

Kołobrzeg, 10-12.06.2026



Analiza danych medycznych
teoria i praktyka

Polska Grupa Narodowa Międzynarodowego Towarzystwa Biostatystyki Klinicznej

PROGRAM I ABSTRAKTY

Redakcja książeczki abstraktów i projekt okładki:

dr Izabela Miechowicz (Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu)
dr inż. Anna Sowińska (Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu)

Fotografia na okładce:

<https://www.locationscout.net/poland/42966-kolobrzeg>

Wydawca:

Katedra i Zakład Informatyki i Statystyki Uniwersytetu Medycznego w Poznaniu

ISBN :

978-83-962849-2-1

Kołobrzeg 2026

Książka abstraktów zamieszczona na stronie ISCB

Organizatorzy

Polska Grupa Narodowa Międzynarodowego Towarzystwa
Biostatystyki Klinicznej



Patronat honorowy

Agencja Badań Medycznych



AGENCJA
BADAŃ
MEDYCZNYCH

Sponsorzy

Best Sp. z o. o.



PQStat Software



Spis treści:

Organizatorzy.....	3
Patronat honorowy.....	3
Sponsorzy	3
Program konferencji	7
Plakaty	9
Abstrakty referatów.....	10
Porównanie regresji Coxa i Random Survival Forests w identyfikacji predyktorów zgonów okołooperacyjnych w rejestrze KROK	11
Analiza statystyczna dojrzewania zębowego i kostnego u dzieci z GHD oraz dzieci z grupy kontrolnej po dopasowaniu metodą propensity score	12
Różnorodność jako metryka generalizacji uczenia w przestrzeniach wysoko-wymiarowych	13
Dermokonsultacja AI	15
Zmiany mikronaczyniowe u pacjentów z otworem pełnościennym plamki przed i po witrektomii: badanie angiografii optycznej koherentnej tomografii	16
Ocena percepcji wzrokowej cech płciowych i czynników ją determinujących osób z zaburzeniami rozwoju płci	17
Ocena Użyteczności Fotopletyzmografii w Analizie Asymetrii Rytmu Serca - Badanie Porównawcze z Wykorzystaniem Bazy Autonomic Aging (PhysioNet).....	18
Zastosowanie transferu entropii do oceny mechanizmów regulacyjnych w układzie sercowo-naczyniowym u osób doznających omdleń wazowagalnych	19
Porównanie różnych metod analitycznych na podstawie oznaczeń substancji toksycznych w badaniach post mortem	20
Efektywność dydaktyczna storytellingu (narracyjnych studiów przypadków) i puzzle-based learning (modularyzacji problemowej) w nauczaniu biostatystyki dla pokolenia Alfa	21
Wpływ ciśnienia atmosferycznego na przypadki sercowo-naczyniowe. Mit czy Fakt?	22
Wpływ stosowania automatycznych systemów dozowania insuliny CamApsFX i Minimed 780G na poziom glikemii pacjentów pediatrycznych – retrospektywne badanie obserwacyjne	23

Geometria podstawowa jako narzędzie analityczne w lokalizacji idiopatycznej arytmii komorowej na podstawie izochronów uzyskanych w czasie rekonstrukcji trójwymiarowej komór serca	24
Uczenie ludzi a uczenie maszyn.....	26
Różnicowanie pacjentów z chorobą afektywną jednobiegunową (ChAJ) i dwubiegunową (ChAD) na podstawie testu OPCRIT	28
Matematyka w służbie psychiatrii: czyli jak statystyka może wspomóc diagnostykę zaburzeń afektywnych	29
Real-World Evidence: siła danych i statystyki w podejmowaniu decyzji klinicznych	30
AI w poszukiwaniu związków biologicznie aktywnych	35
Ocena śmiertelności pacjentów z chorobami sercowo-naczyniowymi i COVID-19 — przegląd systematyczny literatury i metaanaliza.....	36
Czy odpowiedzi wygenerowane przez AI są bardziej zrozumiałe i przydatne niż odpowiedzi specjalisty? Zastosowanie mieszanego modelu regresji logistycznej w analizie preferencji respondentów	38
Hipotezy, cele i planowana analiza statystyczna w projekcie „Wielochorobowość zespołu metabolicznego: podłużne badanie kohortowe TWIN.PL.....	40
Czy różne wskaźniki antropometryczne diagnozują tak samo stan odżywienia u kobiet z zespołem policystycznych jajników?	43
Methodological Developments in Regularized Multiple Regression for Omics Data Exploration	44

Komitety Organizacyjny Konferencji:

Przewodnicząca:

- dr Izabela Miechowicz – Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu

Członkowie:

- dr inż. Anna Sowińska – Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
- dr Justyna Marcinkowska – Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
- dr Piotr Choręza – Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach

Komitet Naukowy Konferencji:

Członkowie:

- dr hab. Katarzyna Buszko, prof. UMK – Collegium Medicum w Bydgoszczy Uniwersytetu Mikołaja Kopernika w Toruniu
- dr hab. Wioletta Grzenda, prof. Szkoła Główna Hndlowa w Warszawie
- dr hab. Elżbieta Chełmecka, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach
- dr hab. Michał Michałak, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu
- dr Tomasz Burzykowski, prof. Hasselt University
- prof. dr hab. Aleksander Owczarek, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach
- dr hab. Barbara Więckowska, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu

Program konferencji

Dzień 1: środa, 10 czerwca

- 15:00 Rejestracja uczestników i zakwaterowanie w Hotelu Fregata

Dzień 2: czwartek, 11 czerwca

Otwarcie konferencji 10:15 – 10:25

- 1 dr hab. Barbara Więckowska, UMP
 - 2 dr hab. Katarzyna Buszko, prof. UMK
 - 3 dr Izabela Miechowicz, UMP
-

Sesja 1, 10:45 – 12:50, przewodniczący sesji: dr hab. Elżbieta Chelmecka

1	prof. dr hab. Przemysław Guzik	Hipotezy, cele i planowana analiza statystyczna w projekcie „Wielochorobowość zespołu metabolicznego: podłużne badanie kohortowe TWIN.PL”
2	prof. dr hab. Aleksander Owczarek	Czy różne wskaźniki antropometryczne diagnozują tak samo stan odżywienia u kobiet z zespołem policystycznych jajników?
3	dr hab. Michał Michalak	Porównanie regresji Coxa i Random Survival Forests w identyfikacji predyktorów zgonów okołoperacyjnych i odległych w rejestrze KROK
4	dr hab. Katarzyna Buszko	Zastosowanie transferu entropii do oceny mechanizmów regulacyjnych w układzie sercowo-naczyniowym u osób doznających omdleń wazowagalnych
5	mgr Dominik Nowakowski	Methodological Developments in Regularized Multiple Regression for Omics Data Exploration
6	dr Adam Korczyński	Grupowanie obiektów na podstawie danych kategoryalnych

Sesja 2, 13:10-14:25, przewodniczący sesji: dr Piotr Choręza

1	Przemysław Magielski wraz z zespołem	Real World Evidence: Siła danych i statystyki w podejmowaniu decyzji klinicznych – RWE jako nauka o danych klinicznych – Jakość danych RWD i jej wpływ na wyniki analiz – Metody statystyczne jako fundament wiarygodności RWE – Case studies: Jak wykorzystać dane do realizacji projektów badawczych
----------	--------------------------------------	--

