renseigné en tant que diagnostic principal ayant mobilisé l'essentiel des soins. Le deuxième permet d'enregistrer jusqu'à neuf diagnostics justifiant le mode de prise en charge principal. Ces diagnostics correspondant au mode de prise en charge principal (DCMPP) ainsi que le diagnostic principal sont codés selon la plus récente mise à jour de la 10<sup>ème</sup> révision de la Classification internationale des maladies (CIM-10) de l'Organisation mondiale de la santé.

Le diagnostic principal est réévalué lors de chaque changement de séquence de soins.

Un diagnostic principal ou un DCMPP utilisant un code de la CIM-10 considéré comme incompatible avec le sexe ou l'âge enregistré pourra être considéré comme suspect de non qualité.

Six tranches d'âge sont définies et à chacune d'elle est associée une liste de diagnostics hautement improbables :

- CL1V : diagnostic improbable avec un âge < 29 jours ;
- CL2V : diagnostic improbable avec un âge ≥ 29 jours et < 1 an ;
- CL3V : diagnostic improbable avec un âge ≥ 1 an et < 10 ans ;
- CL4V : diagnostic improbable avec un âge ≥ 10 ans et < 20 ans ;
- CL5V : diagnostic improbable avec un âge ≥ 20 ans et < 65 ans ;
- CL6V : diagnostic improbable avec un âge ≥ 65 ans.





III. Caractéristiques techniques

Test n° 172 :

Fonction	: amélioration de la qualité
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de séquences avec [ (sexe = '1' et sexD = '2') ou (sexe = '2' et sexD = '1') ou CL1V = '1' ou CL2V = '1' ou CL3V = '1' ou CL4V = '1' ou CL5V = '1' ou CL6V = '1' ] pour au moins une sousséquence par séquence
Dénominateur	: sans objet
Table utilisée	: DiagInfo-MCO
Alerte	: si nombre de séquences > 0



**N° du test : 173**

**Intitulé : Nombre de séquences avec un diagnostic associé incompatible avec le mode de prise en charge principal, ou avec le mode de prise en charge associé en l'absence de diagnostic associé**

**Type : amélioration de la qualité**

**Sélection séquences : oui**

**Mode de recueil des diagnostics : n°1**

### I. Description

Ce test recherche les séquences avec un diagnostic principal (DP) jugé incompatible avec le mode de prise en charge principal (MPP), ou avec le mode prise en charge associé (MPA) si aucun diagnostic associé (DA) n'a été renseigné, à dire d'expert.

Ce test évalue la qualité de l'enregistrement du diagnostic principal.

### II. Lecture – Interprétation

La saisie du diagnostic principal est l'affection qui mobilise l'essentiel des soins, le problème de santé qui justifie le mode de prise en charge principal. Il est codé selon la plus récente mise à jour de la 10<sup>e</sup> révision de la *Classification internationale des maladies* de l'Organisation mondiale de la santé. Le DP est réévalué lors de chaque changement de séquence de soins.

Un diagnostic principal utilisant un code de la CIM-10 considéré comme incompatible avec le mode de prise en charge principal, ou avec le mode de prise en charge associé en l'absence de diagnostic(s) associé(s), pourra être considéré comme suspect de non qualité.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 173 :

Fonction	: amélioration de la qualité
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de séquences avec Incomp_MP = '1' pour le DP par rapport au MPP, ou par rapport au MPA si NbDA=0, pour au moins une sousséquence par séquence décrite avec le mode recueil n°1
Dénominateur	: sans objet
Table utilisée	: Diag_MP_Info
Alerte	: si nombre de séquences > 0



**N° du test : 173.2**  
**Intitulé : Nombre de séquences avec au moins un DCMPP incompatible avec le MPP**

**Type : amélioration de la qualité**  
**Sélection séquences : oui**  
**Mode de recueil des diagnostics : n°2**

### I. Description

Ce test recherche les séquences avec au moins un diagnostic correspondant au mode de prise en charge principal (DCMPP) jugé incompatible avec le mode de prise en charge principal (MPP).

Ce test évalue la qualité de l'enregistrement du(des) DCMPP.

### II. Lecture – Interprétation

Il est possible d'enregistrer jusqu'à neuf diagnostics justifiant le mode de prise en charge principal, dont le diagnostic qui a mobilisé l'essentiel des soins (ou diagnostic principal) qui doit au minimum être enregistré.

Ces diagnostics correspondant au mode de prise en charge principal (DCMPP) sont codés selon la plus récente mise à jour de la 10e révision de la Classification internationale des maladies (CIM-10) de l'Organisation mondiale de la santé.

Un DCMPP utilisant un code de la CIM-10 considéré comme incompatible avec le mode de prise en charge principal pourra être considéré comme suspect de non qualité.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 173.2 :

Fonction	: amélioration de la qualité
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de séquences avec Incomp_MP = '1' pour au moins un DCMPP par rapport au MPP d'une sousséquence par séquence décrite avec le mode recueil n°2
Dénominateur	: sans objet
Table utilisée	: Diag_MP_Info
Alerte	: si nombre de séquences > 0



**N° du test** : 181  
**Intitulé** : **Nombre de séquences avec un code CIM-10 en diagnostic associé imprécis**

**Type** : **amélioration de la qualité**  
**Sélection séquences** : **oui**

### I. Description

Ce test recherche les séquences avec au moins un code CIM-10 en position de diagnostic associé (DA) considéré comme imprécis (utilisation d'un code catégorie alors qu'il existe des codes de sous-catégories).

Ce test évalue la qualité de l'enregistrement des diagnostics associés.

### II. Lecture – Interprétation

Les diagnostics associés comprennent les affections, problèmes de santé et autres facteurs (sociaux, familiaux...) coexistant avec le DP et pris en charge par l'équipe d'HAD. Ils sont codés selon la plus récente mise à jour de la 10<sup>e</sup> révision de la Classification internationale des maladies (CIM-10) de l'Organisation mondiale de la santé.

Le meilleur code est le plus précis par rapport à l'affection ou au problème de santé à coder.

