

Applicazione di strumenti di business intelligence agli studi epidemiologici in sanità pubblica veterinaria

Laura D'Este, Elena Mazzolini, Andrea Ponzoni, Giuseppe Arcangeli, Antonio Barberio, Lisa Barco, Monia Cocchi, Gabriella Conedera, Michela Corrà, Debora Dellamaria, Ilenia Drigo, Nicola Pozzato, Karin Trevisiol, Fabrizio Agnoletti

Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie

Abstract L'ottimizzazione degli strumenti di campionamento di convenienza per le ricerche in sanità animale rientra nell'applicazione delle strategie aziendali di process management. Allo scopo, l'IZSve ha introdotto QlikView, un prodotto di Business Intelligence (BI), nella pianificazione, gestione e monitoraggio dei sistemi di sorveglianza veterinaria. QlikView è stato affiancato al LIMS IZSve per individuare i campioni analitici, inviati ad IZSve per altre finalità, utilizzabili nei disegni di studio predisposti per tre diverse indagini epidemiologiche, tese a verificare la presenza o la prevalenza di microrganismi di interesse in sanità pubblica. Dopo 20 mesi di applicazione QlikView ha permesso di identificare e raccogliere il 98% dei campioni previsti dagli studi, offrendo in tal modo interessanti prospettive di supporto da parte degli strumenti di BI all'attività di ricerca e sorveglianza in veterinaria.

Keywords. Ricerca, Business Intelligence, Epidemiologia, QlikView

Introduzione

Negli ultimi anni negli Istituti Zooprofilattici Sperimentali si è osservata una contrazione dei budget dedicati alla ricerca, a fronte di una crescente necessità di sorvegliare la presenza, o talvolta la prevalenza, di agenti di interesse in sanità pubblica, adottando numerosità campionarie sufficientemente rappresentative della popolazione di riferimento. L'IZSve ha una popolazione di riferimento estremamente ampia, sia in senso geografico (area di provenienza) che per l'origine dei campioni analitici, rappresentati da animali, alimenti o ambiente. Ogni anno vengono conferiti ad IZSve un milione e mezzo di campioni originati dall'attività di sorveglianza veterinaria, dal servizio di diagnostica delle malattie infettive e dal controllo degli alimenti. Questi campioni possono essere riutilizzati per altri studi; a tale proposito dal 2015, per due progetti di ricerca e tre diversi studi epidemiologici, è stato utilizzato un campionamento di convenienza impiegando strumenti di Business Intelligence (QlikView) applicati alla base di dati di supporto del LIMS per la selezione, la verifica e l'arruolamento dei campioni per indagare: a) la presenza di *Clostridium difficile* in molluschi eduli bivalvi; b) la diffusione di *Staphylococcus aureus* meticillino resistente (MRSA) in latte bovino; c) la diffusione di *Escherichia coli* produttori di beta-lattamasi a spettro esteso (*E. coli* ESBL+) in bovini, suini, cani e pollame. QlikView era utilizzato in IZSve dal 2008 per finalità di controllo di gestione e questo lavoro descrive la prima applicazione epidemiologica di tale stru-

mento in IZSVe a supporto del campionamento di convenienza.

1. Materiali e Metodi

Per i tre studi epidemiologici è stato predisposto un disegno che identificava la popolazione di riferimento, l'unità epidemiologica (l'animale, l'allevamento oppure l'area geografica), la definizione del campione arruolabile (ovvero la matrice biologica idonea all'analisi), la numerosità campionaria rispetto all'obiettivo di studio ed infine la distribuzione temporale del campionamento di convenienza.

L'analisi dei dati storici ha permesso di individuare le numerosità campionarie tenendo in considerazione il bacino di utenza dei laboratori coinvolti nella ricerca e l'origine geografica dei campioni, rendendo così possibile l'applicazione di un campionamento di convenienza proporzionale alla popolazione di riferimento (quest'ultima individuata dai dati reperibili in BDN) per la ricerca di MRSA nel latte, oppure l'area geografica di origine dei campioni di molluschi per la ricerca di C. difficile.