Dzień 3: piątek, 12 czerwca

Sesja 3, 10:00-11:40, przewodniczący sesji: prof. dr hab. Aleksander Owczarek

1	dr Małgorzata Ćwiklińska-Jurkowska	Różnorodność jako metryka generalizacji uczenia w przestrzeniach wysokowymiarowych
2	dr Izabela Miechowicz	Matematyka w służbie psychiatrii: czyli jak statystyka może wspomóc diagnostykę zaburzeń afektywnych
3	mgr Beata Kizior	AI w poszukiwaniu związków biologicznie aktywnych
4	dr Juztyna Marcinkowska	Efektywność dydaktyczna storytellingu (narracyjnych studiów przypadków) i puzzle-based learning (modularyzacji problemowej) w nauczaniu biostatystyki dla pokolenia Alfa
5	dr hab. Elżbieta Chetmecka	Geometria podstawowa jako narzędzie analityczne w lokalizacji idiopatycznej arytmii komorowej na podstawie izochronów uzyskanych w czasie rekonstrukcji trójwymiarowej komór serca

Sesja 4, 12:30-13:45, przewodniczący sesji: dr Izabela Miechowicz

1	dr inż. Anna Sowińska	Analiza statystyczna dojrzewania zębowego i kostnego u dzieci z GHD oraz dzieci z grupy kontrolnej po dopasowaniu metodą propensity score
2	dr inż. Arkadiusz Majewski	Dermokonsultacja AI

Plakaty

1	Wiktoria Zagórska, Cezary Janicki, Maria Szydłowska, Antonina Dytfeld, Barbara Katulska, Aleksandra Motylewicz, Aleksandra Chodecka, Zofia Kolesińska, Izabela Miechowicz	Ocena percepcji wzrokowej cech płciowych i czynników ją determinujących osób z zaburzeniami rozwoju płci.
2	Aleksandra Górską, Dawid Heczko, Sebastian Sirek, Elżbieta Chełmecka	Zmiany mikronaczyniowe u pacjentów z otworem pełnościennym płamki przed i po witrektomii: badanie angiografii optycznej koherentnej tomografii
3	Kacper Wnuk	Zastosowanie porządkowej regresji logistycznej w ocenie aktywności przeciwbakteryjnej kannabinoidów wobec klinicznych szczepów rodzaju <i>Enterococcus</i>
4	Aleksandra Zorychta, Małgorzata Głaz, Rafał Skowronek, Marcin Tomsia, Elżbieta Chełmecka	Porównanie różnych metod analitycznych na podstawie oznaczeń substancji toksycznych w badaniach post mortem
5	Kacper Grudniewski, Natalia Pieprz, Katarzyna Dąbrowska, Paulina Radecka, Jakub Wesołowski, Dominika Zwiech, Joanna Pawlak, Izabela Miechowicz	Różnicowanie pacjentów z chorobą afektywną jednobiegunową (ChAJ) i dwubiegunową (ChAD) na podstawie testu OPCRIT
6	Paweł Kotecki	Wpływ ciśnienia atmosferycznego na przypadki sercowo-naczyniowe. Mīt czy Fakt?
7	Piotr Choreża, Sebastian Seget, Halla Kamińska, Przemysław Jarosz-Chobot	Wpływ stosowania automatycznych systemów dozowania insuliny CamApsFX i Minimed 780G na poziom glikemii pacjentów pediatrycznych – retrospektywne badanie obserwacyjne
8	Magdalena Skowrońska	New method of assessment of endometrial receptivity based on the dynamics of changes of its shape between the ovulatory peak and the day of transfer.
9	Magdalena Skowrońska, Michał Pawłowski, Robert Milewski	New method of assessment of endometrial receptivity based on the dynamics of changes of its shape between the ovulatory peak and the day of transfer

Abstrakty referatów

Porównanie regresji Coxa i Random Survival Forests w identyfikacji predyktorów zgonów okołoperacyjnych w rejestrze KROK

Michał Michalak¹, Bartłomiej Perek²

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

² Klinika Kardiologii i Transplantologii (KLKA), Uniwersytet Medyczny im Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Polska

Celem prezentacji jest porównanie dwóch podejść do analizy danych typu time-to-event: klasycznego modelu proporcjonalnych hazardów Coxa oraz metody Random Survival Forests (RSF) opartej na uczeniu maszynowym. Regresja Coxa stanowi standard analizy przeżycia w badaniach klinicznych, umożliwiając estymację ilorazów hazardów (HR) i bezpośrednią interpretację kliniczną wpływu poszczególnych zmiennych na ryzyko zgonu. Jednocześnie metoda ta wymaga spełnienia określonych założeń, w szczególności proporcjonalności hazardów i liniowości efektów.

RSF jest nieparametrycznym podejściem alternatywnym, niewymagającym tych założeń, które pozwala na modelowanie nieliniowych zależności oraz złożonych interakcji pomiędzy predyktorami. Metoda ta umożliwia ocenę znaczenia zmiennych m.in. za pomocą miar ważności (variable importance, VIMP) oraz głębokości minimalnej, koncentrując się przede wszystkim na jakości predykcji i stratyfikacji ryzyka.

Planowana analiza obejmuje około 9 000 pacjentów z krajowego rejestru KROK (Krajowy Rejestr Operacji Kardiologicznych) i ma na celu identyfikację predyktorów zgonów okołoperacyjnych oraz porównanie zdolności obu modeli do opisu czynników ryzyka i predykcji przeżycia. Ocenie poddane zostaną miary dyskryminacji i jakości predykcji, takie jak concordance index (C-index) oraz Brier score, a także zgodność kluczowych predyktorów wskazywanych przez oba podejścia.

Prezentacja przedstawi podobieństwa i różnice metod Coxa i RSF, ich ograniczenia oraz potencjalne obszary zastosowań w analizie dużych rejestrów klinicznych, wskazując w jaki sposób metody oparte na uczeniu maszynowym mogą uzupełniać klasyczne modele statystyczne w analizie ryzyka zgonów okołoperacyjnych.

Analiza statystyczna dojrzewania zębowego i kostnego u dzieci z GHD oraz dzieci z grupy kontrolnej po dopasowaniu metodą propensity score

Natalia Torlińska-Walkowiak¹, Katarzyna Anna Majewska², Anna Sowińska³, Andrzej Kędzia², Justyna Opydo-Szymaczek¹

¹ Katedra Stomatologii Dziecięcej, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Polska

² Katedra Pediatrii, Diabetologii, Auxologii i Otyłości, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Polska

³ Katedra Informatyki i Statystyki, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Polska

Ocena wieku zębowego i kostnego w odniesieniu do wieku chronologicznego stanowi istotny element diagnostyki rozwoju dzieci. U pacjentów z izolowanym niedoborem hormonu wzrostu (GHD) analiza tych zależności pozwala na lepsze zrozumienie charakteru opóźnienia dojrzewania oraz monitorowanie skuteczności leczenia.

Celem badania była analiza korelacji wieku zębowego, kostnego i chronologicznego u dzieci z GHD z wykorzystaniem dopasowania propensity score.

Badaniem objęto 48 dzieci (30 chłopców, 18 dziewcząt) w wieku $10,57 \pm 2,24$ roku, spełniających kryteria włączenia spośród 93 zakwalifikowanych pacjentów. Przeprowadzono ocenę kliniczną i biochemiczną. Wiek zębowy określano na podstawie badania klinicznego, natomiast wiek kostny oceniano na podstawie radiogramów ręki i nadgarstka metodą Greulich'a i Pyle'a. Metodą propensity score dopasowano do grupy badanej grupę kontrolną i przeprowadzono szereg porównań i zbadano zależności.

Wykazano istotne statystycznie korelacje pomiędzy wiekiem zębowym, kostnym i chronologicznym ($p < 0,05$). Opóźnienie wieku zębowego było istotnie większe u dzieci z GHD w porównaniu do populacji zdrowej ($-0,37$ vs $0,28$; $p = 0,0008$). Opóźnienie wieku kostnego było bardziej nasilone niż opóźnienie wieku zębowego i wynosiło średnio $1,73$ roku ($p < 0,0001$), przy czym było większe przed rozpoczęciem leczenia niż w jego trakcie.

U dzieci z GHD występują istotne rozbieżności pomiędzy wiekiem kostnym, zębowym i chronologicznym, które zmniejszają się w trakcie terapii hormonem wzrostu. Uwzględnienie tych różnic jest szczególnie ważne w planowaniu leczenia stomatologicznego oraz interdyscyplinarnej opiece nad pacjentem.

