



**WSPÓLNA KONFERENCJA NAUKOWO-SZKOLENIOWA POLSKIEJ GRUPY NARODOWEJ
ISCB* ORAZ JEDNOSTEK ŚLĄSKIEGO UNIWERSYTETU MEDYCZNEGO W KATOWICACH**

* ISCB - INTERNATIONAL SOCIETY FOR CLINICAL BIOSTATISTICS

Termin konferencji: 14-15 października 2022

Praktyczne zastosowania w analizie danych biomedycznych

Redakcja książki abstraktów:

dr Kamil Barański, dr hab. Elżbieta Chełmecka

Fotografia na okładce:

Budynek Śląskiego Uniwersytetu Medycznego w Katowicach, Wydział
Farmaceutyczny z Oddziałem Medycyny Laboratoryjnej
w Sosnowcu przy ul. Jedności 8
fot. Elżbieta Chełmecka

Wydawca:

Jednostki SUM, w tym: Zakład Statystyki Wydziału Nauk Farmaceutycznych w
Sosnowcu, Katedra Patofizjologii oraz Katedra i Zakład Epidemiologii Wydziału
Nauk Medycznych w Katowicach

ISBN 978-83-7509-449-7

SOSNOWIEC 2022

Książka abstraktów zamieszczona na stronie:

<https://iscb.sum.edu.pl>

Wspólna konferencja naukowo-szkoleniowa Polskiej Grupy Narodowej ISCB oraz jednostek Śląskiego Uniwersytetu Medycznego w Katowicach

Konferencja naukowo-szkoleniowa Polskiej Grupy Narodowej Międzynarodowego Towarzystwa Biostatystyki Klinicznej jest organizowana po raz czwarty. Pierwsze, pilotażowo-wyjazdowe spotkanie miało miejsce w 2018 roku w Sosnowcu, kolejne w 2019 roku w Szczecinie, natomiast trzecie – z opóźnieniem z powodu pandemii COVID-19 miało miejsce w Poznaniu, w 2021. Tym razem zapraszamy Państwa do Sosnowca, gdzie organizatorami konferencji są dr hab. Elżbieta Chetmecka z Zakładu Statystyki Wydziału Nauk Farmaceutycznych w Sosnowcu oraz prof. dr hab. inż. Aleksander Owczarek z Katedry Patofizjologii Wydziału Nauk Medycznych w Katowicach, Śląskiego Uniwersytetu Medycznego w Katowicach.

**Patronat nad konferencją objął JM Rektor Śląskiego Uniwersytetu Medycznego w Katowicach,
prof. dr hab. n. med. Tomasz Szczepański.**

Organizatorzy

Zakład Statystyki, Wydział Nauk Farmaceutyczny w Sosnowcu, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach

(<http://statystyka.sum.edu.pl/>)

Katedra Patofizjologii, Wydział Nauk Medycznych w Katowicach, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach

(<https://patofiziologia.sum.edu.pl/>)

Zakład Biostatystyki, Wydział Nauk o Zdrowiu w Bytomiu, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach

(<http://biostat.sum.edu.pl/>)

Katedra i Zakład Epidemiologii, Wydział Nauk Medycznych w Katowicach, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach

(<http://epidemiologia.sum.edu.pl/>)

Polska Grupa Narodowa Międzynarodowego Towarzystwa Biostatystyki Klinicznej

(<http://www.iscb.pl>)

Komitec Organizacyjny Konferencji

- Elżbieta Chelmecka (Zakład Statystyki, Wydział Nauk Farmaceutyczny w Sosnowcu, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach)
- Michał Skrzypek (Zakład Biostatystyki, Wydział Nauk o Zdrowiu w Bytomiu, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach)
- Ewa Niewiadomska (Zakład Biostatystyki, Wydział Nauk o Zdrowiu w Bytomiu, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach)
- Barbara Więckowska (Katedra i Zakład Informatyki i Statystyki, Uniwersytet Medyczny w Poznaniu)
- Piotr Choreża (Zakład Statystyki, Wydział Nauk Farmaceutyczny w Sosnowcu, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach)
- Maciej Polak (Katedra Epidemiologii i Badań Populacyjnych, Uniwersytet Jagielloński, Collegium Medicum)
- Kamil Barański (Katedra i Zakład Epidemiologii, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach)

Komitet Naukowy Konferencji:

- Aleksander Owczarek (Katedra Patofizjologii, Wydział Nauk Medycznych w Katowicach, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach)
- Elżbieta Chełmecka (Zakład Statystyki, Wydział Nauk Farmaceutyczny w Sosnowcu, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach)
- Krystyna Szafraniec (Katedra Epidemiologii i Badań Populacyjnych, Uniwersytet Jagielloński, Collegium Medicum)
- Małgorzata Kowalska (Katedra i Zakład Epidemiologii, Wydział Nauk Medycznych w Katowicach, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach)
- Magdalena Roszak (Katedra Informatyki i Statystyki, Uniwersytet Medyczny w Poznaniu)
- Izabela Miechowicz (Katedra i Zakład Informatyki i Statystyki, Uniwersytet Medyczny w Poznaniu)
- Michał Skrzypek (Zakład Biostatystyki, Wydział Nauk o Zdrowiu w Bytomiu, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach)
- Kinga Sałapa (Polska Grupa Narodowa Międzynarodowego Towarzystwa Biostatystyki Klinicznej)

Dziękujemy firmie Kamssoft za udostępnienie materiałów Zjazdowych





Wspólna konferencja
naukowo-szkoleniowa
Polskiej Grupy Narodowej ISCB*
oraz jednostek
Śląskiego Uniwersytetu Medycznego
w Katowicach



Praktyczne zastosowania w analizie danych biomedycznych

Plan Konferencji

w dniach: 14-15 X 2022

Dzień 1: Piątek, 14 października 2022 r.

- **14:00-14:30** Rejestracja
- **14:30-14:35** Przywitanie Uczestników
- **14:40-14:55** Wykład 1 dr hab. Michał Michalak
Wykorzystanie Modelu Holta-Wintersa do analizy zainteresowania marihuaną i popularnymi psychodelikami przed i w trakcie pandemii COVID-19 w Polsce
- **15:00-15:30** Wykład 2 dr Małgorzata Ćwiklińska-Jurkowska
Ocena użyteczności fuzji wielowymiarowych dyskryminacji dla danych mikromacierzowych
- **15:30-15:55** Wykład 3 dr hab. Elżbieta Chetmecka
Jak „próbkować” żeby nie żałować
- **16:00-16:30** Przerwa kawowa
- **16:30-17:00** Wykład 4 mgr Adrian Olszewski
Przegląd nowoczesnych narzędzi statystycznych w zakresie semi- i nieparametrycznej analizy danych
- **18:00** Muzeum Medycyny i Farmacji Śląskiego Uniwersytetu Medycznego w Katowicach



źródło: www.sum.edu.pl



Wspólna konferencja
naukowo-szkoleniowa
Polskiej Grupy Narodowej ISCB*
oraz jednostek
Śląskiego Uniwersytetu Medycznego
w Katowicach



Dzień 2: Sobota, 15 października 2022

- **09:30-10:00** Spotkanie grupy ISCB
- **10:00-10:10** Rozpoczęcie sesji
- **10:10-10:35** Wykład 1 **dr hab. Barbara Więckowska**
Czy Brier Score może się uśmiechnąć?
- **10:35-11:00** Wykład 2 **prof. Aleksander Owczarek**
Stężenie kwasu moczowego jako niezależny czynnik śmiertelności w populacji osób starszych - badanie PolSenior
- **11:00-11:30** Przerwa kawowa
- **11:30-11:55** Wykład 3 **prof. Małgorzata Kowalska**
Błąd selekcji w badaniu przekrojowym i jego wpływ na wyniki obserwacji epidemiologicznej
- **11:55-12:20** Wykład 4 **dr Adam Korczyński**
Multiple imputation from retrieved drop-outs (MI-RD)
- **12:20-12:45** Wykład 5 **dr hab. Agnieszka Micek**
Dynamika poczęć w kontekście uwarunkowań energetycznych kobiet na przykładzie populacji rolniczej charakteryzującej się naturalną płodnością: analiza sezonowości
- **12:45-13:15** Sesja plakatowa
- **13:15-13:30** Mini-lunch
- **13:30-13:55** Wykład 6 **lek. Katarzyna B. Kubiak**
Analiza wykresów Poincaré dwóch szeregów czasowych
- **13:55-14:10** Dyskusja i zakończenie konferencji

Sesja plakatowa

Autor	Tytuł
Jerzy Juchnowicz	Korekty testu McNemara i współczynnika zgodności Kappa Cohena dla dopasowanych danych klastrowanych – analizy na przykładzie zestawienia wyników rezonansu magnetycznego i badań czynnościowych płuc
Małgorzata Ćwiklińska-Jurkowska	Stężenie BDNF w osoczu u chorych na schizofrenię leczonych neuroleptycznie oraz terapią elektrowstrząsową – metaanaliza
Ewelina Rybak-Szaniawska	Efekty pandemii COVID-19 potencjalnie wpływające na występowanie depresji w środowisku medycznym
Marcin Tomsia	Chrzątka żebrowa, chrząstka krążka międzykręgowego i chrząstka nagłośni jako alternatywny materiał w pośmiertnej diagnostyce zatruc metanolem
Maciej Polak	Czy wykształcenie jest dobrym miernikiem statusu społeczno-ekonomicznego (SES), na przykładzie zależności pomiędzy SES a umieralnością z powodu chorób sercowo-naczyniowych
Grażyna Greczka	Wpływ wyników badań przesiewowych słuchu u noworodków na zgłaszalność na wizytę kontrolną na poziomie diagnostycznym
Renata Paprocka	Wielowymiarowe modelowanie właściwości pochodnych N3-podstawionych amidrazonów
Piotr Choreża	Analiza epidemiologiczna najczęściej diagnozowanych chorób nowotworowych w województwie śląskim w latach 2015-2020
Anna Michalska-Falkowska	Potencjał wykorzystania sztucznej inteligencji w analizie danych klinicznych deponowanych w biobankach