La ricerca di E. coli ESBL+ in suini, bovini e pollame è avvenuta in tutti i gruppi/allevamenti che conferivano campioni ad IZSVe utilizzando l'ID dell'allevamento (codice 317) per evitare l'overclustering, oppure arruolando tutti i soggetti disponibili nel caso della ricerca di E. coli ESBL+ nel cane. I campioni da arruolare sono stati quindi distribuiti in un periodo compreso tra i 16 e i 20 mesi, proporzionale all'attività del laboratorio e alla popolazione zootecnica di riferimento (solo per i bovini), a partire dal primo giorno di ogni mese. Per il campionamento dei molluschi è stato stabilito che ogni area geografica fosse ricandidabile all'arruolamento di nuovi campioni solo dopo un periodo proporzionale al numero di prelievi storici. Lo studio intendeva così arruolare in 20 mesi 600 campioni di molluschi, 1000 campioni di latte bovino, e 900 campioni di feci di bovino, suino e cane, e, in 16 mesi, ulteriori 500 campioni di feci da pollame.

Il disegno di studio e le sue modalità, le definizioni e gli assunti, sono stati quindi descritti in un modello decisionale (Figura 1) e in una matrice numerica che sono stati poi tradotti nel software di Business Intelligence QlikView. In Figura 2, viene descritto un esempio applicato di QlikView allo studio di C. difficile in due specie di molluschi. Tutti i campioni conferiti in Istituto e registrati nel LIMS aziendale (Izilab) sono stati dunque quotidianamente processati da QlikView per identificare attraverso una serie di flag la presenza di campioni consistenti con il modello decisionale e la matrice numerica dei diversi studi epidemiologici.

Questa elaborazione veniva svolta in due step: nel primo step QlikView selezionava tutti quei campioni che, all'atto della registrazione, presentavano caratteristiche tali da poter rientrare in uno degli studi effettuati. Nel secondo step venivano verificate le con-

	A	B	C	D	E	F
1	MATERIALE	SPECIE	LABORATORIO	ANALISI	MOTIVO DEL PRELIEVO	SUBACCERTAMENTO
2	PRODOTTI DELLA PESCA FRESCHI	MOLLUSCO VONGOLA	PN Alimenti Ufficiali	CONTA ESCHERICHIA COLI 8-GLUCORONIDASI POSITIVI (MPN)	PIANI LOCALI (REG-PROV)	PIANO MONITORAGGIO REGIONE FVG
3		MOLLUSCO VONGOLA (C. gallina)	PD Microbiologia Alimentare	RICERCA SALMONELLA SPP (KIT) IN 25G		MOLLUSCHI-MONITORAGGIO AMBITO
4		MOLLUSCO VONGOLA (R. decussatus)	AD Alimenti Ufficiali	SALMONELLA SPP. - IN 25G		
5		MOLLUSCO VONGOLA (R. philippinarum)	PD Biofood			
6		MOLLUSCO MITILO (M. galloprovincialis)				

Fig. 1

Esempio di modello decisionale per la ricerca di C. difficile in molluschi.

	A	B	C	D	E	F
1	UO	TIPO_MOLLUSCO	MESE	ANNO	NUMERO_CAMPIONI	MESI_ESCLUSIONE
2	AD Alimenti Ufficiali	M	11	2015	9999	0
3	PD Microbiologia Alimentare	M	11	2015	9999	2
4	PN Alimenti Ufficiali	M	11	2015	9999	0
5	AD Alimenti Ufficiali	V	11	2015	5	0
6	PD Microbiologia Alimentare	V	11	2015	9	9999
7	PN Alimenti Ufficiali	V	11	2015	4	0
8	AD Alimenti Ufficiali	M	12	2015	9999	0
9	PD Microbiologia Alimentare	M	12	2015	9999	2
10	PN Alimenti Ufficiali	M	12	2015	9999	0
11	AD Alimenti Ufficiali	V	12	2015	5	0
12	PD Microbiologia Alimentare	V	12	2015	8	9999
13	PN Alimenti Ufficiali	V	12	2015	4	0