Słowa kluczowe: Izolowany niedobór hormonu wzrostu, hormon wzrostu, wiek, zębowy, wiek kostny, propensity score

Różnorodność jako metryka generalizacji uczenia w przestrzeniach wysoko-wymiarowych

Małgorzata Ćwiklińska-Jurkowska¹, Jan Jurkowski²

¹ Katedra Biostatystyki i Teorii Układów Medycznych, Uniwersytet Mikołaja Kopernika, Polska

² Inkubator Uniwersytetu Warszawskiego, Polska

Problemy wysoko wymiarowe stawiają wyzwania dla metod uczenia, w szczególności nadzorowanego. Mała ilość przypadków w stosunku do liczby zmiennych może prowadzić do braku stabilności klasyfikatora lub jego przeuczenia. Jedną z metod wykorzystania niewielkiego zbioru danych jest łączenie metod klasyfikacji, które może być remedium na te problemy. W automatycznym uczeniu opartym na zespołach ważny jest kompromis między dokładnością składowych modeli a różnorodnością zespołu. Interesujący jest problem związku różnorodności z własnościami generalizacji.

Badanie przeprowadzono dla kilku wysoko-wymiarowych zbiorów związanych z binarną klasyfikacją danych medycznych. Wykorzystując podzbiór uczący stosowano różne metody selekcji najbardziej dyskryminujących zmiennych oraz uczono klasyfikator. Poprawność tej selekcji oraz klasyfikacji badano z wykorzystaniem zbioru testowego.

Ze względu na niewielką ilość przypadków w stosunku do wymiaru, klasyfikatory podlegały procedurze „łączenia ekspertów” przez głosowanie. Analizowano różne zestawy klasyfikatorów składowych, w tym z różnymi parametrami oraz różną ich liczbę. Analizowano klasyfikatory składowe pochodzące z szerokiego spektrum uczenia maszynowego oraz sieci neuronowych, w tym uczenia głębokiego. Hiperparametry sieci neuronowej z jedną warstwą ukrytą, takie jak na przykład regularyzacyjny współczynnik rozpadu, liczba neuronów oraz zakres losowej wagi startowej, ustalano na podstawie przeszukiwania siatki w celu dostrojenia tych hiperparametrów, tak, aby zapewnić najmniejszy błąd średniokwadratowy. Do zestawu łączonych klasyfikatorów wprowadzono także głębokie sieci neuronowe z różnymi strukturami: dla różnej liczby warstw ukrytych oraz liczby neuronów w warstwie.

Dokonano oceny różnorodności łącznych klasyfikatorów, wynikającą z różnych podzbiorów zmiennych, różnych metod redukcji wymiaru i różnych typów klasyfikatorów składowych. Zastosowano szeroki zestaw miar różnorodności, w tym z zakresu teorii informacji, dywergencji, entropii oraz uśrednionych miar dla wszystkich par klasyfikatorów, w większości miar symetrycznych.

W celu oceny jakości klasyfikatora łącznego szacowano stopień jego przeuczenia. W tym celu obliczano różnicę między błędem na próbie testowej i uczącej. Dodatkowo w tym kontekście oceniano analogiczną różnicę zysku łączenia klasyfikatora łącznego nad średnim błędem jego klasyfikatorów składowych między wynikami dla próby testowej i uczącej, a także zysk łączenia w porównaniu do minimalnego błędu klasyfikatorów składowych.

Modelowano jakość klasyfikacji łącznej poprzez wpływ różnorodności z poprawką na liczbę zmiennych i złożoność problemu wyrażonego przez średni błąd różnych klasyfikatorów bazowych (który ma także związek z kompromisem różnorodności z dokładnością składowych modeli) oraz w skupieniach metod selekcji zmiennych. Istotność różnorodności w estymacji generalizacji zależy od wybranej miary.

Słowa kluczowe: różnorodność, fuzja ekspertów, uczenie maszynowe, uczenie głębokie, generalizacja, wysoko-wymiarowe dane medyczne

Dermokonsultacja AI

Arkadiusz Majewski

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

Celem projektu było opracowanie i walidacja prototypowego systemu dermokonsultacji wykorzystującego sztuczną inteligencję do analizy cech skóry twarzy na podstawie obrazów cyfrowych oraz do predykcyjnego doboru kosmetyków pielęgnacyjnych. Projekt zakładał integrację akwizycji obrazu, modeli uczenia maszynowego oraz systemu ekspertowego w celu uzyskania narzędzia działającego w warunkach rzeczywistych, zdolnego do dalszego samouczenia.

Materiał badawczy stanowiły dane empiryczne pozyskane z wykorzystaniem specjalistycznego urządzenia do analizy skóry twarzy (obrazowanie RGB, światło spolaryzowane i UV). W etapie I przeprowadzono badania naturalne z udziałem 200 osób w wieku 20–80 lat we współpracy z Uniwersytetem Medycznym w Poznaniu, a następnie przygotowano bazę 1000 przypadków uczących. Dane obejmowały m.in. poziom natłuszczenia, nawilżenia, zmarszczek, przebarwień, zmian trądzikowych i naczyniowych. Zastosowano ekstrakcję cech, normalizację danych oraz uczenie nadzorowane z podziałem na zbiory uczące, walidacyjne i testowe.

W etapie II system został rozszerzony o infrastrukturę back-endową, API REST, aplikację Windows oraz aplikacje mobilne. Przeprowadzono badania pilotażowe w warunkach operacyjnych, gromadząc ponad 2000 dodatkowych przypadków. Modele neuronowe optymalizowano z wykorzystaniem biblioteki TensorFlow, stosując wielowarstwową sztuczną sieć neuronową o charakterze regresyjnym.

Opracowano w pełni funkcjonalny prototyp hybrydowego systemu dermokonsultacji, oparty na modelu sztucznej inteligencji i systemu ekspertowego, umożliwiający analizę cech skóry twarzy w czasie rzeczywistym oraz predykcyjny dobór kosmetyków. W etapie I najlepsze modele osiągały jakość testową do 76%. Po dalszej optymalizacji w etapie II uzyskano stratę MSE na poziomie 0,027, co odpowiada skuteczności predykcji przekraczającej 97%. System wykazał stabilność działania w środowisku pilotażowym oraz zdolność do dalszego doskonalenia wraz z napływem nowych danych. Badania potwierdziły, że standaryzowana akwizycja obrazu połączona z uczeniem maszynowym i systemem ekspertowym umożliwia skuteczną analizę cech skóry twarzy. Opracowany system hybrydowy stanowi solidną podstawę do dalszego rozwoju naukowego i wdrożeniowego w obszarze dermokosmetologii cyfrowej.

Słowa Kluczowe: dermokonsultacja, sztuczna inteligencja, uczenie maszynowe, analiza obrazu, cechy skóry twarzy, system ekspertowy, TensorFlow

Zmiany mikronaczyniowe u pacjentów z otworem pełnościennym plamki przed i po witrektomii: badanie angiografii optycznej koherentnej tomografii

Aleksandra Górską¹, Dawid Heczko², Sebastian Sirek¹, Elżbieta Chelmecka²

¹Katedra Okulistyki Kliniki Okulistyki, Uniwersyteckie Centrum Kliniczne im. Kornela Gibińskiego, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, Polska

²Zakład Statystyki Medycznej, Wydział Nauk Farmaceutycznych w Sosnowcu, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, Polska

W badaniu oceniono zmiany w obszarze dołkowej strefy beznaczyniowej (FAZ) i gęstości naczyń siatkówki u pacjentów z pełnościennym otworem plamki (FTMH) przed i po witrektomii z wykorzystaniem angiografii optycznej koherentnej tomografii (OCT-A).