Un diagnostic associé non codé avec la CIM-10 ou utilisant un code de la CIM-10 considéré comme imprécis pourra être considéré comme suspect de non qualité.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 181 :

Fonction	: amélioration de la qualité
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de séquences avec Imprecis in ('1', '2') pour au moins une sousséquence par séquence
Dénominateur	: sans objet
Table utilisée	: DiagInfo-MCO
Alerte	: si nombre de séquences > 0



**N° du test : 181.2**

**Intitulé : Nombre de séquences avec un code CIM-10 en DCMPA imprécis**

**Type : amélioration de la qualité**

**Sélection séquences : oui**

**Mode de recueil des diagnostics : n°2**

### I. Description

Ce test recherche les séquences avec au moins un code CIM-10 en position de diagnostic correspondant au mode de prise en charge associé (DCMPA) considéré comme imprécis (utilisation d'un code catégorie alors qu'il existe des codes de sous-catégories).

Ce test évalue la qualité de l'enregistrement des diagnostics associés.

### II. Lecture – Interprétation

Le(s) DCMPA comprennent les affections, problèmes de santé et autres facteurs (sociaux, familiaux...) pris en charge par l'équipe d'HAD. Il(s) est(sont) codé(s) selon la plus récente mise à jour de la 10<sup>ème</sup> révision de la Classification internationale des maladies (CIM-10) de l'Organisation Mondiale de la Santé.

Le meilleur code est le plus précis par rapport à l'affection ou au problème de santé à coder.

Un DCMPA non codé avec la CIM-10 ou utilisant un code de la CIM-10 considéré comme imprécis pourra être considéré comme suspect de non qualité.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 181.2 :

Fonction	: amélioration de la qualité
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de séquences avec Imprecis in ('1', '2') pour au moins un DCMPA d'une sousséquence par séquence décrite avec le mode recueil n°2
Dénominateur	: sans objet
Table utilisée	: DiagInfo-MCO
Alerte	: si nombre de séquences > 0



**N° du test : 182**

**Intitulé : Nombre de séquences avec un code CIM-10 incompatible avec le sexe ou l'âge en DA**

**Type : amélioration de la qualité**

**Sélection séquences : oui**

### I. Description

Ce test recherche les séquences avec au moins un diagnostic associé (DA) incompatible avec le sexe ou l'âge.

Ce test évalue la qualité de l'enregistrement des DA, du sexe (homme ou femme) ou de l'âge.

### II. Lecture – Interprétation

Les DA comprennent les affections, problèmes de santé et autres facteurs (sociaux, familiaux...) pris en charge par l'équipe d'HAD. Ils sont codés selon la plus récente mise à jour de la 10<sup>e</sup> révision de la *Classification internationale des maladies* (CIM-10) de l'Organisation mondiale de la santé.

Un DA utilisant un code CIM-10 considéré comme incompatible avec le sexe ou l'âge enregistré pourra être considéré comme suspect de non qualité.

Six tranches d'âge sont définies et à chacune d'elle est associée une liste de diagnostics hautement improbables :

- CL1V : diagnostic improbable avec un âge < 29 jours ;
- CL2V : diagnostic improbable avec un âge ≥ 29 jours et < 1 an ;
- CL3V : diagnostic improbable avec un âge ≥ 1an et < 10 ans ;
- CL4V : diagnostic improbable avec un âge ≥ 10 ans et < 20 ans ;
- CL5V : diagnostic improbable avec un âge ≥ 20 ans et < 65ans ;
- CL6V : diagnostic improbable avec un âge ≥ 65ans.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 182 :

- Fonction : amélioration de la qualité
- Valeur résultat : dénombrement
- Numérateur : nombre de séquences avec [ (sexe = '1' et sexD = '2') ou (sexe = '2' et sexD = '1') ou CL1V = '1' ou CL2V = '1' ou CL3V = '1' ou CL4V = '1' ou CL5V = '1' ou CL6V = '1' ] pour au moins une sousséquence par séquence
- Dénominateur : sans objet
- Table utilisée : DiagInfo-MCO
- Alerte : si nombre de séquences > 0



**N° du test : 182.2**  
**Intitulé : Nombre de séquences avec un code CIM-10 incompatible avec le sexe ou l'âge en DCPMA**

**Type : amélioration de la qualité**  
**Sélection séquences : oui**  
**Mode de recueil des diagnostics : n°2**

### I. Description

Ce test recherche les séquences avec au moins un diagnostic correspondant au mode de prise en charge associé (DCMPA) incompatible avec le sexe ou l'âge.

Ce test évalue la qualité de l'enregistrement des DCPMA, du sexe (homme ou femme) ou de l'âge.

### II. Lecture – Interprétation

Le(s) DCPMA comprennent les affections, problèmes de santé et autres facteurs (sociaux, familiaux...) pris en charge par l'équipe d'HAD.

Il(s) est(sont) codé(s) selon la plus récente mise à jour de la 10<sup>ème</sup> révision de la Classification internationale des maladies (CIM-10) de l'Organisation Mondiale de la Santé.

Un DCPMA utilisant un code CIM-10 considéré comme incompatible avec le sexe ou l'âge enregistré pourra être considéré comme suspect de non qualité.

Six tranches d'âge sont définies et à chacune d'elle est associée une liste de diagnostics hautement improbables :

- CL1V : diagnostic improbable avec un âge < 29 jours ;
- CL2V : diagnostic improbable avec un âge ≥ 29 jours et < 1 an ;
- CL3V : diagnostic improbable avec un âge ≥ 1an et < 10 ans ;
- CL4V : diagnostic improbable avec un âge ≥ 10 ans et < 20 ans ;
- CL5V : diagnostic improbable avec un âge ≥ 20 ans et < 65ans ;
- CL6V : diagnostic improbable avec un âge ≥ 65ans.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 182.2 :

Fonction	: amélioration de la qualité
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de séquences avec [ (sexe = '1' et sexD = '2') ou (sexe = '2' et sexD = '1') ou CL1V = '1' ou CL2V = '1' ou CL3V = '1' ou CL4V = '1' ou CL5V = '1' ou CL6V = '1' ] pour au moins un DCPMA d'une sousséquence par séquence décrite avec le mode recueil n°2
Dénominateur	: sans objet
Table utilisée	: DiagInfo-MCO
Alerte	: si nombre de séquences > 0



**N° du test : 183.2**  
**Intitulé : Nombre de séquences avec aucun diagnostic correspondant au mode de prise en charge associé compatible avec le mode de prise en charge associé**

**Type : amélioration de la qualité**  
**Sélection séquences : oui**  
**Mode de recueil des diagnostics : n°2**

### I. Description

Ce test recherche les séquences pour lesquelles aucun diagnostic correspondant au mode de prise en charge associé (DCMPA) n'est jugé compatible avec le mode de prise en charge associé (MPA), à dire d'expert.