Fig. 2
Esempio di traduzione in Excel del campionamento (modello decisionale e matrice numerica) dello studio epidemiologico per la ricerca di *C. difficile* in molluschi funzionale all'utilizzo in QlikView.

dizioni più complesse, come ad esempio il rispetto della rotazione dei luoghi di prelievo, il raggiungimento del limite di arruolamento per quello specifico laboratorio oppure l'avvenuto arruolamento di quel campione. Una volta identificati tramite delle clausole sui flag creati nello step precedente tutti i record pronti per essere segnalati, BIREPORT, un secondo prodotto specializzato in reportistica pixel perfect capace di estrarre i dati da QlikView, costruiva un report personalizzato per ogni laboratorio (Figura 3) segnalando a tutto il personale coinvolto nella ricerca tramite e-mail, la presenza di un campione candidabile allo studio. Il laboratorio verificava quindi la possibilità di effettuare l'arruolamento e, in caso positivo, procedeva inserendo le ricerche microbiologiche previste dallo studio per il campione selezionato.



RC 12/2014
SET: Sampling Enrolment Tool
Work Package 3: Clostridium difficile in molluschi
Mese di competenza: 6/2017

PD Microbiologia Alimentare - Mollusco Mitilo		Campioni da arruolare:	Tutti	Campioni arruolati:	2
Data di accettazione: 07/06/2017					
17/70539	042VE064	MOLLUSCO MITILO (M. galloprovincialis)			
Data di accettazione: 08/06/2017					
17/71132	008VE352	MOLLUSCO MITILO (M. galloprovincialis)			
PD Microbiologia Alimentare - Mollusco Vongola		Campioni da arruolare:	6	Campioni arruolati:	0
Data di accettazione: 08/06/2017					
17/71131	008VE436	MOLLUSCO VONGOLA (R. philippinarum)			

Fig. 3
Esempio di report giornaliero di SET prodotto da BIREPORT indirizzato al Laboratorio per l'arruolamento di campioni idonei alla ricerca di *C. difficile* in mitili

L'intero processo, rappresentato dal modello decisionale e dalla matrice numerica, dalle loro revisioni, dalla traduzione in QlikView e dalla produzione di avvisi e report tramite BIREPORT, è stato definito "Sampling Enrollment Tool" (SET). SET rappresenta quindi uno strumento informatico principalmente progettato per la conduzione di indagini epidemiologiche, a supporto dell'attività di campionamento e process management.

2. Risultati

Nel corso dei due progetti di ricerca SET ha permesso di monitorare l'arruolamento dei campioni per i tre diversi studi epidemiologici ed il calcolo delle performance del progetto:

campioni ottenuti rispetto ai previsti nel mese corrente e alla fine del progetto (Figura 4).

Con l'eccezione dello studio per la ricerca di E. coli ESBL+ in suini, e di E. coli ESBL+ in pollame (quest'ultimo tutt'ora in corso con performance corrente dell'89%) tutti gli altri studi (presenza di Clostridium difficile in molluschi, MRSA in latte bovino e E. coli ESBL+ nel bovino e nel cane) sono risultati in linea con quanto programmato, ottenendo a fine campionamento una performance compresa tra 93% e 117% rispetto al numero di campioni previsto. Per lo studio E. coli ESBL+ in suini, SET ha permesso di individuare già dalle prime fasi del progetto delle performance insoddisfacenti; gli interventi di mitigazione adottati sono risultati anch'essi insufficienti comportando la necessità di allungare i tempi di campionamento; questi problemi, tuttavia, sono attribuibili ad una sovrastima dei conferimenti di campioni suini a livello di disegno dello studio e non ad un difetto delle tecniche di arruolamento.