Przeprowadzono prospektywną analizę 39 pacjentów ze zdiagnozowanym FTMH, u których wykonano witrektomię. Obrazowanie OCT-A wykonano przed operacją oraz 1 i 3 miesiące po operacji. Analizowane parametry obejmowały obszar FAZ, gęstość naczyń powierzchniowych (SCP) i głębokich spłotów naczyniowych siatkówki (DCP) oraz centralną grubość siatkówki (CRT). Wykonano pełną analizę porównawczą grupy badanej i kontrolnej względem czasu oraz analizę korelacji z wykorzystaniem narzędzi statystycznych, a wynik istotny statystycznie przyjęto dla $p < 0,05$.

Przedoperacyjne obrazy OCT-A wykazały istotną różnicę w średniej powierzchni FAZ między oczami dotkniętymi chorobą a zdrowymi ($p < 0,01$). Jednakże, zaobserwowano istotną redukcję SCP po witrektomii. Ostrość wzroku uległa znacznej poprawie po operacji ($p < 0,001$), ale nie zaobserwowano istotnych zmian w FAZ ani w całkowitej gęstości naczyń po operacji. Pooperacyjna ostrość wzroku do dali (DBCVA) korelowała z przedoperacyjnym rozmiarem otworu plamki ($p < 0,01$).

Witrektomia w przypadku FTMH nie zmienia znacząco obszaru FAZ ani gęstości naczyń DCP, ale zmniejsza gęstość naczyń SCP.

Słowa kluczowe: otwór plamki; witrektomia; angiografia OCT; gęstość naczyń missKnockoffs: a methodology for controlled variable selection in omics datasets with missing data

Ocena percepcji wzrokowej cech płciowych i czynników ją determinujących osób z zaburzeniami rozwoju płci

Wiktoria Zagórska¹, Cezary Janicki¹, Maria Szydłowska¹, Antonina Dytfeld¹, Barbara Katulska¹, Aleksandra Motylewicz¹, Aleksandra Chodecka², Zofia Kolesińska³, Izabela Miechowicz⁴

¹Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu, Polska,

²Szpital Kliniczny im. Karola Jonschera, Poznań, Polska

³Klinika Endokrynologii i Reumatologii Dziecięcej, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego, Poznań, Polska

⁴Katedra Informatyki i Statystyki, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu,
<https://ror.org/02zbb2597>, Polska

Rozpoznawanie cech płciowych twarzy jest złożonym procesem percepcyjnym, który odgrywa istotną rolę w codziennym funkcjonowaniu społecznym oraz kształtowaniu pierwszych wrażeń. Celem badania była analiza wzorców percepcji wzrokowej cech płciowych twarzy oraz identyfikacja różnic w sposobie analizy wzrokowej kobiet i mężczyzn podczas swobodnego oglądania, określania płci i oceny atrakcyjności twarzy.

W badaniu początkowo uczestniczyły 24 osoby: 13 kobiet i 11 mężczyzn. Ze względu na znaczne odstępstwa w wynikach jednej z uczestniczek, do analizy włączono dane 23 osób: 12 kobiet i 11 mężczyzn. Badanie przeprowadzono z wykorzystaniem eyetrackera. Uczestnicy wykonywali trzy zadania: swobodne oglądanie zdjęć twarzy, określanie płci osoby przedstawionej na zdjęciu oraz ocenę atrakcyjności twarzy w skali od 1 do 5. Analizie poddano zdjęcia twarzy kobiet i mężczyzn. Każdą twarz podzielono na dwa obszary zainteresowania: część wewnętrzną, obejmującą oczy, nos i usta, oraz część zewnętrzną, obejmującą kontur twarzy i włosy. Oceniano między innymi czas spędzony w danym obszarze, liczbę fiksacji, czas ich trwania, czas do pierwszej fiksacji oraz liczbę powrotów wzroku.

Wyniki wskazały na różnice w strategiach percepcyjnych kobiet i mężczyzn. Podczas swobodnego oglądania kobiety wykazywały więcej zależności związanych z analizą wewnętrzną części twarzy, natomiast u mężczyzn obserwowano bardziej rozbudowany wzorec korelacji obejmujący zarówno wewnętrzne, jak i zewnętrzne obszary twarzy. W zadaniu określania płci twarze żeńskie wymagały większego zaangażowania wzrokowego, szczególnie w zakresie analizy obszarów zewnętrznych. W ocenie atrakcyjności mężczyźni wykazywali bardziej spójną i kompleksową strategię oglądania, niezależną od płci osoby przedstawionej na zdjęciu. Kobiety natomiast stosowały strategię bardziej selektywną i zależną od rodzaju ocenianej twarzy.

Percepcja cech płciowych i atrakcyjności twarzy angażuje zarówno wewnętrzne, jak i zewnętrzne obszary twarzy. Uzyskane wyniki sugerują, że mężczyźni częściej stosują szeroką i kompleksową strategię analizy wzrokowej, podczas gdy u kobiet strategia ta jest bardziej elastyczna i zależna od płci ocenianej osoby oraz rodzaju wykonywanego zadania. Ze względu na eksploracyjny charakter analizy i brak pełnego opracowania statystycznego przedstawione wnioski wymagają potwierdzenia w badaniach przeprowadzonych na większej grupie uczestników.

Słowa kluczowe: percepcja wzrokowa, cechy płciowe, eyetracking, fiksacje, twarz, atrakcyjność, rozpoznawanie płci, różnice międzypłciowe

Ocena Użyteczności Fotopletyzmografii w Analizie Asymetrii Rytmu Serca - Badanie Porównawcze z Wykorzystaniem Bazy Autonomic Aging (PhysioNet)

Rafał Pawłowski, Katarzyna Buszko

Katedra Biostatystyki i Teorii Układów Biomedycznych; Wydział Farmaceutyczny CM UMK, Polska

Asymetria Rytmu Serca (Heart Rate Asymmetry - HRA) to specyficzny obszar analizy Zmienności Rytmu Serca (HRV) określający nierówny udział przyspieszeń i zwolnień akcji serca w jej całkowitej zmienności. HRA może dostarczać unikalnych informacji na temat dynamiki autonomicznego układu nerwowego, jednak jej ocena opiera się aktualnie na analizie wysokiej jakości sygnałów EKG. Wraz ze wzrostem dostępności do dużej ilości danych z fotopletyzmografu (PPG) pojawia się potrzeba walidacji, czy odcinki pulse-to-pulse (PP) wyznaczone z PPG mogą stanowić wiarygodny odpowiednik interwałów RR w złożonej analizie HRV. Celem badania jest potwierdzenie, czy ogólnodostępne metody mogą dostarczać informacji o jakości wystarczającej do odpowiednio dokładnej oceny HRA.

Analizowano dane z bazy Autonomic Aging (PhysioNet), z której wybrano 617 zapisów od zdrowych osób, rejestrowanych za pomocą systemu Task Force Monitor. Zbiór ten obejmuje jednocześnie zapisy dwukanałowego ECG (1000 Hz) oraz ciągłego nieinwazyjnego pomiaru ciśnienia tętniczego - PPG z palca (100 Hz interpolowane do 1000 Hz). Dwa zestawy odcinków RR wyodrębniono z I i II odprowadzenia EKG, natomiast interwały PP uzyskano z sygnału PPG. Analiza koncentrowała się na porównawczej ocenie wskaźników HRA: Guzik Index (GI), Porta Index (PI), Ehlers' Index (EI) oraz Deceleration Input (DI). Dodatkowo porównano standardowe spektralne miary HRV. Wstępna analiza polegała na wykorzystaniu korelacji Pearsona. W celu dokładnego zbadania podobieństw i różnic pomiędzy wynikami HRA uzyskanymi z PPG i EKG w badaniu końcowym zastosowane zostaną wykresy Blanda-Altmana, Liniowe Modele Efektów Mieszanych (LME) oraz Analiza Głównych Składowych (PCA).