Ce test évalue la qualité de l'enregistrement du (des) diagnostic(s) associé(s).

### II. Lecture – Interprétation

Le(s) DCMPA comprennent les affections, problèmes de santé et autres facteurs (sociaux, familiaux...) pris en charge par l'équipe d'HAD.

Il(s) est(sont) codé(s) selon la plus récente mise à jour de la 10<sup>ème</sup> révision de la Classification internationale des maladies (CIM-10) de l'Organisation Mondiale de la Santé.

Si l'ensemble du(des) DCMPA utilisant un code CIM-10 sont considérés comme incompatibles avec le MPA, le codage du(des) DCMPA pourra être considéré comme suspect de non qualité.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 183.2 :

Fonction	: amélioration de la qualité
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de séquences avec Incomp_MP = '1' pour chaque DCMPA des sous-séquences de chaque séquence décrite avec le mode recueil n°2
Dénominateur	: sans objet
Table utilisée	: Diag_MP_Info
Alerte	: si nombre de séquences > 0





**N° du test : 184**  
**Intitulé : Pourcentage de séquences avec un mode de prise en charge associé renseigné et aucun diagnostic associé**

**Type : amélioration de la qualité**  
**Sélection séquences : oui**  
**Mode de recueil des diagnostics : n°1**

### I. Description

Ce test calcule le pourcentage de séquences pour lesquelles a été renseigné un mode de prise en charge associé (MPA), mais aucun diagnostic associé (DA), parmi l'ensemble des séquences avec un MPA renseigné.

Ce test évalue la qualité de l'enregistrement du (des) diagnostic(s) associé(s).

### II. Lecture – Interprétation

Les diagnostics associés comprennent les affections, problèmes de santé et autres facteurs (sociaux, familiaux...) coexistant avec le diagnostic principal (DP) et pris en charge par l'équipe d'HAD. Ils sont codés selon la plus récente mise à jour de la 10<sup>e</sup> révision de la Classification internationale des maladies (CIM-10) de l'Organisation mondiale de la santé.

Si un MPA est renseigné, mais aucun DA, le codage du (des) diagnostic(s) associé(s) pourra être considéré comme suspect de non qualité, à type d'oubli.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 184 :

Fonction	: amélioration de la qualité
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de séquences avec [ (MPA différent de vide ou '00 – pas de protocole associé') et nombre de DA = 0 ] pour au moins une sousséquence de chaque séquence décrite avec le mode recueil n°1
Dénominateur	: nombre de séquences avec (MPA différent de vide ou '00 – pas de protocole associé') pour au moins une sousséquence de chaque séquence décrite avec le mode recueil n°1
Table utilisée	: sans objet
Alerte	: si pourcentage > 75 <sup>ème</sup> percentile (base nationale 2011)



**N° du test : 184.2**  
**Intitulé : Nombre de séquences avec un mode de prise en charge associé renseigné et aucun diagnostic correspondant au mode de prise en charge associé**

**Type : amélioration de la qualité**  
**Sélection séquences : oui**  
**Mode de recueil des diagnostics : n°2**

### I. Description

Ce test dénombre les séquences pour lesquelles a été renseigné un mode de prise en charge associé (MPA), mais aucun diagnostic correspondant au mode de prise en charge associé (DCMPA).

Ce test évalue la qualité de l'enregistrement du (des) DCMPA.

### II. Lecture – Interprétation

Le(s) DCMPA comprennent les affections, problèmes de santé et autres facteurs (sociaux, familiaux...) pris en charge par l'équipe d'HAD.

Il(s) est(sont) codé(s) selon la plus récente mise à jour de la 10<sup>ème</sup> révision de la Classification internationale des maladies (CIM-10) de l'Organisation Mondiale de la Santé.

Si un MPA est renseigné, mais aucun DCMPA, il s'agit a priori d'une erreur comme le mentionne le *Guide de production des résumés standardisés d'information de l'hospitalisation à domicile*, car un MPA suppose une affection le justifiant. Le codage pourra être considéré comme suspect de non qualité, à type d'oublie pour le(s) DCMPA ou de codage inadéquat pour le MPA.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 184.2 :

Fonction	: amélioration de la qualité
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de séquences avec [ (MPA différent de vide ou '00 – pas de protocole associé') et nombre de DCMPA = 0 ] pour au moins une sousséquence de chaque séquence décrite avec le mode recueil n°2
Dénominateur	: nombre de séquences avec (MPA différent de vide ou '00 – pas de protocole associé') pour au moins une sousséquence de chaque séquence décrite avec le mode recueil n°2
Table utilisée	: sans objet
Alerte	: si nombre de séquences > 0



**N° du test : 191**

**Intitulé : Nombre de séquences avec un groupage du RAPSS en GHPC réalisé par l'établissement différent du groupage réalisé par PAPRICA**

**Type : amélioration de la qualité**

**Sélection séquences : oui**

### I. Description

Ce test recherche les séquences avec un groupage en GHPC réalisé par l'établissement différent du groupage réalisé par PAPRICA.

Ce test évalue la conformité du groupage de l'établissement par rapport au groupage PAPRICA.

### II. Lecture – Interprétation

Le groupage en GHPC est réalisé selon un algorithme.

Si le groupage en GHPC de l'établissement est différent du groupage PAPRICA, il pourra être considéré comme suspect de non qualité.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 191 :

Fonction	: amélioration de la qualité
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de séquences avec $[\text{CodeRetour}_{\text{étab}}, \text{GHPC}_{\text{étab}}] \neq [\text{CodeRetour}_{\text{Paprica}}, \text{GHPC}_{\text{Paprica}}]$
Dénominateur	: sans objet
Table utilisée	: sans objet
Alerte	: si nombre de séquences > 0



**N° du test : 192**  
**Intitulé : Nombre de sousséquences avec au moins un groupage du RAPSS en GHT réalisé par l'établissement différent du groupage réalisé par PAPERICA**

**Type : amélioration de la qualité**  
**Sélection sousséquences : oui**

### I. Description

Ce test recherche les sousséquences avec au moins un groupage en GHT réalisé par l'établissement différent de celui réalisé par PAPERICA.

Ce test évalue la conformité du groupage de l'établissement par rapport au groupage PAPERICA.

### II. Lecture – Interprétation

Le groupage en GHT est réalisé selon un algorithme et aboutit au maximum à 4 GHT par sousséquence.