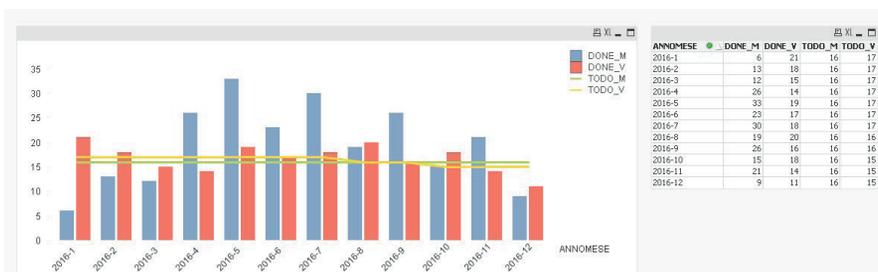


Fig. 4
Esempio di reportistica QlikView (numero campioni raccolti per mese per specie, rispetto al numero pianificato) funzionale al project management

3. Conclusioni

SET, strumento informatico-decisionale che vede applicate tecniche di BI agli studi epidemiologici, può rappresentare un valido supporto al processo di campionamento e all'attività di process management, consentendo di ottimizzare l'impiego delle risorse disponibili per la sorveglianza epidemiologica veterinaria.

4. Fonti di finanziamento

Questo lavoro fa riferimento ad attività svolte nell'ambito del progetto di ricerca IZSVE 12/14 RC "Migliorare l'efficacia della sorveglianza IZSVE verso le resistenze batteriche agli antimicrobici ed altri rischi emergenti in sanità pubblica" finanziato dal Ministero della Salute, e del progetto CCM 2015 "Il modello One-Health per il contenimento delle resistenze microbiche di possibile origine zoonosica in sanità pubblica: sviluppo di un network medico-veterinario applicato alla prevenzione e controllo della circolazione di Escherichia coli produttore di ESBL" finanziato dal Ministero della Salute.

Autori



Laura D'Este ldeste@izsvenezie.it

LIMS manager e BI Developer presso il Laboratorio Gestione Risorse Informatiche e Innovazione Tecnologica

Elena Mazzolini emazzolini@izsvenezie.it

Epidemiologo e microbiologo veterinario responsabile dell'Osservatorio epidemiologico veterinario e sicurezza alimentare della Regione Autonoma Friuli Venezia Giulia, Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie (SCS4 Epidemiologia veterinaria) e Direzione Centrale Salute, Regione Autonoma Friuli Venezia Giulia

Andrea Ponzoni aponzoni@izsvenezie.it

Responsabile del Laboratorio Gestione Risorse Informatiche e Innovazione Tecnologica

Giuseppe Arcangeli garcangeli@izsvenezie.it

Direttore Centro specialistico di Ittiopatologia.

Direttore del Centro di Referenza Nazionale per le malattie dei pesci, molluschi e crostacei.

Antonio Barberio abarberio@izsvenezie.it

Dirigente veterinario presso SCT1 – Verona e Vicenza

Lisa Barco lbarco@izsvenezie.it

Dirigente veterinario presso SCT4 – Friuli Venezia Giulia

Monia Cocchi mcocchi@izsvenezie.it

Dirigente veterinario presso SCT4 – Friuli Venezia Giulia, sezione territoriale di Udine. Laurea in Medicina veterinaria. Si occupa di microbiologia diagnostica e ricerca (biofilm e resistenza agli antimicrobici)

Gabriella Conedera gconedera@izsvenezie.it

Direttore struttura complessa territoriale SCT4 - Friuli VG (Udine, Pordenone)

Michela Corrà mcorro@izsvenezie.it

Dirigente veterinario presso SCT3 – Padova e Adria – Diagnostica in sanità animale

Debora Dellamaria ddellamaria@izsvenezie.it

Dirigente veterinario presso SCT5 – Trento

Ilenia Drigo idrigo@izsvenezie.it

Dirigente biologo presso SCT2 – Treviso, Belluno e San Donà di Piave.

Nicola Pozzato npozzato@izsvenezie.it

Dirigente veterinario presso SCT1 – Verona e Vicenza

Karin Trevisiol ktrevisiol@izsvenezie.it

Dirigente veterinario presso SCT6 – Bolzano

Fabrizio Agnoletti fagnoletti@izsvenezie.it

Direttore struttura complessa territoriale SCT2 (Treviso, Belluno, Venezia)