Wstępne wyniki wskazują na wysoki stopień zgodności pomiędzy miarami wyznaczanymi z sygnałów PPG i EKG. W szczególności dla miary GI korelacja pomiędzy sygnałami PPG i EKG1 ($R = 0,865$; $p < 0,0001$) przewyższyła korelację pomiędzy dwoma równoległymi odprowadzeniami EKG1 i EKG2 ($R = 0,835$; $p < 0,0001$).

Wstępne wyniki potwierdzają użyteczność PPG w nieliniowej analizie HRV. Odpowiednio rejestrowane sygnały PPG mogą charakteryzować się wystarczającą dobrą precyzją do uchwycenia subtelnej dynamiki rytmu serca, jaką jest HRA.

Słowa kluczowe: Asymetria Rytmu Serca, HRV, fotopletyzmografia, EKG

Zastosowanie transferu entropii do oceny mechanizmów regulacyjnych w układzie sercowo-naczyniowym u osób doznających omdleń wazowagalnych

Katarzyna Buszko

Katedra Biostatystyki i Teorii Układów Biomedycznych, Wydział Farmaceutyczny, Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy, UMK w Toruniu, Polska

Omdlenia wazowagalne (VVS) są wynikiem krótkotrwałej globalnej hipoperfuzji mózgu, jednak ich dokładne mechanizmy patofizjologiczne pozostają przedmiotem badań. Celem analizy jest ocena transferu informacji (TE) między rytmem serca (RRI), ciśnieniem tętniczym (sBP, dBP) a objętością wyrzutową (SV) podczas testu pochyleniowego (HUTT). Retrospektywną analizą objęto 80 pacjentów z omdleniami w wywiadzie. Pacjenci zostali poddani testowi pochyleniowemu z wykorzystaniem systemu Task Force Monitor, w którym rejestrowano sygnały beat-to-beat w czterech fazach: spoczynkowej (I), pionizacji (IIa), po podaniu nitrogliceryny (IIb) oraz przedomdleniowej (III). Do oceny kierunkowego przepływu informacji zastosowano nieliniową metodę entropii transferu (TE).

Wykazano, że transfer informacji dynamicznie zmienia się w zależności od fazy testu. Najistotniejszą zmianę zaobserwowano w fazie przed omdleniowej (faza III), gdzie dominującym driverem okazała się objętość wyrzutowa (SV), kierująca informacje do parametrów ciśnienia i rytmu serca. Zastosowanie entropii transferu pozwoliło na identyfikację zmian w hierarchii sterowania układem krążenia podczas indukowania omdlenia. Kluczowa rola SV w fazie III sugeruje, że pomiar objętości wyrzutowej powinien stać się standardem w diagnostyce VVS, gdyż zmiany w tym parametrze wydają się niezbędnym warunkiem wystąpienia reakcji wazowagalnej.

Słowa kluczowe: transfer entropii, omdlenia wazowagalne, test pochyleniowy

Porównanie różnych metod analitycznych na podstawie oznaczeń substancji toksycznych w badaniach post mortem

Aleksandra Zorychta¹, Małgorzata Głaz², Rafał Skowronek², Marcin Tomsia², Elżbieta Chełmecka¹

¹Zakład Statystyki Medycznej, Wydział Nauk Farmaceutycznych, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, Polska

²Katedra i Zakład Medycyny Sądowej i Toksykologii Sądowo-Lekarskiej, Wydział Nauk Medycznych w Katowicach, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach

Toksykologia sądowo-lekarska do pośmiertnej detekcji substancji psychoaktywnych najczęściej wykorzystuje matryce określone złotym standardem takie jak krew, mocz a gdy są one niedostępne (np. przez wykrwawienie) płyn gałki ocznej, żółć, ślinę, włosy, paznokcie, smółkę i przychłonkę. Chrzóstka żebrowa jest stosunkowo mało poznaną matrycą w badaniach tego typu, a dotychczas nie były przeprowadzane jej analizy pod kątem zawartości substancji psychoaktywnych oraz leków. Wykazanie użyteczności materiałów alternatywnych możliwe jest tylko poprzez porównanie ich z materiałami uznanymi za „złoty standard” w analizach.

Do badania pozyskano 57 zwłok. Metodą chromatografii gazowej z detektorem płomieniowo-jonizacyjnym (GC-FID) dokonano oznaczeń alkoholu etylowego, alkoholu metylowego, acetonu oraz alkoholu izopropylowego we krwi, moczu, chrząstce żebrowej oraz krążku międzykręgowym.

Do porównań oznaczeniach różnych substancji toksycznych wykorzystano analizy precyzji i dokładności metod, miary zgodności metod, analizy krzywych ROC. Celem badań było obliczenie współczynnika skalowania, pozwalającego na uzyskanie porównywalnych wyników. Wykorzystano skalowanie liniowe oraz regresję Passinga-Bablocka a uzyskane wyniki zaprezentowano w postaci wykresów górkowych.

Obliczone współczynniki skalowania przetestowano na wcześniejszych badaniach dotyczących oznaczeń stężenia alkoholu etylowego.

Słowa kluczowe: Alkohol etylowy, alkohol metylowy, trzeźwość, krew, chrząstka żebrowa, krążek międzykręgowy

Źródło finansowania badań: badania statutowe Śląskiego Uniwersytetu Medycznego w Katowicach BNP-1-010/K/4/F

Efektywność dydaktyczna storytellingu (narracyjnych studiów przypadków) i puzzle-based learning (modularyzacji problemowej) w nauczaniu biostatystyki dla pokolenia Alfa .

Justyna Marcinkowska

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

Tradycyjne, oparte na linearnym przekazie treści metody nauczania biostatystyki tracą na efektywności wobec zmieniających się stylów uczenia się studentów pokolenia Alfa. Studenci ci w mniejszym stopniu reagują na wykładowy model transmisyjny, a w większym na uczenie się osadzone w znaczącym kontekście, z jasną progresją działań i wyraźnym sensem problemowym. Zgodnie z teorią uczenia się sytuacyjnego i badaniami nad obciążeniem poznawczym (Sweller, 2011; Lave & Wenger, 1991), narracyjne studia przypadków nadają wiedzy sens i integrują teorię z praktyką, podczas gdy modularne puzzle-based learning sprzyja stopniowemu odkrywaniu zagadnień analitycznych. Integracja agentów sztucznej inteligencji umożliwia bieżące wsparcie i sprzężenie zwrotne, pozwalając studentom koncentrować się na rozumieniu problemu, a nie mechanicznym zapamiętywaniu.

Proponowane podejście polega na restrukturyzacji kursu biostatystyki w spójny scenariusz badawczy, w ramach którego kolejne decyzje analityczne wynikają z rozwoju narracji naukowej. Abstrakcyjne koncepcje teoretyczne (np. testowanie hipotez, modele regresyjne, analiza przeżycia) wprowadzane są zgodnie z zasadą just-in-time jako narzędzia niezbędne do rozwiązania kolejnych modułów problemowych, które napędzają postęp fikcyjnego, lecz realistycznego projektu badawczego. Materiał dydaktyczny podzielony jest na autonomiczne, krótkie sekwencje (ok. 10 minut), łączące mikro-teorię z natychmiastową praktyką analityczną realizowaną poprzez kodowanie np. w języku R.

System dydaktyczny zakłada indywidualizację tempa uczenia się w ramach asynchronicznych bloków pracy własnej, w których studenci przeznaczają zróżnicowany czas na rozwiązywanie zadań analitycznych. Ocenianie ma charakter formatywny i opiera się na ciągłym monitorowaniu progresu studenta w analizie danych oraz podejmowaniu decyzji statystycznych.