Si le groupage en GHT de l'établissement est différent du groupage PAPERICA, il pourra être considéré comme suspect de non qualité.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 192 :

Fonction	: amélioration de la qualité
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de sousséquences avec [NbJ1 <sub>étab</sub> GHT1 <sub>étab</sub> ] ≠ [NbJ1 <sub>Paprica</sub> GHT1 <sub>Paprica</sub> ] ou [NbJ2 <sub>étab</sub> GHT2 <sub>étab</sub> ] ≠ [NbJ2 <sub>Paprica</sub> GHT2 <sub>Paprica</sub> ] ou [NbJ3 <sub>étab</sub> GHT3 <sub>étab</sub> ] ≠ [NbJ3 <sub>Paprica</sub> GHT3 <sub>Paprica</sub> ] ou [NbJ4 <sub>étab</sub> GHT4 <sub>étab</sub> ] ≠ [NbJ4 <sub>Paprica</sub> GHT4 <sub>Paprica</sub> ]
Dénominateur	: sans objet
Table utilisée	: sans objet
Alerte	: si nombre de sousséquences > 0



**N° du test : 201**  
**Intitulé : Pourcentage de séquences avec une association MPPxMPA inattendue**

**Type : repérage d'atypies**  
**Sélection séquences : oui**

### I. Description

Les associations inattendues sont celles pointées dans l'appendice F du *Guide méthodologique de production des recueils d'information standardisés de l'hospitalisation à domicile 2012*.

Ce test calcule le pourcentage de séquences avec une association MPPxMPA inattendue parmi l'ensemble des séquences.

### II. Lecture – Interprétation

Certaines associations de MPP et MPA sont considérées comme inattendues. On se reportera à l'appendice F du *Guide méthodologique de production des recueils d'information standardisés de l'hospitalisation à domicile 2012* qui détaille les possibilités d'associations des modes de prise en charge en HAD.

Une association MPPxMPA inattendue peut faire suspecter une prise en charge inhabituelle, une inversion dans la hiérarchisation ou un codage atypique des modes de prise en charge.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 201 :

Fonction	: repérage d'atypies
Valeur résultat	: pourcentage
Numérateur	: nombre de séquences avec Autor = '1'
Dénominateur	: nombre total de séquences
Table utilisée	: MPP_MPA_Info
Alerte	: si pourcentage > 95 <sup>ème</sup> percentile (base nationale)



**N° du test** : 211  
**Intitulé** : **Pourcentage de séquences avec un IK inhabituellement bas pour le score AVQ**

**Type** : repérage d'atypies  
**Sélection séquences** : oui

### I. Description

Ce test calcule le pourcentage de séquences avec un indice de Karnofsky inhabituellement bas pour le score AVQ.

Ce test recherche les atypies de l'indice de Karnofsky par rapport au score AVQ.

### II. Lecture – Interprétation

L'indice de Karnofsky est saisi selon le tableau présenté dans l'appendice G du *Guide méthodologique de production des recueils d'information standardisés de l'hospitalisation à domicile*. Le recueil d'informations décrit l'état effectif du patient.

Le score global AVQ correspond à la somme des 6 items de la grille AVQ : alimentation, continence, déplacement, habillage, relation, comportement.

Six tranches d'âge sont définies et à chacune d'elle est associée une liste d'associations IKxAVQ inhabituelles où l'IK est trop bas pour le score AVQ :

- CL1W : IK inhabituellement bas pour le score AVQ avec un âge < 29 jours ;
- CL2W : IK inhabituellement bas pour le score AVQ avec un âge ≥ 29 jours et < 10 ans ;
- CL3W : IK inhabituellement bas pour le score AVQ avec un âge ≥ 10 ans et < 18 ans ;
- CL4W : IK inhabituellement bas pour le score AVQ avec un âge ≥ 18 ans et < 45 ans ;
- CL5W : IK inhabituellement bas pour le score AVQ avec un âge ≥ 45 ans et < 65 ans ;
- CL6W : IK inhabituellement bas pour le score AVQ avec un âge ≥ 65 ans.

Un indice de Karnofsky inhabituellement bas pour un score AVQ peut faire suspecter une minoration de l'IK.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 211 :

- Fonction : repérage d'atypies
- Valeur résultat : pourcentage
- Numérateur : nombre de séquences avec CL1W = '1' ou CL2W = '1' ou CL3W = '1' ou CL4W = '1' ou CL5W = '1' ou CL6W = '1' pour au moins une sous-séquence par séquence
- Dénominateur : nombre total de séquences
- Table utilisée : IK\_AVQ\_Info
- Alerte : si pourcentage > 95<sup>ème</sup> percentile (base nationale)



**N° du test** : 221  
**Intitulé** : **Pourcentage de séquences avec un IK inférieur au seuil minimal défini pour l'association MPPxMPA**

**Type** : repérage d'atypies  
**Sélection séquences** : oui

### I. Description

Les plages attendues d'IK pour chaque association MPPxMPA, et donc l'IK minimal attendu, sont définis dans l'appendice F du *Guide méthodologique de production des recueils d'information standardisés de l'hospitalisation à domicile 2012*.

Ce test calcule le pourcentage de séquences avec un IK inférieur au seuil minimal défini pour l'association MPPxMPA, parmi l'ensemble des séquences.

Ce test recherche les atypies de l'indice de Karnofsky par rapport à l'association MPPxMPA.

### II. Interprétation

Pour certaines associations de modes de prise en charge ont été définies un seuil minimum pour l'Indice de Karnofsky, à dire d'expert.

En cas d'IK inférieur au seuil, l'enregistrement de l'IK peut faire suspecter une minoration de cet indice de Karnofsky.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 221 :

Fonction	: repérage d'atypies
Valeur résultat	: pourcentage
Numérateur	: nombre de séquences avec $IK_{minmax} = '1'$
Dénominateur	: nombre total de séquences
Table utilisée	: MPP_MPA_IK_Info
Alerte	: si pourcentage > 95 <sup>ème</sup> percentile (base nationale)



**N° du test** : 231

**Intitulé** : Nombre de séjours de 9 à 23 jours hors décès avec un nombre de séquences élevé

**Type** : repérage d'atypies

**Sélection séjours** : oui

### I. Description

Ce test dénombre les séjours, hors sortie par décès, pour lesquels on observe un nombre de séquences élevé compte tenu de la durée totale du séjour. Le nombre « élevé » de séquences est fixé en fonction de critères statistiques et de la durée totale du séjour.

Ce test recherche les séjours de 9 à 23 jours avec un nombre atypique de séquences.