Spis treści

Organizatorzy	4
Komitet Organizacyjny Konferencji	4
Plan Konferencji.....	6
Spis treści.....	9
Wykłady – streszczenia:	11
Wykorzystanie Modelu Holta-Wintersa do analizy zainteresowania marihuaną i popularnymi psychodelikami przed i w trakcie pandemii COVID-19 w Polsce.....	12
Ocena użyteczności fuzji wielowymiarowych dyskryminacji dla danych mikromacierzowych	13
Jak próbować żeby nie żałować.....	15
Przegląd nowoczesnych narzędzi statystycznych w zakresie semi- i nieparametrycznej analizy danych	16
Czy Brier Score może się uśmiechnąć?	17
Stężenie kwasu moczowego jako niezależny czynnik śmiertelności w populacji osób starszych - badanie PolSenior.....	18
Błąd selekcji w badaniu przekrojowym i jego wpływ na wyniki obserwacji epidemiologicznej	19
Imputacja wielokrotna na podstawie prób o małej liczebności uzyskanych od jednostek po przerwaniu badania prospektywnego – teoria i ograniczenia praktyczne.....	20
Dynamika poczęć w kontekście uwarunkowań energetycznych kobiet na przykładzie populacji rolniczej charakteryzującej się naturalną płodnością: analiza sezonowości	21
Analiza wykresów Poincaré dwóch szeregów czasowych.....	22
Sesja plakatowa – Streszczenia	24
Korekty testu McNemara i współczynnika zgodności Kappa Cohena dla dopasowanych danych klastrowanych – analizy na przykładzie zestawienia wyników rezonansu magnetycznego i badań czynnościowych płuc	25
Stężenie BDNF w osoczu u chorych na schizofrenię leczonych neuroleptycznie oraz terapią elektrowstrząsową- metaanaliza.....	27
Efekty pandemii COVID-19 potencjalnie wpływające na występowanie depresji w środowisku medycznym	29
Chrzątka żebrowa, chrzątka krążka międzykręgowego i chrzątka nagłośni jako alternatywny materiał w pośmiertnej diagnostyce zatruc metanolem	31
Czy wykształcenie jest dobrym miernikiem statusu społeczno-ekonomicznego (SES), na przykładzie zależności pomiędzy SES a umieralnością z powodu chorób sercowo-naczyniowych.....	33
Trafność screeningu w badaniach epidemiologicznych – przykład pomiaru stężenia tlenku azotu w wydychanym powietrzu (FeNO) w kontekście astmy wieku dziecięcego.	34
Wpływ wyników badań przesiewowych słuchu u noworodków na zgłaszalność na wizytę kontrolną na poziomie diagnostycznym.	35

Wielowymiarowe modelowanie właściwości pochodnych N^3 -podstawionych amidrazonów	36
Analiza epidemiologiczna najczęściej diagnozowanych chorób nowotworowych w województwie śląskim w latach 2015-2020	38
Potencjał wykorzystania sztucznej inteligencji w analizie danych klinicznych deponowanych w biobankach	40

Wykłady – streszczenia:

Wykorzystanie Modelu Holta-Wintersa do analizy zainteresowania marihuaną i popularnymi psychodelikami przed i w trakcie pandemii COVID-19 w Polsce

dr hab. Michał Michalak¹, Ahmed Al.-Imam^{1,2}, Manal Younus³

¹Katedra i Zakład informatyki i Statystyki, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu

²Szkoła Doktorska Uniwersytetu Medycznego im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu

³Iraqi Pharmacovigilance Centre, Ministry of Health, Iraq

1. Cele badawcze: Celem jest przeprowadzenie przestrzenno-czasowego mapowania internetowych zapytań informacyjnych dotyczących marihuany i najpopularniejszych psychodelików przed i w trakcie pandemii. 2. Metodologia: Pozyskano dane dotyczące wyszukiwania informacji online za pośrednictwem Google Trends dotyczące dwudziestu najpopularniejszych psychodelików od 01-sty-2017 do 1-sty-2022. Przeprowadzono wygładzanie wykładnicze szeregów czasowych za pomocą modelu Holta-Wintersa, aby wnioskować o potencjalnej sezonowości. Ponadto analizowano zmiany trendów przed i w czasie pandemii COVID-19. 3. Wyniki badań: Dwanaście (60%) psychodelików miało istotną sezonowość; wykazano, że psilocyбина i ayahuasca miały sezonowość roczną ($p=0,0120$ i $p=0,0003$), cztery substancje - LSD, AL-LAD, DXM i DOB - wykazywały sezonowość półroczną, natomiast sześć psychodelików miało sezonowość kwartalną, w tym marihuana, dronabinol, ergina, NBOMe, fencyklidyna i salvinorin A. Ponadto pandemia wpłynęła na istotną pozytywną zmianę trendów dla trzech substancji, w tym psilocybiny, erginy i DXM. 4. Wyniki badań: Dla psychodelików istnieją różne wzorce sezonowości, niektóre korelują z okresem zbierania grzybów jadalnych i halucynogennych, a inne z przerwami szkolnymi lub innymi ustawowymi dniami wolnymi w Polsce. Pandemia wywołała pewne zmiany w trendach zachowań internautów.

Słowa kluczowe: halucynogeny, wygładzanie wykładnicze Holta-Wintersa, analiza szeregów czasowych, analityka internetowa.

Ocena użyteczności fuzji wielowymiarowych dyskryminacji dla danych mikromacierzowych

dr Małgorzata Ćwiklińska-Jurkowska

Katedra Biostatystyki i Teorii Układów Biomedycznych, Wydział Farmaceutyczny Collegium Medicum im. L. Rydygiera
w Bydgoszczy,
Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

Motywacja: Poszukiwanie biomarkerów do diagnozowania nowotworów na bardzo wczesnym etapie, kiedy łatwiej jest skutecznie leczyć pacjentów, jest bardzo ważnym i aktualnym problemem badawczym. Często tylko kilkadziesiąt genów jest naprawdę aktywnych, więc pozostałe geny nie mają znaczenia dla poprawy procedury dyskryminacyjnej (klasyfikacji nadzorowanej). Ze względu na dużą liczbę badanych genów w jednej mikromacierzy, ich wstępna selekcja do włączenia do reguły dyskryminacyjnej jest niezbędna. Następnie klasyfikacja nadzorowana jest często wykorzystywana jako dodatkowe kryterium weryfikacji poprawności wybranego zestawu genów poprzez oszacowanie błędu dla nowej niezależnej próby. Łączenie w budowaniu klasyfikatorów spotyka się m.in. zastosowaniach biomedycznych i bioinformatycznych (Bolón-Canedo et.al. 2012).

Fuzja taka może włączyć do połączonego efektu korzyści różnych metod. Interesująca jest zatem przydatność łączenia dla redukcji wymiarów, a także dla etapu budowy klasyfikatorów i łącznie dla obu z nich dla danych mikromacierzowych.

Dane i metody: Oceniano użyteczność metod scalania dyskryminacji, zarówno rodzin klasyfikatorów jak i klasyfikatorów połączonych z różnych idei, w tym zarówno klasyfikatorów o rozmytym jak i ostrym charakterze. Klasyfikatory łącono przez głosowanie lub głosowanie wazone.

Wykorzystano wybrane zbiory danych mikromacierzowych o różnym stopniu złożoności do zagadnienia klasyfikacji pacjentów do grup, związanych z rozpoznawaniem nowotworów. Zbiory te zawierają tysiące zmiennych, które reprezentują wartości ekspresji konkretnych genów. Zastosowano różne metody selekcji genów najbardziej różnicujących grupy pacjentów, w tym metody pojedyncze i scalane na podstawie uśredniania rankingów z bazowych selekcji.

Oceniano wartości bezwzględnego błędu, jak i spadek błędu łączonego klasyfikatora w stosunku do średniej klasyfikatorów bazowych. Błędy klasyfikacji szacowano metodą bootstrap 0.632+ oraz metodą 10-krotnej walidacji krzyżowej.

Podsumowanie wyników: Stwierdzono zależność użyteczności fuzji metod dyskryminacji od takich czynników jak: liczba wybranych genów oraz metoda ich selekcji i wartość zróżnicowania lub podobieństwa klasyfikatorów bazowych.

Ponadto istotny jest poziom uśrednionych wartości błędów klasyfikatorów bazowych, który ma potencjał odzwierciedlenia stopnia złożoności problemu klasyfikacyjnego.