Celem prezentacji jest omówienie założeń projektowych proponowanego modelu dydaktycznego oraz sformułowanie hipotez badawczych dotyczących jego potencjalnej efektywności w zakresie zwiększania motywacji wewnętrznej, zaangażowania poznawczego oraz rozwoju praktycznych kompetencji analitycznych i programistycznych studentów. Wystąpienie ma również na celu zainicjowanie dyskusji nad potrzebą systemowej adaptacji dydaktyki biostatystyki do wymogów cyfrowego i narracyjnie zorientowanego pokolenia Alfa.

Słowa kluczowe: dydaktyka biostatystyki, pokolenie Alfa, storytelling dydaktyczny, narracyjne studia przypadków, puzzle-based learning, język R, sztuczna inteligencja w edukacji, innowacje dydaktyczne, ocena formatywna

Wpływ ciśnienia atmosferycznego na przypadki sercowo-naczyniowe. Mit czy Fakt?

Paweł Kotecki

Niezależny Analityk Danych Środowiskowych, Polska

Badania potwierdzają związek między zmianami pogodowymi a podatnością na choroby sercowo-naczyniowe. Obserwuje się ogromny dysonans między wynikami w poszczególnych krajach. W Polsce wciąż trwa dyskusja na temat wpływu ciśnienia atmosferycznego na zdrowie. Celem pracy była ocena jego interakcji z różnymi grupami pacjentów jako przyczynowości ich zgłaszania się do Szpitalnych Oddziałów Ratunkowych (SOR) na terenie Aglomeracji Poznańskiej.

Analizie poddano dane 32 127 pacjentów z pilnym rozpoznaniem chorób sercowo-naczyniowych oraz dobowe dane pogodowe z lat 2010–2019. Stworzono modele regresji wielorakiej uwzględniając siedem przesunięć czasowych tj. od 3 dni przed do 3 dni względem zmiany pogody. Kohortę podzielono na 117 grup krzyżowych według płci, wieku i rozpoznania (ICD-10). Zastosowano dwa bioklimatologiczne podziały bodźcowości (potencjalnego wpływu) czynnika meteorologicznego na zdrowie : I. międzydobowej zmiany ciśnienia atmosferycznego oraz II. amplitudy dobowej ciśnienia atmosferycznego wedle ustandaryzowanych klasyfikacji wartości względem standaryzacji do tzw. „poziomu morza”. Do określenia wpływu czynnika pogodowego na zdrowie zastosowano wartości R2.

Wykazano, że zmiany wartości ciśnienia (amplitudy dobowej oraz międzydobowej zmiany) mają istotny, lecz niewielki wpływ ($p < 0.001$, efekt 0,2–0,6%) na liczbę zgłoszeń. Spośród 819 testów istotnych statystycznie było tylko niecałe 9%, głównie związanych z dobową amplitudą ciśnienia atmosferycznego. Uzyskane wyniki wskazują, że u pacjentów zgłaszających się na SOR przed wystąpieniem incydentu pogodowego częściej obserwowano zależność między dolegliwościami a międzydobową zmianą ciśnienia atmosferycznego, co sugeruje, że bardziej reagują oni na nadchodzące zmiany pogody (nadejście frontu atmosferycznego). Natomiast u osób, które zgłosiły się po wystąpieniu incydentu pogodowego, silniejszą zależność stwierdzono z amplitudą dobową ciśnienia atmosferycznego, co może odzwierciedlać większą wrażliwość na krótkookresowe wahania ciśnienia w obrębie jednej doby. Najmłodsza kategoria wiekowa (19-40 lat) charakteryzowała się większą bodźcowością wśród mężczyzn. Pacjenci z nadciśnieniem tętniczym (I10) wykazali najczęstszą reakcję na zmianę pogody. Efekt był głównie opóźniony tzn. prawie 2/3 wszystkich istotnych zgłoszeń nastąpiły 1–3 dni po zmianie pogody.

Ciśnienie atmosferyczne w ujęciu analiz standardów bioklimatologicznych ma znikomy istotny statystycznie wpływ na choroby sercowo-naczyniowe. Wyniki te mogą wspierać profilaktykę i optymalizację opieki zdrowotnej oraz zwiększać świadomość społeczną oraz wiedzę lekarzy na temat wpływu pogody na zdrowie. Autor pracy poszukuje nadal innych metod zbadania tego problemu.

Słowa kluczowe: choroby sercowo-naczyniowe, ciśnienie atmosferyczne, pogoda, epidemiologia, medycyna środowiskowa.

Wpływ stosowania automatycznych systemów dozowania insuliny CamAPS FX i Minimed 780G na poziom glikemii pacjentów pediatrycznych – retrospektywne badanie obserwacyjne

Piotr Choręza¹, Sebastian Seget², Halla Kamińska², Przemysław Jarosz-Chobot²

¹Zakład Statystyki Medycznej, Wydział Nauk Farmaceutycznych w Sosnowcu, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, Polska

²Klinika Diabetologii Dziecięcej i Medycyny Stylu Życia Katedry Pediatrii, Wydział Nauk Medycznych w Katowicach, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, Polska

Nową erę w leczeniu cukrzycy otworzyły systemy automatycznej podaży insuliny (AID), które łączą w sobie osobistą pompę insulinową, system ciągłego monitorowania glikemii (CGM) oraz algorytm zarządzający podawaniem insuliny w zależności od aktualnego stężenia glukozy. Celem pracy jest ocena klinicznego zastosowania wśród pacjentów pediatrycznych chorujących na cukrzycę typu 1 dwóch pierwszych dostępnych komercyjnie w Polsce systemów AID: CamAPS FX i Minimed 780G

W badaniu, w którym uczestniczyło łącznie 24 dzieci chorujących na cukrzycę typu 1 zastosowano retrospektywny, obserwacyjny model kliniczno-kontrolny. Dwunastu pacjentów stosowało system CamAPS FX, a 12 dzieci – Minimed 780G. Analizie poddano kluczowe parametry opisujące wyrównanie glikemii oraz całkowitą dobową dawkę insuliny w 3 punktach czasowych: przed włączeniem do terapii systemów AID oraz po 2 i 4 tygodniach ich stosowania. W celu oceny zmian zmiennych ilościowych w trzech punktach czasowych z uwzględnieniem stosowanej pompy, wykonano analizę wariancji z powtarzalnymi pomiarami, a w przypadku występowania rozkładów asymetrycznych wykorzystana została ANOVA Friedmana.

Nie stwierdzono istotnych statystycznie różnic między grupami stosującymi system Minimed 780G i CamAPS FX pod względem średnich stężeń glikemii, współczynnika zmienności, wskaźnika zarządzania glikemią oraz dobowego czasu w jakim glikemia zawierała się w zakresach: 250. mg/dl, a także całkowitej dobowej dawki insuliny w przeliczeniu na kg m.c. Jednocześnie w drugim i czwartym tygodniu leczenia opartego o systemy AID dobowy czas, w jakim glikemia pacjentów utrzymywała się w docelowym zakresie terapeutycznym, istotnie zwiększył się.

Wykorzystanie w terapii systemów AID CamAPS FX lub Minimed 780 przyczynia się do poprawy kontrolowania glikemii pacjentów pediatrycznych chorujących na cukrzycę typu 1. Niezależnie od zastosowanego systemu AID, odczyty czujnika poziomu glukozy pozostały porównywalne przez cały okres obserwacji, bez istotnych różnic całkowitej dobowej dawki insuliny.

Pracę zrealizowano w ramach projektu nr BNP-1-010/K/4/F finansowanego przez Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach

Geometria podstawowa jako narzędzie analityczne w lokalizacji idiopatycznej arytmii komorowej na podstawie izochronów uzyskanych w czasie rekonstrukcji trójwymiarowej komór serca.