### II. Lecture – Interprétation

Une séquence de soins est définie par une combinaison particulière du MPP, du MPA et de l'IK. Une séquence est terminée lorsqu'au moins l'une de ces trois variables est modifiée. MPP, MPA et IK sont évalués au moins une fois par semaine.

La classification des GHT prend en compte la durée de prise en charge au sein d'une séquence de soins, sous la forme de 4 tranches de durée, auxquelles sont associées une pondération dégressive :

- première tranche du 1<sup>er</sup> au 4<sup>ème</sup> jour inclus : pondération = 1 ;
- deuxième tranche du 5<sup>ème</sup> au 9<sup>ème</sup> jour inclus : pondération = 0,7613 ;
- troisième tranche du 10<sup>ème</sup> au 30<sup>ème</sup> jour inclus : pondération = 0,6765 ;
- quatrième et dernière tranche à partir du 31<sup>ème</sup> jour : pondération = 0,6300.

Le test établit un ratio entre une durée de séjour pondérée (à chaque journée est appliqué le coefficient des tranches de prise en charge : 1-4 jours, etc...) et la durée de séjour observée. Ce ratio est comparé à une valeur de référence nationale en fonction de la durée de séjour.

Un nombre de séquences considéré comme élevé compte tenu de la durée totale du séjour peut faire suspecter une stratégie de modification d'une des trois variables afin de mieux valoriser le séjour.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 231 :

Fonction	: repérage d'atypies
Valeur résultat	: dénombrement
Indicateur	: nombre N1 de séjours complets* de [9 - 23] jours avec mode de sortie ≠ '9' et (durée pondérée par les coefficients des tranches de prise en charge / durée brute) > limite de la durée pondérée selon la durée totale du séjour (96 <sup>ème</sup> percentile)
Table utilisée	: tests_231_232_REF
Alerte	: si $N1/N_{9j-23j} * \sqrt{N_{9j-23j}} > 2$ avec $N_{9j-23j}$ = nombre de séjours complets avec durée totale de [9-23] jours et mode de sortie ≠ '9', hors séjours avec une durée incohérente*

\* séjours clos (indicateur « dernière sousséquence du séjour » à 1 et aucune erreur de la liste ['S603', 'S605', 'S650', 'S651', 'E700', 'E701', 'E702', 'E703', 'E704', 'E705', 'E706', 'E707', 'E708', 'R800', 'R801']) avec au moins une sousséquence de la première séquence présente dans le fichier analysé





**N° du test** : 232  
**Intitulé** : Nombre de séjours de plus de 23 jours avec un nombre de séquences élevé

**Type** : repérage d'atypies  
**Sélection séjours** : oui

### I. Description

Ce test dénombre les séjours pour lesquels on observe un nombre de séquences élevé compte tenu de la durée totale du séjour. Le nombre « élevé » de séquences est fixé en fonction de critères statistiques, de la durée totale du séjour et du mode de sortie (décès *versus* hors décès).

Ce test recherche les séjours de plus de 23 jours avec un nombre atypique de séquences.

### II. Lecture – Interprétation

Une séquence de soins est définie par une association particulière du MPP, du MPA et de l'IK. Une séquence est terminée lorsqu'au moins l'une des trois variables est modifiée. MPP, MPA et IK sont évalués au moins une fois par semaine.

La classification des GHT prend en compte la durée de prise en charge au sein d'une séquence de soins, sous la forme de 4 tranches de durée, auxquelles sont associées une pondération dégressive :

- première tranche du 1<sup>er</sup> au 4<sup>ème</sup> jour inclus : pondération = 1 ;
- deuxième tranche du 5<sup>ème</sup> au 9<sup>ème</sup> jour inclus : pondération = 0,7613 ;
- troisième tranche du 10<sup>ème</sup> au 30<sup>ème</sup> jour inclus : pondération = 0,6765 ;
- quatrième et dernière tranche à partir du 31<sup>ème</sup> jour : pondération = 0,6300.

Le test établit un ratio entre une durée de séjour pondérée (à chaque journée est appliqué le coefficient des tranches de prise en charge : 1-4 jours, etc...) et la durée de séjour observée. Ce ratio est comparé à une valeur de référence nationale en fonction de la durée de séjour.

Un nombre de séquences considéré comme élevé compte tenu de la durée totale du séjour et du mode de sortie peut faire suspecter une stratégie de modification d'une des trois variables afin de mieux valoriser le séjour.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 232 :

Fonction	: repérage d'atypies
Valeur résultat	: dénombrement
Indicateur	: nombre N1 de séjours complets* de plus de 23 jours avec (durée pondérée par les coefficients des tranches de prise en charge / durée brute) > limite supérieure de la durée pondérée selon la durée totale du séjour et le mode de sortie (décès <i>versus</i> hors décès) (96 <sup>ème</sup> percentile)
Table utilisée	: tests_231_232_REF
Alerte	: si $N1/N_{>23j} * \sqrt{N_{>23j}} > 1,5$ avec $N_{>23j}$ = nombre de séjours complets dont la durée totale est supérieure à 23 jours, hors séjours avec une durée incohérente*

\* séjours clos (indicateur « dernière sousséquence du séjour » à 1 et aucune erreur de la liste ['S603', 'S605', 'S650', 'S651', 'E700', 'E701', 'E702', 'E703', 'E704', 'E705', 'E706', 'E707', 'E708', 'R800', 'R801']) avec au moins une sousséquence de la première séquence présente dans le fichier analysé



**N° du test** : 233  
**Intitulé** : Nombre de séjours avec un changement répété de variables qui déterminent une séquence (MPP, MPA, IK)

**Type** : repérage d'atypies  
**Sélection séjours** : oui

### I. Description

Ce test dénombre les séjours pour lesquels on observe des changements de séquences liés à un changement répété du mode de prise en charge principal (MPP) et/ou du mode de prise en charge associé (MPA) et/ou de l'Indice de Karnofsky (IK).

Ce test recherche les séjours avec un changement atypique des variables qui déterminent une séquence.

### II. Lecture – Interprétation

Une séquence de soins est définie par une association particulière du MPP, du MPA et de l'IK. Toute modification d'une de ces trois variables entraîne un changement de séquence.