Literatura:

Bolón-Canedo V. , Sánchez-Marño N. , Alonso-Betanzos A. An ensemble of filters and classifiers for microarray data classification. *Pattern Recognition*, 2012. Volume 45, Issue 1, January 2012, Pages 531-539 – Elsevier. <https://doi.org/10.1016/j.patcog.2011.06.006>

Jak próbować żeby nie żałować

mgr Karolina Markiewicz¹, dr Aleksandra Tyl², dr hab. Elżbieta Chetmecka³

¹ Zakład Statystyki Katedry Analizy Instrumentalnej, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach

² KAESPE

Celem pracy naukowej jest prawidłowe opisanie, a następnie wyjaśnienie różnych zjawisk oraz ich mechanizmów. W tym celu należy posłużyć się metodami analizy danych. Jednak w związku ze złożonością rozpatrywanych procesów może zaistnieć konieczność zastosowania uproszczeń. Mimo, że wyznaczanie krzywej wzorcowej nie jest głównym etapem badań naukowych i jest często pomijane w publikacjach, jest to powszechnie stosowany sposób do określania stężeń różnych parametrów.

Problematyka wyznaczania krzywych wzorcowych jest powszechna w każdym laboratorium stanowiąc podstawowy krok w wielu eksperymentach. Na przykładzie dotyczącym określenia stężenia kofeiny w popularnym napoju energetycznym wyjaśniono metodologię tworzenia krzywych wzorcowych, zastosowanie odpowiednich modeli matematycznych oraz konieczność analiz statystycznych. Następnie, na podstawie wyznaczonych już krzywych, omówiono symulację różnych jej wariantów w zależności od liczby punktów pomiarowych.

Uzyskane wyniki wskazują, że wyznaczony współczynnik korelacji liniowej Pearsona w modelu wzorcowej krzywej liniowej jest istotny statystycznie dopiero wtedy, gdy krzywa wyznaczana jest na podstawie 4 próbek wzorca. W celu poprawienia jakości badań i ich wyników, niezbędne jest przygotowanie krzywych wzorcowych w oparciu o co najmniej 5 roztworów wzorcowych, a stężenia wzorca powinny być dobierane z całego badanego zakresu. W przypadku, gdy krzywa została skonstruowana w oparciu o wystarczająco dużą liczbę stężeń wzorcowych, możliwa jest korekta (usunięcie, pominięcie w analizie) punktów odstających. Każdorazowo, przygotowując krzywą wzorcową, należy wyznaczać współczynnik korelacji liniowej Pearsona i wyliczać poziom istotności statystycznej. Krzywych, dla których poziom istotności statystycznej jest $>0,05$ nie można używać/stosować jako krzywych wzorcowych.

Przegląd nowoczesnych narzędzi statystycznych w zakresie semi- i nieparametrycznej analizy danych

mgr Adrian Olszewski

2KMM Sp. Z o.o.

Testowanie hipotez statystycznych obejmuje obecnie ponad pół tysiąca testów i metod opartych o modele. Wiele z nich to metody semi- oraz nieparametryczne. Od dekad testy Manna-Whitneya (-Wilcoxon), Kruskala-Wallisa czy Friedmana wyznaczają pewien standard, pomimo ich istotnych ograniczeń, takich jak brak możliwości uwzględnienia wielu czynników określających efekty między- i wewnątrzgrupowe wraz z interakcjami, brak możliwości użycia zmiennych numerycznych, niższa moc statystyczna (Friedman), wrażliwość na heterogeniczność wariancji (Wilcoxon), czy wreszcie problematyczna interpretacja. Podobnie, na polu nieparametrycznej analizy korelacji dominuje badanie zależności monotonicznych metodą Spearmana lub rzadziej - Kendalla. W analizie przeżycia dominuje regresja Coxa oraz test log-rank przy milczącym założeniu proporcjonalności hazardów (wykluczając efekty późne, wczesne, zanikające, naprzemienne), braku łącznego występowania zdarzeń powtarzających się i terminalnych. Problemem bywa analiza danych ankietowych. Tymczasem dwie ostatnie dekady przyniosły znaczny postęp w zakresie nowoczesnych metod semi- i nieparametrycznej analizy danych, chociaż część z nich znana była od dawna, a jedynie brak komputerów o odpowiedniej mocy obliczeniowej ograniczał ich stosowalność. Metody takie, jak: ATS i WTS (ANOVA-Type i Wald-Type Statistic), ART (Aligned-Rank Transform) ANOVA, porządkowa regresja logistyczna (parametryczna, lecz o ciekawych własnościach), regresja kwantylowa z efektami mieszanymi, estymacja GEE (Generalized Estimating Equations), modele addytywne (GAM), metody permutacyjne i bootstrap, modele typu „frailty” i „multi-state”, test Max-Combo wraz z całą rodziną statystyk Fleminga-Harringtona czy wreszcie „następca” wskaźnika korelacji, PPS (Predictive Power Score), są obecnie dostępne (np. w pakiecie statystycznym R) i warto wykorzystać ich elastyczność w codziennej pracy. Zaprezentowana zostanie krótka charakterystyka wybranych metod oraz przykłady zastosowań z uwzględnieniem obszaru badań klinicznych wraz z dyskusją stosowalności

Czy Brier Score może się uśmiechnąć?

dr hab. Barbara Więckowska¹, lek. Katarzyna B. Kubiak¹

Katedra i Zakład Informatyki i Statystyki, Wydział Medyczny, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego
w Poznaniu

Cele badawcze: Przedstawiane w ramach prac naukowych wykresy mogą pomóc w zaprezentowaniu sposobu doboru zmiennych do budowy modeli predykcyjnych. Stosowane powszechnie krzywe ROC nie zawsze spełniają wymogi takiej prezentacji. Celem tej pracy jest przedstawienie niewielkich, czytelnych wykresów przedstawiających korzyści i wady dodawania kolejnych zmiennych do modeli predykcyjnych.

Metodologia: Wynik Brier (ang. Brier Score, BS) jest bezwzględną miarą oceny modelu predykcyjnego. W celu porównania modeli stosuje się miary względne takie jak różnica współczynników BS modelu nowego i modelu referencyjnego (ΔBS) lub odniesienie wielkości tej różnicy do BS modelu referencyjnego czyli wynik umiejętności Brier (ang. Brier Skill Score, $BSS = \Delta BS / BS_{ref}$). Pozwalają one ocenić o ile nowa prognoza jest lepsza od prognozy referencyjnej i wykazują pożądane właściwości, tzn. ΔBS jest poprawną, a BSS asymptotycznie poprawną miarą punktacji.

Porównując modele regresji logistycznej postużyliśmy się czterema grupami: zdrowi reklasyfikowani w dół, zdrowi reklasyfikowani w górę, chorzy reklasyfikowani w dół i chorzy reklasyfikowani w górę, by wyznaczyć cztery współczynniki powstałe na bazie wyniku Briera. Zestawione obok siebie w ustalonej chronologii wielkości uzyskanych współczynników tworzą niewielki i łatwy w interpretacji wykres U-smile. W analizach wykorzystaliśmy standardowy zestaw danych kardiologicznych oraz dane symulacyjne o rozkładach losowych.

Wyniki badań: Przedstawiliśmy ocenę nowych modeli regresji logistycznej przez wykresy obrazujące zmianę pola pod krzywą ROC (ΔAUC) oraz wykresy powstałe w oparciu o rozbieżność BSS. Wszystkie nowe modele umieściliśmy na jednej wspólnej rycinie zawierającej wykresy U-smile.

Wnioski: Rozbieżność BSS na cztery składowe umożliwiło przedstawienie w jednym miejscu klinicznie ważnej informacji o wielkości zmiany prognoz. Niewielkie rozmiary wykresów oraz łatwa interpretacja mogą korzystnie wpłynąć na jakość prezentacji procesu doboru nowych czynników do modeli regresji w pracach naukowych.

Słowa kluczowe: wynik umiejętności Brier, porównanie predykcji, wykres U-smile

Stężenie kwasu moczowego jako niezależny czynnik śmiertelności w populacji osób starszych - badanie PolSenior

Prof. Aleksander Jerzy Owczarek

Zakład Promocji Zdrowia i Leczenia Otyłości, Katedra Patofizjologii,
Wydział Nauk Medycznych w Katowicach, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach

Cel: Celem badania była analiza częstości występowania hiperurykemii i stosowania allopurynolu oraz ocena czynników ryzyka hiperurykemii i wpływu stężenia kwasu moczowego (SUA), a także chorób współistniejących na śmiertelność w populacji osób starszych, w oparciu o dane badania przekrojowego PolSenior 1.

Wyniki: Hiperurykemię stwierdzono u 28,2% kobiet i 24,7% mężczyzn. Częstość hiperurykemii wzrastała wraz z wiekiem, osiągając 30,5% u mężczyzn i 33,7% u kobiet w wieku 90 lat i więcej. Allopurynol stosowało 2,8% mężczyzn i 1,8% kobiet. Terapię hiperurykemii uznano za skuteczną u 46,7% mężczyzn i 53,3% kobiet. Czynnikiem ryzyka hiperurykemii okazały się $eGFR < 60 \text{ ml/min/1,73 m}^2$, hipertriglicydemia, otyłość, niewydolność serca, $CRP > 3,0 \text{ mg/dl}$, choroba wieńcowa, stosowanie diuretyków pętlowych, hydrochlorotiazydu i diuretyków tiazydopodobnych.