Seweryn Nowak¹, Elżbieta Chełmecka², Anna Maria Wnuk-Wojnar¹, Katarzyna Mizia-Stec¹

¹Klinika Kardiologii I Katedry Kardiologii, Polska

²Zakład Statystyki Medycznej, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, Polska

Istniejące algorytmy służące określaniu pochodzenia przedwczesnych pobudzeń komorowych (ang. premature ventricular contractions, PVC) są często skomplikowane, ich dokładność uzależniona jest od dodatkowych czynników (miejsce podpięcia elektrod, położenie serca względem ściany klatki piersiowej) i nie uwzględniają danych pozyskiwanych w trakcie zabiegu mapowania. Celem badania było zaproponowanie prostych klasyfikatorów umożliwiających ocenę skuteczności zabiegu w trakcie jego trwania.

Retrospektywnej analizie poddano dane medyczne 74 kolejnych pacjentów, u których w latach 2018 – 2022 wykonano zabieg elektroanatomicznego mapowania 3D z następczą ablacją prądem o częstotliwości radiowej z powodu objawowej ekstrasystolii komorowej. W powyższej grupie wykonano 93 mapy elektroanatomiczne.

Dwutorowa koncepcja badania zakładała porównania najpierw w grupie 74 pacjentów ze skuteczną ablacją, z kolei druga część analiz dotyczy grupy 19 pacjentów, u których mapowano obie komory. W przypadku drugiej grupy, dla każdego pacjenta wykonano niezależną ocenę obszaru najwcześniejszej aktywacji, osobno dla izochronu 10ms i 20ms, co daje liczebność grupy badanej 38 (19+19). Uzyskane u każdego pacjenta mapy prawej i lewej komory analizowano osobno w wariancie dla izochronu 10ms i izochronu 20ms wyznaczając długość i szerokość obszaru mapowanego a następnie przypisując obszarom kształt koła lub elipsy. Dokonano analiz zmiennych jakościowych i ilościowych w zależności od kształtu obszaru mapowanego (koło vs elipsa). Jako klasyfikatory predykcyjne skuteczności zabiegu rozważono stosunek długości do szerokości (D/SZ) oraz pole powierzchni obszaru mapowanego dla obu rozpatrywanych izochronów. W kolejnym kroku dokonano weryfikacji nowo zdefiniowanych klasyfikatorów w grupie ze skuteczną ablacją. Z proponowanych nowych klasyfikatorów geometrycznych najwyższą wartość predykcyjną uzyskano dla ilorazu długości do szerokości obszaru mapowanego dla izochronu 10 ms, następnie 20 ms a następnie pola powierzchni dla izochronu 20 ms. Okrągły kształt najwcześniejszego izochronu pozwalał przewidzieć skuteczność ablacji w danej lokalizacji.

Specjalistyczna analiza mapowania elektroanatomicznego pozwala na śródzabiegową ocenę szans skuteczności ablacji przedwczesnych pobudzeń komorowych. Określenie kształtu obszaru najwcześniejszej aktywacji jako okrąg lub elipsa jest dobrym przybliżeniem warunków badania. Istnieje

zależność pomiędzy przypisaniem kształtu a skutecznością ablacji zarówno w izochronie 10 ms jak i izochronie 20 ms.

Słowa kluczowe: Idiopatyczna arytmia komorowa, mapowanie 3D, ablacja, klasyfikator, ROC

Uczenie ludzi a uczenie maszyn

Barbara Więckowska

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

Współczesna medycyna oparta na danych staje przed fundamentalnym dylematem: jak godzić rosnącą moc predykcyjną algorytmów z wymogiem zrozumienia i zaufania, które są niezbędne w opiece zdrowotnej? U podstaw tego napięcia leży różnica między dwiema filozofiami poznawczymi – statystycznym dążeniem do wyjaśniania mechanizmów a maszynowym optymalizowaniem przewidywań. Punktem wyjścia jest zawsze człowiek i pytanie: zdrowy czy chory? – ale dalsze ścieżki się rozchodzą.

Ścieżka człowieka (statystyka) zaczyna się od eksploracji jednowymiarowej – testy t-Studenta, chi-kwadrat, Mann-Whitney, korelacje Spearmana czy Pearsona, ANOVA – by sprawdzić, które cechy są ważne. Następnie przechodzi do modeli wielowymiarowych: regresja logistyczna, analiza przeżycia Coxa, drzewa klasyfikacyjne – ale takie, które są interpretowalne. Celem jest wyodrębnienie cech działających bezpośrednio i niezależnie, zrozumienie, co jest mediatorem (czynnikiem pośredniczącym, np. palenie → zapalenie → rak płuca) a co moderatorem (czynnikiem zmieniającym siłę związku, np. wiek modyfikuje skuteczność leku). Wyznaczamy punkty odcięcia – wartości, powyżej których mówimy o patologii. Na tej podstawie powstają tablice punktowe, jak w kardiologii, gdzie wiek, cholesterol, ciśnienie i palenie przeliczane są na punkty, a lekarz bez komputera potrafi ocenić ryzyko pacjenta.

Kolejnym krokiem są meta-analizy, które sumują wyniki badań eksploracyjnych z różnych ośrodków, uśredniając wielkości efektów (ilorazy szans, hazardu). To pozwala na stabilną ocenę kliniczną. W badaniach III fazy regulatorzy (Food and Drug Administration/European Medicines Agency) wymagają prostych, przejrzystych, z góry określonych metod – standardem jest „leczenie A vs placebo”. Czarna skrzynka jest tu niedopuszczalna, bo decyzja o leczeniu musi być wyjaśnialna dla pacjenta, zespołu i organów nadzoru. Człowiek potrzebuje prostych zasad, przedziałów ufności i punktów odcięcia – musi ufać wynikowi.

Ścieżka maszyny (ML) działa inaczej – automatycznie wykrywa wzorce, często lepiej niż człowiek, zwłaszcza w obrazach czy danych o ogromnej liczbie wymiarów. Jednak i tu czyhają pułapki. Klasyczny przykład: sieć neuronowa uczona na zdjęciach wilków i psów – wilki niemal zawsze były fotografowane na śniegu, psy w domach i na spacerach. Gdy model dostał zdjęcie psa w śniegu, orzekł, że to wilk. Nauczył się tła, nie cech zwierzęcia. To ilustracja zasady „śmieci na wejściu, śmieci na wyjściu”.

Problem pogłębia się, gdy ML podejmują nowicjusze – osoby o profilu informatycznym, bez wiedzy medycznej i statystycznej. Stosują regresję logistyczną wyłącznie jako narzędzie ML: dzielą dane na zbiory uczący, walidacyjny i testowy, automatyzują dobór zmiennych, nie zastanawiając się nad sensem klinicznym. Nie potrafią odpowiedzieć na pytania o mediację, moderację, punkty odcięcia czy wielkość efektu. Publikują prace, które trafiają do recenzentów podobnie niekompetentnych – pojawiają się

uwagi typu: „gdzie jest zbiór walidacyjny?” w pracy, która celowo testuje hipotezy confirmacyjne. Ta ignorancja prowadzi do powodzi śmieciowej wiedzy w literaturze. Brak kontekstu medycznego bywa groźny – algorytmy mogą przypisać wagę zmiennej zastępczej (np. kod pocztowy, rasa), która koreluje z dostępem do opieki, a nie z biologią choroby, utrwalając nierówności społeczne.

Rozwiązaniem nie jest porzucenie ML, ale wprowadzenie trzech filarów: wyjaśnialności (XAI), walidacji zewnętrznej i nadzoru biostatystyka. Narzędzia takie jak SHAP, LIME czy autorskie U-smile i PIW plot pozwalają zrozumieć, dlaczego model podjął decyzję. To już nie opcja, lecz wymóg regulacyjny – unijny Akt o AI i wytyczne FDA/EMA nakazują przejrzystość i audytowalność systemów wysokiego ryzyka. Biostatystyk musi być strażnikiem jakości – czuwać nad doбором danych, interpretacją i nie pozwolić, by automatyzm zastąpił rozumienie.