La classification des groupes homogènes de tarifs (GHT) prend en compte la durée de prise en charge au sein d'une séquence de soins, sous la forme de 4 tranches de durée, auxquelles sont associées une pondération dégressive :

- première tranche du 1<sup>er</sup> au 4<sup>ème</sup> jour inclus : pondération = 1 ;
- deuxième tranche du 5<sup>ème</sup> au 9<sup>ème</sup> jour inclus : pondération = 0,7613 ;
- troisième tranche du 10<sup>ème</sup> au 30<sup>ème</sup> jour inclus : pondération = 0,6765 ;
- quatrième et dernière tranche à partir du 31<sup>ème</sup> jour : pondération = 0,6300.

Un changement répété des variables qui déterminent une séquence peut faire suspecter une stratégie de modification d'une des trois variables afin de mieux valoriser le séjour.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 233 :

Fonction : repérage d'atypies  
Valeur résultat : dénombrement  
Indicateur : nombre N1 de séjours complets \* avec nombre de séquences > 3 avec (nombre de valeurs distinctes de la variable du triplet / nombre de changements de séquences dus à une modification de la variable du triplet) < limite du ratio pour la variable du triplet, selon le nombre de séquences du séjour  
Table utilisée : test\_233\_REF  
Alerte : si  $N1/N_{>3s} * \sqrt{N_{>3s}} > 2$   
avec  $N_{>3s}$  = nombre de séjours complets avec plus de 3 séquences \*

---

\* séjours clos (indicateur « dernière sousséquence du séjour » à 1 et aucune erreur de la liste ['S603', 'S605', 'S650', 'S651', 'E700', 'E701', 'E702', 'E703', 'E704', 'E705', 'E706', 'E707', 'E708', 'R800', 'R801']) avec au moins une sousséquence de la première séquence présente dans le fichier analysé



**N° du test** : 241

**Intitulé** : Pourcentage de séquences avec une valorisation élevée

**Type** : repérage d'atypies

**Sélection séquences** : oui

### I. Description

Ce test calcule le pourcentage de séquences avec au moins un group homogène de tarif (GHT) dont le numéro est supérieur ou égal à 22, c'est-à-dire avec au moins une partie des journées avec une valorisation élevée (hors GHT=99).

Ce test recherche une répartition atypique de la valorisation des séquences.

### II. Interprétation

La rémunération de la structure d'HAD consiste essentiellement dans le versement d'un forfait journalier de séjour et de soins appelé groupe homogène de tarifs (GHT), dont le montant résulte des pondérations associées aux combinaisons autorisées de quatre variables fondamentales recueillies dans le système d'information décrit dans le guide : un mode de prise en charge principal, un mode de prise en charge associé éventuel, l'indice de Karnofsky et une durée de prise en charge.

Un pourcentage élevé de séquences avec une valorisation élevée peut faire suspecter un codage des informations pour obtenir une meilleure valorisation.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 241 :

Fonction	: repérage d'atypies
Valeur résultat	: pourcentage
Numérateur	: nombre de séquences avec $(22 \leq \text{GHT1}_{\text{Paprica}} < 99$ et $\text{NbGHT1} > 0$ ) ou $(22 \leq \text{GHT2}_{\text{Paprica}} < 99$ et $\text{NbGHT2} > 0$ ) ou $(22 \leq \text{GHT3}_{\text{Paprica}} < 99$ et $\text{NbGHT3} > 0$ ) ou $(22 \leq \text{GHT4}_{\text{Paprica}} < 99$ et $\text{NbGHT4} > 0$ ) pour au moins une sousséquence par séquence
Dénominateur	: nombre total de séquences
Table utilisée	: sans objet
Alerte	: si pourcentage > 95 <sup>ème</sup> percentile (base nationale)



**N° du test : 251**

**Intitulé : Pourcentage de séjours d'une durée inférieure à 2 jours**

**Type : repérage d'atypies**

**Sélection séjours : oui**

### I. Description

Ce test calcule la part de séjours clos très courts, soit d'une durée inférieure à 2 jours, parmi l'ensemble des séjours clos dans l'année, hors MPP pour « chimiothérapie anti-cancéreuse » et « transfusion sanguine ».

Ce test recherche un pourcentage atypique de séjours de moins de 2 jours.

### II. Lecture – Interprétation

L'hospitalisation à domicile fait partie des modalités d'hospitalisation régies par les dispositions du code de la santé publique. Elle a pour objet d'éviter une hospitalisation à temps complet ou d'en diminuer la durée (article R.6121-4 CSP). Il n'est pas habituel que ce séjour soit très court.

Un taux atypique de séjours très courts peut faire suspecter des prises en charge qui ne relèvent pas de l'hospitalisation à domicile, lorsqu'il ne s'agit pas de séjours pour « chimiothérapie anti-cancéreuse » ou pour « transfusion sanguine ».

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 251 :

Fonction	: repérage d'atypies
Valeur résultat	: pourcentage
Numérateur	: nombre de séjours clos* dans l'année avec durée < 2 jours et MPP not in ('05','18')
Dénominateur	: nombre de séjours clos *
Table utilisée	: sans objet
Alerte	: si supérieur au 95 <sup>ème</sup> percentile (base nationale)

---

\* séjours avec indicateur « dernière sous-séquence du séjour » à 1 et aucune erreur de la liste ['S603', 'S605', 'S650', 'S651', 'E700', 'E701', 'E702', 'E703', 'E704', 'E705', 'E706', 'E707', 'E708', 'R800', 'R801']



**N° du test : 252**

**Intitulé : Pourcentage de séjours d'une durée supérieure à 30 jours**

**Type : repérage d'atypies**

**Sélection séjours : oui**

### I. Description

Ce test calcule la part de séjours clos d'une durée supérieure à 30 jours parmi l'ensemble des séjours dans l'année.

Ce test recherche un pourcentage atypique de séquences avec une durée supérieure à 30 jours.

### II. Lecture – Interprétation

Une séquence de soins est définie par une combinaison particulière du MPP, du MPA et de l'IK. Une séquence est terminée lorsqu'au moins l'une des trois variables est modifiée. MPP, MPA et IK sont évalués au moins une fois par semaine.

La classification des GHT prend en compte la durée de prise en charge au sein d'une séquence de soins, sous la forme de 4 tranches de durée, auxquelles sont associées une pondération dégressive :

- première tranche du 1<sup>er</sup> au 4<sup>ème</sup> jour inclus : pondération = 1 ;
- deuxième tranche du 5<sup>ème</sup> au 9<sup>ème</sup> jour inclus : pondération = 0,7613 ;
- troisième tranche du 10<sup>ème</sup> au 30<sup>ème</sup> jour inclus : pondération = 0,6765 ;
- quatrième et dernière tranche à partir du 31<sup>ème</sup> jour : pondération = 0,6300.