Dokonano także analizy wpływu na śmiertelność ogólną stężenia kwasu moczowego, chorób współistniejących, farmakoterapii oraz kompleksowej oceny geriatrycznej, w tym wskaźnika masy ciała (BMI), czynności życia codziennego (ADL) oraz mini oceny żywieniowej (MNA). Czynnikiem zwiększającym ryzyko zgonu niezależnie od płci były wiek, niewydolność serca, cukrzyca i $ADL \leq 4$ pkt. Ryzyko zgonu wzrastało także w przypadku palenia tytoniu, przebytego udaru mózgu, POChP/astmy i $hs-CRP > 3 \text{ mg/dl}$ dla mężczyzn oraz $eGFR < 45 \text{ ml/min/1,73m}^2$, $MNA \leq 7$ pkt oraz diuretyków pętlowych dla kobiet. Surowe ryzyko zgonu było istotnie wyższe u mężczyzn i kobiet z $SUA \geq 7 \text{ mg/dl}$. Po dostosowaniu do czynników istotnych statystycznie SUA pozostawała czynnikiem ryzyka zgonu tylko u mężczyzn z $SUA \geq 8 \text{ mg/dl}$, potencjalnie ze względu na ograniczoną liczbę kobiet z wysokim poziomem SUA.

Wnioski: Przewlekła choroba nerek, otyłość, niewydolność serca, hipertriglicydemia i stosowanie diuretyków były najsilniejszymi czynnikami ryzyka hiperurykemii u osób starszych. Łagodna hiperurykemia jest istotnym wskaźnikiem stanu zdrowia, ale słabym niezależnym czynnikiem ryzyka całkowitej śmiertelności u starszych osób rasy kaukaskiej.

Błąd selekcji w badaniu przekrojowym i jego wpływ na wyniki obserwacji epidemiologicznej

Prof. Małgorzata Kowalska

Katedra i Zakład Epidemiologii, Wydział Nauk Medycznych SUM w Katowicach

Referat wygłosi Pan dr Kamil Barański

Błąd selekcji ma związek z niewłaściwym doбором osób do grupy badanej, a tym samym nie zapewnia reprezentatywności próby względem populacji źródłowej. Właściwa rekrutacja uczestników do populacyjnych badań epidemiologicznych ma podstawowe znaczenie dla ograniczenia tego błędu i zapewnia poprawność badania, a przede wszystkim rzetelną i prawidłową interpretację wyników.

Na przykładzie epidemiologicznego badania przekrojowego ukierunkowanego na oszacowanie częstości zakażenia wirusem SARS-CoV-2 w populacji województwa śląskiego przedstawiono znaczenie błędu selekcji dla uzyskanych wyników. Badanie prowadzono jesienią 2020 r. w trakcie tzw. pierwszej fali pandemii COVID-19, zakażenie identyfikowano na podstawie pozytywnego wyniku testu serologicznego ELISA w klasie IgE. Protokół projektu zakładał konieczność zbadania 6000 osób, które dobrano losowo na podstawie adresów pocztowych uzyskanych z krajowego rejestru. Niestety zrekrutowano w ten sposób jedynie 1167 uczestników (rekrutacja podstawowa). Z uwagi na duże zainteresowanie społeczne pozyskano zgodę na badanie wolontariuszy, osób które odpowiedziały na ogłoszenie zamieszczone w mediach (n=4321 rekrutacja uzupełniająca). Jednym z podstawowych zadań metodologicznych stała się kontrola cech demograficznych, społeczno-ekonomicznych, zdrowotnych oraz częstości występowania zakażenia SARS-CoV-2 w grupie wybranej losowo oraz w grupie ochotników.

Wyniki wskazują, że w grupie wolontariuszy częściej niż w grupie randomizowanej znalazły się kobiety, osoby młodsze i aktywne zawodowo, z mniejszą liczbą chorób współistniejących, częściej deklarujące kontakt z pacjentem z COVID-19, w tym kontakt zawodowy (medycy), a także występowanie objawów mogących sugerować zakażenie wirusem SARS-CoV-2. Uzyskane wyniki potwierdzają, że badanie ograniczone do ochotników jest stronnicze. Częstość zakażeń wirusem SARS-CoV-2 w woj. śląskim oszacowana na podstawie grupy randomizowanej kształtowała się na poziomie 11,4% (95% PU: 8,1%-11,5%) podczas gdy w przypadku grupy wolontariuszy była dwukrotnie większa i wynosiła 23,6% (95%PU: 22,3%-24,9%).

W podsumowaniu każdej pracy oryginalnej istotne jest odniesienie się do mocnych i słabych stron zastosowanej metodologii, w tym także do przyjętego sposobu doboru badanych i jego wpływu na wyniki prowadzonej obserwacji.

Imputacja wielokrotna na podstawie prób o małej liczebności uzyskanych od jednostek po przerwaniu badania prospektywnego – teoria i ograniczenia praktyczne

dr Adam Korczyński

Zakład Metod Statystycznych i Analiz Biznesowych, Instytut Statystyki i Demografii,
Kolegium Analiz Ekonomicznych, Szkoła Główna Handlowa w Warszawie

Celem jest opis problemu związanego z zastosowaniem imputacji wielokrotnej wykorzystującej założenie o nielosowości brakujących danych. Przyjmowane założenie mówi o tym, że przebieg badanego zjawiska jest zbliżony do tego jaki obserwujemy u pacjentów, którzy stosowali terapię tylko w pewnym okresie, do momentu przerwania badania. W praktyce próba obserwacji uzyskanych po zakończeniu badania jest ograniczona. Stosując imputację wielokrotną dla prób o ograniczonej liczebności napotykamy na problem polegający na tym, że część wartości uzupełniających może przyjmować skrajne wielkości, które istotnie wykraczają poza zakres zmienności badanej cechy. Skłania do oceny stosowania samej metody imputacji wielokrotnej dla tak sformułowanego problemu. Jednym z rozwiązań jest zastosowanie imputacji wykorzystującej metrykę średniej warunkowej. Takie podejście może jednak okazać się trudne w implementacji w ramach dostępnych w pakietach statystycznych narzędzi służących do imputacji danych. Proponowanym rozwiązaniem jest wylosowanie podzbioru imputacji po wyłączeniu replikacji, dla których przekroczone zostały spodziewane dla określonego parametru zakresy zmienności. W wyniku otrzymujemy losowy zastaw imputacji spełniający kryteria dotyczące badanej cechy, co do wielkości jakie może przyjmować.

Słowa kluczowe: badanie prospektywne, wypadanie z próby, imputacja wielokrotna, estymacja bayesowska

Dynamika poczęć w kontekście uwarunkowań energetycznych kobiet na przykładzie populacji rolniczej charakteryzującej się naturalną płodnością: analiza sezonowości

Dr hab. Agnieszka Micek¹, dr Michael Briga^{2,3}, Prof. Grażyna Jasienska⁴, dr Ilona Nenko⁴

¹Zakład Zarządzania Pielęgniarstwem i Pielęgniarstwa Epidemiologicznego WNZ Collegium Medicum UJ

²Wydział Biologii Uniwersytetu w Turku, Finlandia

³Grupa Epidemiologii Chorób Zakaźnych Instytut Biologii Zakażeń im. Maxa-Plancka

⁴Zakład Zdrowia i Środowiska WNZ Collegium Medicum UJ

W wielu rejonach świata, w tym również w Polsce, zaobserwować można cykliczność, czy też okresową powtarzalność urodzeń, zdeterminowaną trendami poczęć. Co więcej, na przestrzeni lat wzorce urodzeń zmieniają się w czasie. Znaczenie mają tu: liczba zawieranych ślubów, struktura wiekowa par małżeńskich, struktura kobiet będących w wieku rozrodczym, ale też styl życia. Nasze badanie miało na celu zanalizowanie cykliczności urodzeń w oparciu o dane parafialne obejmujące 200 lat obserwacji i przeprowadzone zostało na populacji rolniczej o silnie zakorzenionych przekonaniach religijnych. Punktem wyjścia była hipoteza, że na prawdopodobieństwo zapłodnienia wpływają warunki energetyczne kobiet, a dynamika poczęć ewoluuje w czasie. Na podstawie szeregu czasowego urodzeń z lat 1782-2004 opisaliśmy ogólny kierunek rozwoju w zakresie liczby urodzeń, wskazując np. okresy wzrostu, spadku czy stabilizacji na przestrzeni dekad (trend), a także scharakteryzowaliśmy wzorce powtarzające się w systematycznych odcinkach czasu (cykliczność). Zweryfikowaliśmy czy sezonowe trendy żywieniowe i sezonowe trendy obciążenia pracą odzwierciedlają się w dynamice poczęć. Potwierdziliśmy hipotezę o tym, że model sezonowości urodzeń w Polsce zmienił się z biegiem lat, natomiast nie odnotowaliśmy faktu odzwierciedlenia rocznej cykliczności obciążenia pracą w rolnictwie i dostatku pożywienia w trendach urodzeń.

Literatura:

Ellison, P. T. (2001). *On fertile ground: a natural history of human reproduction*. Cambridge, Massachusetts: Harvard University Press.

Colleran, H., & Mace, R. (2015). Social network- and community-level influences on contraceptive use: evidence from rural Poland. *Proceedings of the Royal Society B-Biological Sciences*, 282(1807), 9. doi:10.1098/rspb.2015.0398

Analiza wykresów Poincaré dwóch szeregów czasowych

lek. Katarzyna B. Kubiak¹, dr Barbara Więckowska¹, dr Tomasz Krauze², dr hab. Jarosław Piskorski³,
Prof. Przemysław Guzik²

¹Katedra i Zakład Informatyki i Statystyki, Wydział Medyczny, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego
w Poznaniu

²Katedra i Klinika Intensywnej Terapii Kardiologicznej i Chorób Wewnętrznych, Wydział Lekarski, Uniwersytet Medyczny im.
Karola Marcinkowskiego w Poznaniu

³Instytut Fizyki, Wydział Fizyki i Astronomii, Uniwersytet Zielonogórski

Cele badawcze: Ocena krótko- i długoterminowych interakcji między sąsiadującymi obserwacjami pojedynczego szeregu czasowego $X = \{x_t, x_{t+1}, x_{t+2}, \dots\}$ jest możliwa m.in. przy pomocy wykresu Poincaré (PP) w przestrzeni (X_i, X_{i+1}) . W ten sposób, oceniając szeregi czasowe odstępów RR (RRI) i ciśnienia tętniczego krwi (BP) odkryto fizjologiczne zjawiska asymetrii rytmu serca (HRA) i asymetrii ciśnienia tętniczego (BPA). Dotychczas przy pomocy PP nie oceniano potencjalnych zależności między dwoma różnymi, ale zsynchronizowanymi szeregami czasowymi. Celem pracy jest zastosowanie PP do oceny takich zależności między zgodnymi zmianami (synchroniczne wzrosty lub spadki) wartości dwóch różnych szeregów czasowych na przykładzie jednoczesnej analizy szeregów RRI i BP. Fizjologicznie, zależność wartości odstępu RR od BP jest regulowana odruchem z baroreceptorów. Metoda analizy zsynchronizowanych szeregów RRI i BP mogłaby oszacować różne cechy takiego odruchu, w tym jego asymetrię.

Metodologia: Niech $X = \{x_t, x_{t+1}, x_{t+2}, \dots\}$ będzie szeregiem czasowym. PP przedstawia wartości zmiennej X w czasie i na osi x (x_i) i wartości tej zmiennej w czasie $i + 1$ na osi y (x_{i+1}). Punkty leżące na linii identyczności oznaczają brak zmiany dwóch kolejnych wartości zmiennej ($x_i = x_{i+1}$). Punkty leżące powyżej linii identyczności oznaczają wzrosty wartości zmiennej względem poprzedniego pomiaru ($x_i < x_{i+1}$), a poniżej – spadki ($x_i > x_{i+1}$). Wariancyjne deskryptory PP obejmują zmienność krótko- ($SD1^2$) i długoterminową ($SD2^2$) oraz całkowitą ($SDNN^2$), wyznaczone są dla całego PP oraz osobno dla wzrostów i spadków. Niech $Y = \{y_t, y_{t+1}, y_{t+2}, \dots\}$ będzie szeregiem czasowym. Uwzględniono takie punkty PP szeregów X i Y , które odpowiadają jednoczesnym wzrostom i spadkom wartości obu szeregów. Do oceny wzajemnych zależności wykorzystano ilorazy $SD1^2$, $SD2^2$ i $SDNN^2$ szeregów X i Y osobno dla jednoczesnych spadków i wzrostów ich wartości. Proponowany algorytm zaimplementowano w języku R-4.2.1.

Wyniki badań: Algorytm przetestowano na szeregach czasowych RRI – szereg X , i skurczowego BP (SBP) – szereg Y , o długości 5 minut i stwierdzono istotne różnice ($p < 0.05$) między zmianami opisującymi

synchroniczne wzrosty i spadki SBP i RRI, co sugeruje obecność asymetrycznych cech odruchu z baroreceptorów.

Wnioski: Dotychczas nie istniała metoda oceniająca asymetryczne cechy dwóch różnych szeregów czasowych. Proponowana metoda uwzględnia te własności i umożliwia kwantyfikację zależności między wielkością zgodnych zmian wartości obu szeregów, a w przypadku oceny szeregów RRI i SBP pozwala oceniać nowe cechy odruchu z baroreceptorów.

Słowa kluczowe: wykres Poincaré, odstęp RR, skurczowe ciśnienie krwi

Sesja plakatowa – Streszczenia

Korekty testu McNemara i współczynnika zgodności Kappa Cohena dla dopasowanych danych klastrowanych – analizy na przykładzie zestawienia wyników rezonansu magnetycznego i badań czynnościowych płuc

Jerzy Juchnowicz^{1,4}, Katarzyna B. Kubiak¹, Irena Wojsyk – Banaszak², Katarzyna Jończyk-Potoczna³,
Izabela Miechowicz¹, Barbara Więckowska¹

¹Wydział Medyczny, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu

²Klinika Pneumonologii, Alergologii Dziecięcej i Immunologii Klinicznej, Wydział Lekarski, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu

³Zakład Radiologii Pediatrycznej, Wydział Lekarski, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu

⁴Katedra Anatomii Prawidłowej, Wydział Lekarski, Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

Cele badawcze: Binarne dane zależne możemy porównać testem McNemara, a ich zgodność ocenić poprzez współczynnik Kappa Cohena. Obydwie analizy zakładają, że każdy podmiot ma tylko jedną sparowaną odpowiedź binarną. Jeśli to założenie nie jest spełnione, to konieczne jest wprowadzenie modyfikacji obu tych podejść. Celem pracy jest przedstawienie modyfikacji testu McNemary i współczynnika Kappa Cohena, które uwzględniają dane klastrowane (ang. *clustered matched-pair data*).

Metodologia: Analizą objęto dane dotyczące grupy dzieci z mukowiscydozą, u których dokonano obrazowania metodą rezonansu magnetycznego (MRI) klatki piersiowej oraz wykonano 11 różnych testów czynnościowych płuc w celu wykrycia i monitorowania deficytów perfuzji. Część osób była badana kilkakrotnie, wskutek czego uzyskano klastry, zawierające od 1 do 4 pomiarów wykonanych u tych samych pacjentów.

Porównania MRI z wynikami testów czynnościowych płuc dokonano stosując 3 testy zastępujące test McNemara w przypadku danych klastrowanych: test Obuchowskiej (OM), test Durkalskiej (DM) oraz test Yanga (YM). Zgodność porównywanych metod pomiaru deficytów perfuzji sprawdzono przy użyciu zaproponowanego przez Yanga współczynnika Kappa uwzględniającego klastry (Y_{κ}). Do obliczeń wykorzystano pakiet `clust.bin.pair` języka R oraz makro `ClusterKappa` programu SAS.

Wyniki badań: Wyniki testów OM, DM i YM wskazywały na występowanie różnic pomiędzy MRI a wynikami siedmiu testów czynnościowych płuc. Zgodność wyników MRI i testów czynnościowych płuc potwierdzono współczynnikiem Kappa (Y_{κ}) również w siedmiu przypadkach. W efekcie uzyskano cztery

sytuacje, w których jednocześnie wykazano zgodność i występowanie różnic pomiędzy porównywanymi metodami.

Wnioski: Stosowane metody porównania i oceny zgodności nie wymagają założeń dystrybucyjnych ani założeń dotyczących struktury korelacji wewnątrz klastra, przez co mogą być stosowane w szerokim zakresie, na zasadzie pokazanej w przytoczonym przykładzie. Jednakże jednoczesna ocena zgodności i różnic może prowadzić do sytuacji, w której porównywane metody będą zarówno istotnie zgodne, jak i istotnie różne. Uzyskanie takiego efektu wymaga każdorazowo szczegółowego wyjaśnienia.

Słowa kluczowe: dane binarne typu „clustered matched-pair”, Kappa Cohena; Test McNemara

Stężenie BDNF w osoczu u chorych na schizofrenię leczonych neuroleptycznie oraz terapią elektrowstrząsową- metaanaliza

Małgorzata Ćwiklińska-Jurkowska¹, Anna Szota², Beata Kowalewska², Wiktor Drózd²

¹Katedra Biostatystyki i Teorii Układów Biomedycznych, Wydział Farmaceutyczny CM UMK

²Katedra Psychiatrii, Wydział Lekarski CM UMK

Wstęp: Zmiany stężenia neurotrofin, w tym neurotroficznego czynnika pochodzenia mózgowego (BDNF), mogą być jednym z czynników związanych z rozwojem schizofrenii. Stężenie BDNF jest obniżone u chorych na schizofrenię, a leczenie lekami przeciwpsychotycznymi lub terapia elektrowstrząsowa (ECT) wywołują wzrost stężenia BDNF, co może korelować z poprawą stanu psychicznego pacjentów.

Celem meta-analizy było określenie, czy ECT wiąże się ze zmianą stężenia BDNF w lekoopornej schizofrenii, w porównaniu do stężenia tego czynnika u tych samych chorych leczonych wcześniej tylko lekami przeciwpsychotycznymi.

Metody: Wstępnie wytypowano 57 publikacji dotyczących zmian cytokin po ECT, po analizie i przygotowaniu diagramu PRISMA ostatecznie uwzględniono 7 badań. Badano efekt ECT na kilka sposobów: porównując średnie BDNF przed i po ECT na podstawie statystyki G Hedgesa, ponadto zakładając hipotetyczne (nie opublikowane) wartości korelacji w poszczególnych badaniach pomiarów BDNF przed i po ECT oraz dodatkowo porównując przedziały ufności dla odstępstw średnich pomiarów BDNF (przed i po ECT) od średnich adekwatnych grup kontrolnych.

Miary wielkości efektu skorygowano za pomocą statystyki G Hedgesa. Na podstawie statystyk Q oraz τ^2 , H^2 i I^2 stwierdzono brak homogeniczności, zastosowano zatem model efektów losowych. Wagi efektów losowych są szacowane przez odwrotną wariancję. Szacowanie wielkości efektu odbywa się metodą iteracyjną obliczania estymatora największej wiarygodności z ograniczeniami (REML). Do korekty błędu standardowego zastosowano uciętą metodę Knappa-Hartunga (Knapp i wsp. 2003). Analizę obciążenia publikacyjnego wykonano, przeprowadzając oparty na regresji test Eggera.