Un taux atypique de séjours d'une durée supérieure à 30 jours peut faire suspecter un maintien de l'hospitalisation à domicile alors que le patient n'en relève plus. Ce taux peut également traduire une particularité de recrutement des patients.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 252 :

Fonction	: repérage d'atypies
Valeur résultat	: pourcentage
Numérateur	: nombre de séjours clos <sup>♦</sup> avec durée > 30 jours
Dénominateur	: nombre de séjours clos <sup>♦</sup>
Table utilisée	: sans objet
Alerte	: si supérieur au 95 <sup>ème</sup> percentile (base nationale)

---

<sup>♦</sup> séjours clos (indicateur « dernière sousséquence du séjour » à 1 et aucune erreur de la liste ['S603', 'S605', 'S650', 'S651', 'E700', 'E701', 'E702', 'E703', 'E704', 'E705', 'E706', 'E707', 'E708', 'R800', 'R801']) avec au moins une sousséquence de la première séquence présente dans le fichier analysé



**N° du test : 261**  
**Intitulé : Nombre de séjours avec chevauchement de journées de prise en charge**

**Type : repérage d'atypies**  
**Sélection résumés : oui**

### I. Description

Ce test calcule le nombre de séjours où au moins une journée de prise en charge est également comprise dans le séjour immédiatement précédent, hors séjours concernant des jumeaux.

Il s'agit des séjours pour lesquels on a :

- séjours avec mode de sortie hors transfert/mutation : date d'entrée antérieure ou égale à la date de sortie du séjour précédent,
- séjours avec mode de sortie transfert/mutation : date d'entrée strictement antérieure à la date de sortie du séjour précédent.

### II. Lecture – Interprétation

L'hospitalisation à domicile fait partie des modalités d'hospitalisation régies par les dispositions du code de la santé publique. Elle a pour objet d'éviter une hospitalisation à temps complet ou d'en diminuer la durée (article R.6121-4 CSP). Il n'est pas prévu de séjours simultanés.

En HAD, chaque journée est valorisée, sauf en cas de mutation ou de transfert : la dernière journée d'un séjour avec un mode de sortie 'mutation' ou 'transfert' n'est pas comptabilisée dans la valorisation.

Des hospitalisations avec chevauchement d'une (de) journée(s) de prise en charge peuvent faire suspecter une double prise en charge pour la même période d'hospitalisation.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 261 :

Fonction	: repérage d'atypies
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de séjours avec (date d'entrée < date de sortie séjour précédent si mode de sortie in ('6','7') pour le séjour précédent) ou (date d'entrée ≤ date de sortie séjour précédent si mode de sortie not in ('6','7') pour le séjour précédent), codes retours à '0', à l'exclusion des jumeaux (même sexe, âge < 60 jours) et des séjours non clos* pour le séjour précédent
Dénominateur	: sans objet
Table utilisée	: sans objet
Alerte	: si nombre de séjours > 0

\* séjours clos (indicateur « dernière sousséquence du séjour » à 1 et aucune erreur de la liste ['S603', 'S605', 'S650', 'S651', 'E700', 'E701', 'E702', 'E703', 'E704', 'E705', 'E706', 'E707', 'E708', 'R800', 'R801']) avec au moins une sousséquence de la première séquence présente dans le fichier analysé => on ne peut calculer une date de fin certaine pour ces séjours et on ne recherche donc pas de chevauchement entre un séjour de ce type et celui qui le suit immédiatement



**N° du test** : 262  
**Intitulé** : Nombre de séjours contigus

**Type** : repérage d'atypies  
**Sélection séjours** : oui

### I. Description

Ce test calcule le nombre de séjours débutant, pour un même patient, le lendemain de la date de sortie du séjour précédent, hors transferts/mutations à la fin du séjour précédent.

Ce test recherche les réadmissions des patients dans un délai atypique.

### II. Lecture – Interprétation

Toute absence du patient pour une hospitalisation hors du domicile incluant une nuitée interrompt l'hospitalisation à domicile. En revanche des actes de diagnostics, de surveillance ou de traitement (chimiothérapie, radiothérapie, dialyse, transfusion sanguine, etc.), subis par un patient dans un établissement de santé au cours d'une journée sans absence de nuit, ou des explorations diagnostiques ou de surveillance spécifiquement nocturnes (polysomnographie...), n'interrompent pas le séjour, quel que soit le mode de tarification de ces actes.

Une réadmission le jour suivant peut faire suspecter une fragmentation du séjour pour bénéficier d'une meilleure valorisation du séjour ou une méconnaissance des règles de sortie du séjour.

### III. Caractéristiques techniques

Test n° 262 :

Fonction	: repérage d'atypies
Valeur résultat	: dénombrement
Numérateur	: nombre de séjours avec date d'entrée = date de sortie séjour précédent + 1 et codes retours à '0', à l'exclusion des jumeaux (même sexe, âge < 60 jours), mode de sortie mutation/transfert pour le séjour précédent et séjour non clos* pour le séjour précédent
Dénominateur	: sans objet
Table utilisée	: sans objet
Alerte	: si nombre de séjours > 0

---

\* séjours clos (indicateur « dernière sousséquence du séjour » à 1 et aucune erreur de la liste ['S603', 'S605', 'S650', 'S651', 'E700', 'E701', 'E702', 'E703', 'E704', 'E705', 'E706', 'E707', 'E708', 'R800', 'R801']) avec au moins une sousséquence de la première séquence présente dans le fichier analysé => on ne peut calculer une date de fin certaine pour ces séjours et on ne recherche donc pas de chevauchement entre un séjour de ce type et celui qui le suit immédiatement



## **5. Annexes**

### **5.1 Sigles utilisés**

AVQ	Activités de la vie quotidienne
ARS	Agence régionale de santé
ATIH	Agence technique de l'information sur l'hospitalisation
CIM-10	Classification internationale des maladies, dixième révision
CSP	Code de la santé publique
DP	Diagnostic principal
DA	Diagnostic associé
DATIM	Détection des atypies de l'information médicale
DCMPA	Diagnostic correspondant au mode de prise en charge associé
DCMPP	Diagnostic correspondant au mode de prise en charge principal
EHPA	Etablissement d'hébergement pour personnes âgées
FINESS	Fichier national des établissements sanitaires et sociaux
GHPC	Groupe homogène de prise en charge
GHT	Groupe homogène de tarifs
HAD	Hospitalisation à domicile
IK	Indice de Karnofsky
MPA	Mode de prise en charge associé
MPAD	Mode de prise en charge associé documentaire
MP	Mode de prise en charge
MPP	Mode de prise en charge principal
Nb	Nombre de
PEC	Prise en charge
RAPSS	Résumé anonyme par sous séquence
T2A	Tarifcation à l'activité
/	Par