Wyniki: Efekt ECT liczony wartością G Hedgesa z 95% przedziałem ufności dla tego efektu [-0.689, 0.035] nie był istotny statystycznie ($p=0.067$).

Także skalkulowane wstępnie wielkości efektu jako różnicy wyników BDNF przed i po ECT z obliczonymi wartościami wariancji dla tych różnic, uwzględniającymi różne hipotetyczne wartości korelacji (dla BDNF przed i po ECT) z przedziału [0.6, 1] nie wykazały istotności statystycznej.

Dla leczonych farmakologicznie przed i po ECT znalezione w meta-analizie przedziały ufności dla różnic BDNF z adekwatnymi grupami kontrolnymi są rozłączne, począwszy od poziomów ufności 0.6 do 0.99.

Wniosek: Choć zmiany wartości BDNF przed i po ECT okazały się w niektórych publikacjach znamienne, to jednak na podstawie wykonanej meta-analzy nie stwierdzono istotnej zmiany BDNF po ECT. Różne zastosowane podejścia są w tej ocenie zgodne.

Literatura

G. Knapp, J. Hartung (2003) Improved tests for a random effects meta-regression with a single covariate. *Stat Med.* 2003;22(17):2693-710.

Efekty pandemii COVID-19 potencjalnie wpływające na występowanie depresji w środowisku medycznym

Ewelina Rybak-Szaniawska¹, Małgorzata Ćwiklińska-Jurkowska², Wojciech Kosmowski¹

¹Katedra Psychiatrii

²Katedra Biostatystyki i Teorii Układów Biomedycznych, Wydział Farmaceutyczny -Collegium Medicum w Bydgoszczy, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

Wstęp: Celem badania było modelowanie poziomu depresji u pracowników ochrony zdrowia oraz studentów kierunków medycznych i psychologii w odniesieniu do czynników związanych z warunkami pracy i studiów oraz różnymi metodami ochrony przed skutkami pandemii.

Materiały i metody: Zebrano dane z 1396 ankiet. Badano psychologiczne efekty skutków pandemii na podstawie modelowania zależności Inwentarza Depresji Becka od czynników społecznych, ekonomicznych, zdrowotnych, medycznych, epidemicznych, higienicznych. Zastosowano Uogólniony Model Liniowy- GLM (Dobson i wsp., 2018) do modelowania skali depresji. Do modelu wprowadzono 16 zmiennych, w tym uwzględniono takie zmienne ilościowe jak wiek, wielkość miejscowości (liczba mieszkańców), średnia dostępności zabezpieczeń epidemiczno-higienicznych w miejscu pracy. Wprowadzono 11 zmiennych jakościowych w tym 6 zmiennych binarnych. W modelowaniu uwzględniano efekty interakcji z wcześniejszym leczeniem psychiatrycznym. Do modelu dodano interakcje z następującymi zmiennymi: płeć biologiczna, wykształcenie, określenie czy ankietowany jest studentem studiów medycznych albo psychologii, pracuje bezpośrednio z osobami z podejrzeniem SARS-CoV-2 a ponadto sytuacja finansowa w pandemii, fakt leczenia psychiatrycznego przed pandemią koronawirusa, liczba mieszkańców miejscowości w miejscu pracy, średni stopień dostępności środków aseptycznych, wiek, stopień naukowy, braki kadrowe w miejscu pracy, przebyte szczepienia przeciwko wirusowi SARS CoV-2, zawód, specjalizacja lekarska, miejsca pracy, płeć biologiczna, przebyte zakażenia koronawirusem.

Wyniki: Różne czynniki w odmienny sposób modelują nasilenie objawów depresji w badanych grupach. W modelu GLM istotne statystycznie okazały się: wiek, wykształcenie, wcześniejsze leczenie psychiatryczne, zaszczepienie, sytuacja finansowa w pandemii, miejsce pracy, specjalizacja oraz interakcje z wcześniejszym leczeniem psychiatrycznym, z miejscem pracy i z wykształceniem;

Wnioski: Szczególnie istotny jest fakt występowania depresji u niemal połowy respondentów. Znaczna część badanych doświadcza zaburzeń nastroju, snu, funkcji seksualnych, 19.73% ankietowanych deklaruje myśli samobójcze. Z tych powodów pracownicy ochrony zdrowia i studenci kierunków medycznych w okresie pandemii wymagają wsparcia psychicznego, a także organizacyjnego, przeciwepidemicznego i finansowego.

Literatura

Dobson, A. J. , Barnett, A. G. (2018).An Introduction to Generalized Linear Models(4th ed.). Chapman and Hall/CRC

Chrzątka żebrowa, chrząstka krążka międzykręgowego i chrząstka nagłośni jako alternatywny materiał w pośmiertnej diagnostyce zatruc metanolem

Marcin Tomsia¹, Małgorzata Głaz¹, Joanna Nowicka¹, Elżbieta Chełmecka²,

¹ Katedra i Zakład Medycyny Sądowej i Toksykologii Sądowo-Lekarskiej Śląskiego Uniwersytetu Medycznego w Katowicach

² Zakład Statystyki Katedry Analizy Instrumentalnej Śląskiego Uniwersytetu Medycznego w Katowicach

Wprowadzenie: Poszukiwanie alternatywnych materiałów do pośmiertnej diagnostyki zatruc jest istotne w sytuacji, gdy krew i mocz są niedostępne lub niemiarodajne z uwagi na zaawansowane procesy gnilno-rozkładowe. Do alternatywnych materiałów wykorzystywanych w analizie toksykologicznej można zaliczyć m.in. płyn gałki ocznej, żółć, ślinę, włosy, paznokcie, smótkę i przychłonkę. Tkanka chrzęstna nie była dotychczas rozpatrywana pod kątem możliwości jej zastosowania w alkoholologii sądowej. W niniejszej pracy przedstawiono przypadki śmiertelnych zatruc metanolem w wyniku spożycia alkoholu niekonsumpcyjnego na terenie województwa śląskiego w pierwszym i drugim kwartale 2022 roku.

Cele pracy: Ocena możliwości oznaczania alkoholu metylowego i metabolitu – kwasu mrówkowego w chrząstce żebrowej, w chrząstce krążka międzykręgowego i chrząstce nagłośni; 2) Określenie korelacji między stężeniem alkoholu metylowego i kwasu mrówkowego w tkankach chrzęstnych a stężeniem w krwi sekcyjnej.

Materiał i metody: Materiał do badań stanowiła chrząstka żebrowa (n=17), chrząstka krążka międzykręgowego (n=17) i chrząstka nagłośni (n=17) jak również krew z żyły udowej (n=17) oraz mocz (n=16), zabezpieczone podczas sądowo-lekarskiej sekcji zwłok za zgodą Prokuratora. Tkanki chrzęstne poddano fragmentacji z wykorzystaniem sterylnej ostrza skalpela i badano na obecność alkoholu metylowego i kwasu mrówkowego metodą chromatografii gazowej z detekcją płomieniowo-jonizacyjną (GC-FID) techniką analizy fazy nadpowierzchniowej. Analizę statystyczną przeprowadzono z wykorzystaniem programu Statistica 13 (Dell Inc. (2016). Dell Statistica (data analysis software system), version 13. software.dell.com.).

Wyniki: Dokonano oceny i porównania stężeń metanolu i kwasu mrówkowego we krwi oraz w tkankach chrzęstnych. Wykazano korelacje pomiędzy stężeniem alkoholu metylowego w chrząstce żebrowej i stężeniem metanolu we krwi pobranej z żyły udowej ($r=0.8714$), jak również pomiędzy krwią a chrząstką nagłośni ($r=0.8224$) i chrząstką krążka międzykręgowego ($r=0.8920$). Wykazano

również korelacje metabolitu metanolu – kwasu mrówkowego z moczem ($r=0.7836$) oraz chrząstką nagłośni (0.5382).

Wnioski: Po raz pierwszy potwierdzono możliwość pośmiertnego oznaczania alkoholu metylowego w tkankach chrzęstnych. Wykazano istnienie korelacji stężenia alkoholu metylowego oznaczanego we wszystkich badanych rodzajach tkanki chrzęstnej i krwi sekcyjnej. Stwierdzono, że alkohol metylowy, podobnie do alkoholu konsumpcyjnego metanolu, wykazuje korelacje pomiędzy chrząstkami a złotym standardem – krwią. Wykonane analizy sugerują konieczność dalszych badań mających na celu uznanie tkanki chrzęstnej jako alternatywnego materiału w toksykologii sądowej. Natomiast metabolit alkoholu metylowego – kwas mrówkowy, nie spełnia wymagań do oznaczania go w tkankach chrzęstnych przy użyciu wyżej opisanych metod.

Zgody i finansowanie: Badania przeprowadzono po wydaniu opinii Komisji Bioetycznej SUM w Katowicach (pismo z dnia 05.05.2022r., nr PCN/CBN/0052/KB/77/22 i sfinansowano środkami SUM: PCN-2-119/N/0/O oraz PCN-1-103/N/1/F.

Słowa kluczowe: chrząstka żebrowa, chrząstka krążka międzykręgowego, chrząstka nagłośni, alkohol metylowy, kwas mrówkowy, chromatografia gazowa, materiały alternatywne, toksykologia sądowa

Czy wykształcenie jest dobrym miernikiem statusu społeczno-ekonomicznego (SES), na przykładzie zależności pomiędzy SES a umieralnością z powodu chorób sercowo-naczyniowych

Maciej Polak¹, Magdalena Kozela¹

¹Katedra Epidemiologii i Badań Populacyjnych, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum

Wstęp: Status społeczno-ekonomiczny jest jednym z głównych czynników wpływających na stan zdrowia i określony może być za pomocą wykształcenia, dochodów czy wykonywanego zawodu. Nie istnieje jednak uniwersalna miara SES.

Cel: Porównanie wartości dyskryminacyjnej wykształcenia oraz stworzonego wielowymiarowego indeksu SES w predykcji umieralności z powodu chorób sercowo-naczyniowych (ChSN).

Metody: Do analiz wykorzystano dane z polskiej części projektu the Health, Alcohol, and Psychosocial factors in Eastern Europe (HAPIEE) Project (losowa próba mieszkańców Krakowa w wieku od 45 do 69 lat). Przy zastosowaniu dwustopniowej analizy skupień, na podstawie wykształcenia, aktywności zawodowej, posiadanych dóbr oraz obecnej sytuacji ekonomicznej, wyodrębniono trzy grupy SES (niski, średni i wysoki). Zgony z powodu ChSN zostały określone jako I.00 do I.99 (10. Rewizja Międzynarodowej Statystycznej Klasyfikacji Chorób i Problemów Zdrowotnych [ICD-10]). Do zbadania zależności pomiędzy kategoriami SES oraz wykształceniem a umieralnością ChSN zastosowano wielowymiarowe modele proporcjonalnego hazardu Coxa. Do porównania predykcji kategorii SES oraz wykształcenia zastosowano C-indeks. Analizy wykonano osobno w warstwach płci.

Wyniki: W analizach uwzględniono 7524 osób, z czego 47% stanowili mężczyźni. Średnia (SD) wieku w badanej grupie wynosiła 56 (6,9) lat. Mediana (Q1-Q3) czasu obserwacji wyniosła 10.0 (9,9-10,8) lat. W czasie obserwacji odnotowano łącznie 251 zgonów powodu ChSN. W modelu wielowymiarowym wysoki SES był związany z redukcją ryzyka zgonu z powodu ChSN u mężczyzn o 41% (HR=0,59; 95% CI: 0,36-0,95), u kobiet o 67% (HR=0,33; 95% CI: 0,14-0,75) w porównaniu do badanych z niskim SES. Nie zaobserwowano istotnej zależności pomiędzy wykształceniem a umieralnością z powodu ChSN. Istotnie wyższe wartości C-indeksu zaobserwowano w modelu z kategoriami SES niż z samym wykształceniem (C-indeks równy 0,78 vs. 0,75; p=0,04, odpowiednio) u kobiet.

Wnioski: Stworzony indeks SES wydaje się być lepszą miarą SES niż samo wykształcenie.

Trafność screeningu w badaniach epidemiologicznych – przykład pomiaru stężenia tlenu azotu w wydychanym powietrzu (FeNO) w kontekście astmy wieku dziecięcego.

Kamil Barański

Katedra i Zakład Epidemiologii, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach.

Wprowadzenie: Znaczenie narzędzia diagnostycznego jest określane poprzez jego trafność, którą zdecydowanie łatwiej określić w warunkach badania klinicznego niż w warunkach badania epidemiologicznego. Do jednego z czynników wpływających na trafność narzędzia diagnostycznego jest rozpowszechnienie jednostki chorobowej w populacji.

Cel badawczy: Celem pracy jest weryfikacja trafności pomiaru FeNO w różnych objawach ze strony układu oddechowego z uwzględnieniem ich rozpowszechnienia w populacji dzieci.

Metodologia: Badanie przekrojowe zostało przeprowadzone wśród 447 dzieci ($n=257$; 50,8% chłopców i $n=248$; 49,2% dziewczynek) w wieku 6 do 9 lat. Do oceny objawów ze strony układu oddechowego wykorzystano zmodyfikowaną wersję kwestionariusza International Study of Asthma and Allergies in Childhood (ISAAC). Pomiar FeNO został wykonany zgodnie z zaleceniami towarzystw ERS/ATS. Ocena trafności została wykonana w oparciu o rzeczywiste jak i symulowane częstości występowania uwzględnionych w analizie objawów oraz w oparciu o 3 wartości (punkty interpretacyjne) FeNO >19 ppb, >24 ppb i >35 ppb.

Wyniki badań: Trafność FeNO dla astmy wyniosła, kolejno: 78.6%, 92.8% i 88.5 % dla punktów odcięcia FeNO >19 ppb, 24 ppb $>$ ppb and >34 ppb. Pole pod krzywą wyniosło: AUC = 0.628. Z kolei trafność FeNO dla astmy bez współistniejących objawów i chorób wyniosła odpowiednio 81.2%, 87.5%, i 92.9% wraz ze wzrostem punktów odcięcia wartości FeNO, a wartość AUC wyniosła 0.757. Symulowana częstość objawów lub chorób nie wpływały istotnie na trafność, gdy zakres częstości objawów nie przekraczał 10% w badanej populacji dzieci.

Wnioski: Na trafność pomiaru FeNO w odniesieniu do chorób/objawów ze strony układu oddechowego nie ma większego wpływu częstość występowania analizowanych chorób w warunkach badania epidemiologicznego. Najlepsza wartość odcięcia FeNO (cut-off) dla celów epidemiologicznych wynosi 35 ppb.

Słowa kluczowe: Trafność, screening, tlenek azotu w wydychanym powietrzu, astma

Wpływ wyników badań przesiewowych słuchu u noworodków na zgłaszalność na wizytę kontrolną na poziomie diagnostycznym.

Grażyna Greczka¹, Anna Sowińska²

¹Klinika Otolaryngologii i Onkologii Laryngologicznej Uniwersytetu Medycznego w Poznaniu

²Katedra i Zakład Informatyki i Statystyki Uniwersytetu Medycznego w Poznaniu

W Polsce od 2003 roku realizowany jest Program Powszechnych Przesiewowych Badań Słuchu u Noworodków (PPPBSuN). Celem programu jest wykonanie badania słuchu w 2-3 dniu życia noworodków oraz analiza czynników ryzyka predysponujących do utraty słuchu. Program obejmuje 492 ośrodki na trzech poziomach referencyjności: wczesne wykrycie ubytku słuchu, diagnoza oraz interwencja. Częścią każdego programu przesiewowych badań słuchu noworodków jest monitorowanie wizyt diagnostycznych w celu potwierdzenia lub wykluczenia obecności ubytku słuchu. Ważną rolę w diagnozie odgrywa również czas.

W niniejszej pracy przedstawiono analizę dzieci, które zgłosiły się na wizytę diagnostyczną oraz czas, jaki upłynął od urodzenia do pierwszej wizyty audiologicznej, w zależności od wyniku badania przesiewowego słuchu wykonanego w pierwszych dniach życia dziecka. Zbadano również wpływ obecności lub braku czynników ryzyka predysponujących do uszkodzenia słuchu na zgłaszalność na wizyty kontrolne.

Metody: Przeanalizowano 6 580 524 dzieci urodzonych od stycznia 2003 do października 2020, z czego 8,9% wymagało dalszej diagnostyki. W analizie Do określenia różnicy w czasie zgłaszania się na wizyty kontrolne w poszczególnych grupach wykorzystano test Kruskala-Wallisa. Prawdopodobieństwo wystąpienia ubytku słuchu w poszczególnych grupach podano w postaci ilorazów szans. Wszystkie obliczenia wykonano na poziomie istotności $\alpha = 0,05$.

Wyniki: Średni czas kontrolnej wizyty diagnostycznej w analizowanej grupie wynosił 130 dni i różnił się występowaniem lub brakiem czynników ryzyka utraty słuchu przed i po okresie noworodkowym. Chociaż ryzyko utraty słuchu u dzieci z czynnikami ryzyka jest od 2,31 do 6,38 razy wyższe niż u dzieci bez czynników ryzyka w zależności od wyniku badania przesiewowego, ponad 40% rodziców nie zgłasza się na zaplanowane wizyty audiologiczne.

Wnioski: Lekarze, pielęgniarki i położne wykonujące badania przesiewowe słuchu na poziomie neonatologicznym odgrywają ważną rolę w edukacji rodziców na temat możliwości ubytku słuchu u dziecka i konieczności wykonania badania audiologicznego.

Wielowymiarowe modelowanie właściwości pochodnych N^2 -podstawionych amidrazonów

Renata Paprocka¹, Małgorzata Ćwiklińska-Jurkowska²

¹Katedra Chemii Organicznej, Wydział Farmaceutyczny, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

²Katedra Biostatystyki i Teorii Układów Biomedycznych, Wydział Farmaceutyczny, Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu

Wstęp: W trakcie eksperymentów po utworzeniu nowych związków chemicznych, które mają potencjał być kandydatami do nowych leków, ocenia się je w kierunku możliwości zwalczania bakterii, grzybów oraz ich własności przeciwzapalnych i przeciwnowotworowych.

Metody: Wykorzystano dane eksperymentalne: wartości MIC₅₀ (minimalnego stężenia hamującego) 5 szczepów bakteryjnych (*P_aeruginosa*, *Y_enterocolitica*, *E_faecalis*, *S_lutea*, *N_corralina*) i jednego grzybiczego (*C_albicans*) oraz zahamProlifZw _stesz50ug_ml oraz zahamow SyntTNF_a (aktywność przeciwzapalna). Logarytmy każdej z powyższych charakterystyk eksperymentalnych modelowano zmiennymi teoretycznymi fizyko-chemicznymi oraz eksperymentalnie znalezionymi charakterystykami, jak lipofilowość. Zastosowano uogólnione mieszane modele liniowe (LARS Least Angle Regression, adaptacyjna regresja LASSO, Elastic Net i selekcja krokowa). Jako potencjalne predyktory wykorzystano informacje o strukturze i takie właściwości fizykochemiczne związków, wyniki analizy teoretycznej programu PASS (teoretycznej aktywności przeciw bakteriom, egzemie, gruźlicy) oraz wyznaczoną eksperymentalnie liofilowość. W modelach badano także istotność interakcji z rodzajem podstawników arylowych (R^1 i R^2).