## 5.2 Tables utilisées

### Diag\_MP\_INFO

<i>Nom</i>	<i>Libellé</i>	<i>Modalités</i>
<b>DIAG</b>	Code CIM-10 du DP ou de l'un des DA	
<b>INCOMP_MP01</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 01	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP02</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 02	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP03</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 03	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP04</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 04	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP05</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 05	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP06</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 06	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP07</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 07	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP08</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 08	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP09</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 09	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP10</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 10	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP11</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 11	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP12</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 12	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP13</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 13	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP14</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 14	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP15</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 15	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP17</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 17	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP18</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 18	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP19</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 19	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP20</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 20	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP21</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 21	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP22</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 22	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP24</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPP, MPA) 24	0 : compatible 1 : incompatible
<b>INCOMP_MP25</b>	Caractère d'incompatibilité entre un diagnostic (DP, DA) et un mode de prise en charge (MPA) 25	0 : compatible 1 : incompatible

### DIAGINFO (MCO)

<i>Nom</i>	<i>Libellé</i>	<i>Modalités</i>
<b>DIAG</b>	Code Cim10 du diagnostic	Avec extension éventuelle
<b>SEXD</b>	Diagnostic incompatible avec un sexe	(1 : diagnostic uniquement chez l'homme ; 2 : diagnostic uniquement chez la femme ; 0 : pas d'incompatibilité)
<b>CL1V</b>	Diagnostic improbable pour un âge ≤ 28 jours	1 : OUI 0 : NON
<b>CL2V</b>	Diagnostic improbable pour un âge > 28 jours et < 1 an	1 : OUI 0 : NON
<b>CL3V</b>	Diagnostic improbable pour un âge compris 1 et 9 ans	1 : OUI 0 : NON
<b>CL4V</b>	Diagnostic improbable pour un âge compris 10 et 19 ans	1 : OUI 0 : NON
<b>CL5V</b>	Diagnostic improbable pour un âge compris 20 et 64 ans	1 : OUI 0 : NON



**Agence technique de l'Information sur l'Hospitalisation**

<b>CL6V</b>	Diagnostic improbable pour un âge ≥ 65 ans	1 : OUI 0 : NON
<b>IMPRECIS</b>	Imprécision du diagnostic	0 : RAS 1 : imprécis 2 : très imprécis

**IK\_AVQ\_INFO**

<b>Nom</b>	<b>Libellé</b>	<b>Modalités</b>
<b>IK</b>	Indice de Karnofsky	10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90, 100
<b>AVQ</b>	Score global de la grille d'Activités de la Vie Quotidienne	[ 6 - 24 ]
<b>CL1W</b>	IK inhabituellement bas pour le score AVQ pour un âge ≤ 28 jours	0 : habituelle 1 : inhabituelle
<b>CL2W</b>	IK inhabituellement bas pour le score AVQ pour un âge ≥ 29 jours et < 10 ans	0 : habituelle 1 : inhabituelle
<b>CL3W</b>	IK inhabituellement bas pour le score AVQ pour un âge ≥ 10 ans et < 18 ans	0 : habituelle 1 : inhabituelle
<b>CL4W</b>	IK inhabituellement bas pour le score AVQ pour un âge ≥ 18 ans et < 45 ans	0 : habituelle 1 : inhabituelle
<b>CL5W</b>	IK inhabituellement bas pour le score AVQ pour un âge ≥ 45 ans et < 65 ans	0 : habituelle 1 : inhabituelle
<b>CL6W</b>	IK inhabituellement bas pour le score AVQ pour un âge ≥ 65 ans	0 : habituelle 1 : inhabituelle

**MP\_INFO**

<b>Nom</b>	<b>Libellé</b>	<b>Modalités</b>
<b>MP</b>	Mode de prise en charge	01 à 15, 17 à 22, 24 à 25
<b>SEXD</b>	Mode de prise en charge incompatible avec un sexe	(1 : MP uniquement chez l'homme ; 2 : MP uniquement chez la femme ; 0 : pas d'incompatibilité)
<b>CL1W</b>	Mode de prise en charge improbable pour un âge ≤ 28 jours	1 : OUI 0 : NON
<b>CL2W</b>	Mode de prise en charge improbable pour un âge ≥ 29 jours et < 10 ans	1 : OUI 0 : NON
<b>CL3W</b>	Mode de prise en charge improbable pour un âge ≥ 10 ans et < 18 ans	1 : OUI 0 : NON
<b>CL4W</b>	Mode de prise en charge improbable pour un âge ≥ 18 ans et < 45 ans	1 : OUI 0 : NON
<b>CL5W</b>	Mode de prise en charge improbable pour un âge ≥ 45 ans et < 65 ans	1 : OUI 0 : NON
<b>CL6W</b>	Mode de prise en charge improbable pour un âge ≥ 65 ans	1 : OUI 0 : NON

**MPP\_MPA\_INFO**

<b>Nom</b>	<b>Libellé</b>	<b>Modalités</b>
<b>MPP</b>	Mode de prise en charge principal	
<b>MPA</b>	Mode de prise en charge associé	
<b>AUTOR</b>	Statut de l'association MPPxMPA	0 : autorisée 1 : inattendue 2 : non autorisée 4 : autorisée si confirmation de codage
<b>IKMIN</b>	Indice de Karnofsky minimal défini pour l'association MPPxMPA	10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90, 100
<b>IKMAX</b>	Indice de Karnofsky maximal défini pour l'association MPPxMPA	10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90, 100

**MPP\_MPA\_IK\_INFO**

<b>Nom</b>	<b>Libellé</b>	<b>Modalités</b>
<b>MPP</b>	Mode de prise en charge principal	
<b>MPA</b>	Mode de prise en charge associé	
<b>IK</b>	Indice de Karnofsky	10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90, 100
<b>IKMINMAX</b>	Statut de la combinaison MPPxMPAxIK	0 : autorisée 1 : IK inférieur au seuil minimal prévu 2 : IK supérieur au seuil maximal prévu