Wyniki: Modele różnią się ilością wybranych istotnych zmiennych oraz jakością predykcji. Najlepsze wyniki, biorąc pod uwagę wszystkie badane zmienne przewidywane, otrzymano dla wyboru zmiennych metodą adaptacyjnego LASSO.

Modelowanie aktywności przeciwgrzybiczej zapewniło metoda wybory zmiennych adpatacyjnego LASSO 50% objaśnienia zmienności za pomocą tylko 2 zmiennych: %C i masa molowa (skorygowany współczynnik determinacji =0.46).

Dla aktywności przeciwbakteryjnej najlepsze modele uzyskano modelując MIC szczepów: *E_faecalis* i *N_corralina*. Wybranymi w modelu adaptacyjnego LASSO dla szczepu *N_corralina* są: wartość masy molowej, lipofilowość z programu teoretyczna miLOGP, kwadrat PASS antybakteryjnego, liczba akceptorów H, TPSA, podstawnik R^2 interakcja temperatury topnienia z podstawnikiem R^2 i kwadrat temperatury topnienia. Z kolei dla *E_fecalis* są to: %N, TPSA, podstawnik R^2 , interakcja temperatury

topnienia z podstawnikiem R^2 oraz z podstawnikiem R^1 , kwadrat temperatury topnienia. Dla modelu zahamProlifZw_stez50ug_ml model złożony z eksperymentalnego współczynnika lipofilowości, PASS przeciwzapalnego, PASS przeciwnowotworowego, liczby donorów H, podstawnik R^1 , podstawnik R^2 , interakcja temperatury topnienia z podstawnikiem R^2 i kwadrat temperatury topnienia objaśnia 50% zmienności.

Bibliografia

Efron, B., Hastie, T.J., Johnstone, I.M., and Tibshirani, R. (2004). Least Angle Regression. *Annals of Statistics* 32:407–499

Analiza epidemiologiczna najczęściej diagnozowanych chorób nowotworowych w województwie śląskim w latach 2015-2020

Piotr Choreża¹, Wacław Kruk², Jerzy Chudek³, Aleksander Owczarek⁴

¹ Zakład Statystyki Katedry Analizy Instrumentalnej, Wydział Nauk Farmaceutycznych w Sosnowcu, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach

² Zakład Pielęgniarstwa i Zdrowia Publicznego, Kolegium Nauk Medycznych, Uniwersytet Rzeszowski

³ Katedra i Klinika Chorób Wewnętrznych i Chemioterapii Onkologicznej, Wydział Nauk Medycznych w Katowicach, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach

⁴ Zakład Promocji Zdrowia i Leczenia Otyłości Katedry Patofizjologii, Wydział Nauk Medycznych w Katowicach, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach

Cel pracy: Celem pracy jest analiza epidemiologiczna najczęściej diagnozowanych chorób onkologicznych w województwie śląskim oraz identyfikacja powiatów o zwiększonym obciążeniu chorobami nowotworowymi, w których należy rozważyć wprowadzenie interwencji w zakresie promocji zdrowia i profilaktyki.

Materiał i metody: Materiał do badań stanowią zdepersonalizowane dane udostępnione przez Śląski Oddział Wojewódzki Narodowego Funduszu Zdrowia dotyczące świadczeń leczniczych finansowanych przez NFZ w latach 2015-2020 w zakresach hospitalizacji w oddziałach onkologii klinicznej, radioterapii, chirurgii onkologicznej i ogólnej oraz AOS w zakresie onkologii. Do analizy włączono 193.016 pacjentów, którym udzielono łącznie 5.909.171 świadczeń leczniczych. Analiza epidemiologiczna wykonana została z podziałem na powiaty, według miejsca zamieszkania pacjentów.

Wyniki: Mężczyźni stanowili 46,8% pacjentów, a ich wiek w chwili rozpoznania choroby nowotworowej był wyższy w porównaniu do kobiet (64 ± 12 vs. 62 ± 12 , $p < 0,001$). Najwyższe wartości SMR z powodu chorób nowotworowych w roku 2016 obserwowano w największych ośrodkach miejskich; Metropolii Śląsko-Zagłębiowskiej, Częstochowie i Bielsku-Białej. W latach 2016-2019 wartości SMR uległy zmniejszeniu średnio o -11,5% (95% CI: -18,0% – -9,2%) we wszystkich powiatach z wyłączeniem Piekar Śląskich. Następnie w roku 2020 w porównaniu do 2019, stwierdzono zmniejszenie wartości SMR średnio o -7,9% (95% CI: -12,6% – -3,2%). Efekt ten był szczególnie widoczny w powiatach rybnickim, myszkowskim, żywieckim i Piekarach Śląskich. Najczęściej rozpoznawanymi chorobami nowotworowymi wśród kobiet były: nowotwór piersi, nowotwór jelita grubego, nowotwór trzonu macicy, nowotwór oskrzela i płuca oraz inne nowotwory skóry. Wśród mężczyzn dominowały: nowotwór prostaty, nowotwór jelita grubego, nowotwór oskrzela i płuca, inne nowotwory skóry oraz nowotwór nerki z wyjątkiem miedniczki nerkowej.

Wnioski: Obciążenie chorobami nowotworowymi w województwie śląskim charakteryzuje się zróżnicowaniem przestrzennym, a profil najczęściej diagnozowanych nowotworów nie odbiega istotnie od danych krajowych i europejskich. W roku 2020 zaobserwowano wyraźne zmniejszenie liczby nowo rozpoznawanych przypadków choroby nowotworowych co wiązać można z ograniczoną dostępnością świadczeń leczniczych wynikającą z ograniczenia dostępności specjalistycznych świadczeń leczniczych i diagnostycznych wynikające z zaangażowania zasobów systemu ochrony zdrowia w zwalczanie pandemii COVID-19.

Słowa kluczowe : epidemiologia, choroby nowotworowe, województwo śląskie

Praca została zrealizowana dzięki środkom finansowym Śląskiego Uniwersytetu Medycznego w Katowicach w ramach projektu badawczego nr PCN-1-068/N/2/Z: *„Analiza świadczeń leczniczych udzielonych pacjentom onkologicznym w województwach podkarpackim i śląskim w latach 2015-2020”*

Potencjał wykorzystania sztucznej inteligencji w analizie danych klinicznych deponowanych w biobankach

Anna Michalska-Falkowska¹, Karine Sargsyan²

¹ Zakład Klinicznej Biologii Molekularnej, Uniwersytet Medyczny w Białymstoku

² International Biobanking and Education, Medical University of Graz, Austria

W dobie rozwoju nowych technologii w sektorze ochrony zdrowia, możliwość wykorzystania sztucznej inteligencji (AI) do analizy dużych zbiorów danych gromadzonych w biobankach wykazuje znaczący potencjał dla optymalizacji tego procesu. Biobanki, jako jednostki odpowiedzialne za wystandaryzowane pozyskiwanie, preparatykę i przechowywanie próbek materiału biologicznego i powiązanych z nim danych odgrywają kluczową rolę w dostarczaniu zgromadzonych zasobów do prowadzenia badań naukowych, wdrożeniowych i klinicznych oraz rozwoju technologii medycznych.

Działalność biobanków stanowi podstawę rozwoju nowoczesnych, wysoko przepustowych obszarów badań biomedycznych, takich jak genomika, metabolomika, transkryptomika, proteomika, patomorfologia molekularna oraz farmakogenomika. Dane generowane na potrzeby analizy i dalszego rozwoju tych dziedzin w ramach medycyny translacyjnej wymagają zastosowania zaawansowanych narzędzi zarówno do ich obróbki, jak i też i porównywania oraz integracji z istniejącymi bazami danych. Jako kierunek rozwoju bezpiecznych i wydajnych systemów zarządzania danymi wskazywane jest wdrożenie algorytmów uczenia maszynowego opartych o sztuczną inteligencję. Potencjalne zastosowania tej technologii w biobankach obejmują zarówno monitorowanie gromadzenia danych medycznych, zarządzanie nimi, integrację i przeszukiwanie zbiorów. Co ważne, wykorzystanie uczenia maszynowego przy analizie danych uzyskanych w wyniku analiz omicznych, może usprawnić proces kształtowania nowych algorytmów diagnostycznych i terapeutycznych w oparciu o profil molekularny pacjentów. Ze względu na dostęp do olbrzymiej ilości danych omicznych, istnieje potrzeba racjonalnego i wystandaryzowanego zarządzania tymi danymi oraz ich korelacji z danymi klinicznymi w celu zapewnienia optymalnego rozwoju medycyny personalizowanej ukierunkowanej na leczenie pacjentów zgodnie z ich indywidualnymi cechami. Ponadto, użycie algorytmów uczenia maszynowego przy obsłudze procesów gromadzenia danych, może uwidocznić powiązania pomiędzy już zgromadzonymi zestawami danych oraz aktualizować i synchronizować określone zestawy danych w przypadku regularnie uzupełnianych informacji pozyskanych z badań longitudinalnych.