Kluczowe pytanie: skąd wiemy, co zbierać? To wiedza zdobyta wcześniej dzięki eksploracji, meta-analizom i konsensusowi klinicznemu – dopiero potem możemy uczyć maszyny. Obie ścieżki są potrzebne i wzajemnie się uzupełniają. Ale pamiętajmy: maszyna nie musi ufać wynikowi, by działać – człowiek musi. Przyszłość medycyny to pomost między dwiema kulturami, po którym bezpiecznie przejdą i ludzie, i algorytmy – pod warunkiem, że nie zgubimy po drodze naukowej rzetelności i ludzkiego zaufania.

Słowa kluczowe: statystyka medyczna, uczenie maszynowe, wyjaśnialność XAI, SHAP, LIME, mediator, moderator, regulacje FDA/EMA, badania kliniczne III fazy, tablice punktowe, czarne skrzynki.

Różnicowanie pacjentów z chorobą afektywną jednobiegunową (ChAJ) i dwubiegunową (ChAD) na podstawie testu OPCRIT

Kacper Grudniewski¹, Natalia Pieprz¹, Katarzyna Dąbrowska¹, Paulina Radecka¹, Jakub Wesołowski¹, Dominika Zwiech¹, Joanna Pawlak³, Izabela Miechowicz²

¹Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu, Polska,

²Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Katedra i Zakład Informatyki i Statystyki,
<https://ror.org/02zbb2597>, Polska

³Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Zakład Genetyki w Psychiatrii, <https://ror.org/02zbb2597>,
Polska

Cel. Częstość występowania choroby afektywnej dwubiegunowej (ChAD) szacuje się na 2% w populacji światowej, natomiast choroby afektywnej jednobiegunowej (ChAJ) na 3,8%. Mimo powszechności tych schorzeń częstość konwersji diagnozy z ChAJ na ChAD wynosi około 6,5%. Celem badania było zidentyfikowanie za pomocą kwestionariusza OPCRIT (The Operational Criteria Diagnostic Checklist) dodatkowych elementów poza kryteriami diagnostycznymi, które umożliwiłyby lepsze różnicowanie obu grup pacjentów.

Materiał i metoda. Przeanalizowano odpowiedzi 587 osób z ChAD oraz 250 osób z ChAJ. Do identyfikacji pytań różnicujących te grupy pacjentów wykorzystano dwa programy statystyczne: PQStat oraz Statistica. Użyto testu Manna-Whitneya, testu niezależności χ^2 (chi-kwadrat) oraz test Fishera-Freemana-Haltona wraz z poprawką Bonferroniego. Przeprowadzono analizę ROC w celu określenia optymalnego punktu odcięcia.

Wyniki. Analizując poszczególne części kwestionariusza OPCRIT, zidentyfikowano jego składowe, które w sposób precyzyjny mogą posłużyć do postawienia diagnozy ChAD. Określono również pytania, które początkowo wydawały się mniej istotne diagnostycznie, jednak analiza statystyczna wykazała istotne różnice w odpowiedziach obu grup pacjentów.

Wnioski. Wykorzystanie kwestionariusza OPCRIT w procesie diagnostycznym pozwala na precyzyjne różnicowanie pacjentów z ChAD i ChAJ. Kwestionariusz OPCRIT może bezpośrednio przyczynić się do zwiększenia częstości trafnych diagnoz ChAD.

Słowa kluczowe: choroba afektywna dwubiegunowa, choroba afektywna jednobiegunowa, OPCRIT, diagnoza

Matematyka w służbie psychiatrii: czyli jak statystyka może wspomóc diagnostykę zaburzeń afektywnych

Izabela Miechowicz¹, Kacper Grudniewski², Natalia Pieprz², Jakub Wesołowski², Joanna Pawlak³, Katarzyna Dąbrowska²

¹ Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Katedra i Zakład Informatyki i Statystyki, <https://ror.org/02zbb2597>, Polska

² Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu, Polska,

³ Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Zakład Genetyki w Psychiatrii, <https://ror.org/02zbb2597>, Polska

Celem badania było opracowanie modelu matematycznego opartego na odpowiedziach z kwestionariusza OPCRIT (Operational Criteria Checklist for Psychotic Disorders), który pozwoliłby na skuteczniejsze różnicowanie zaburzeń afektywnych jednobiegunowych i dwubiegunowych. Dodatkowo celem było również zmniejszenie liczby błędnych diagnoz w sytuacjach klinicznie niejasnych. W modelu określono prawdopodobieństwo występowania zaburzeń afektywnych dwubiegunowych u badanych pacjentów na podstawie objawów, które nie są typowe dla manii lub hipomanii.

W badaniu brało udział 585 pacjentów z chorobą afektywną dwubiegunową i 225 pacjentów z chorobą afektywną jednobiegunową. Wszystkie osoby zostały przebadane za pomocą kwestionariusza OPCRIT. Pacjenci zostali podzieleni na zbiór uczący i testowy w proporcji 80:20, z wykorzystaniem generatora liczb losowych. Zbudowano model matematyczny (model regresji logistycznej) oparty na 8 pytaniach kwestionariusza OPCRIT na zbiorze uczącym. Następnie, metodą U-smile, sprawdzono, czy zbudowany model klasyfikuje pacjentów lepiej niż model pusty, w którym każdemu pacjentowi przypisuje się takie samo prawdopodobieństwo, jak prawdopodobieństwo wystąpienia choroby dwubiegunowej w kohorcie. Następnie sprawdzono jaka będzie klasyfikacja po zastosowaniu tego modelu na zbiorze uczącym. W tym celu obliczono czułość, swoistość, WP(+), WP(-) wraz z 95% przedziałami ufności. Ponownie zastosowano metodę U-smile, w celu sprawdzenia czy zbudowany model klasyfikuje pacjentów lepiej niż model pusty.

Model regresji logistycznej na zbiorze uczącym wykazał czułość diagnostyczną na poziomie 93,33% i swoistość 40,78%. Analiza walidacyjna na zbiorze testowym potwierdziła wysoką skuteczność modelu w identyfikacji pacjentów z chorobą dwubiegunową. Metoda U-smile potwierdziła również lepszą jakość klasyfikacji zarówno dla pacjentów z chorobą jedno- jak i dwubiegunową, zarówno w zbiorze uczącym, jak i testowym.

Wyniki wskazują, że model może być użytecznym narzędziem pomocniczym w diagnostyce zaburzeń afektywnych, szczególnie u pacjentów z niejasnym wywiadem. Jego zastosowanie jest mało czasochłonne i dostarcza informacji na temat prawdopodobieństwa choroby dwubiegunowej u badanego pacjenta.

Słowa kluczowe: choroba afektywna jednobiegunowa, choroba afektywna dwubiegunowa, OPCRIT, model regresji logistycznej, metoda U-smile

Real-World Evidence: siła danych i statystyki w podejmowaniu decyzji klinicznych

Przemysław Magielski, Piotr Pecko, Kamil Pytlak, Małgorzata Kamińska

Scienta, Polska

Przebieg leczenia w codziennej praktyce klinicznej jest bardziej zróżnicowany niż warunki, w których najczęściej ocenia się skuteczność interwencji w badaniach randomizowanych. Pacjenci różnią się chorobami współistniejącymi, wcześniejszym leczeniem, przestrzeganiem zaleceń i dostępem do świadczeń. Terapie są modyfikowane, przerywane lub stosowane sekwencyjnie, a ich efekty ujawniają się w toku wieloletniej obserwacji. Dane gromadzone podczas udzielania świadczeń pozwalają badać tę zmienność i uzupełniać wiedzę o skuteczności oraz bezpieczeństwie leczenia poza warunkami badania klinicznego.

Dane z rzeczywistej praktyki klinicznej (real-world data, RWD) odzwierciedlają jednak jednocześnie stan zdrowia pacjentów, decyzje personelu medycznego i sposób funkcjonowania systemu opieki. Ich wykorzystanie do generowania dowodów naukowych (real-world evidence, RWE) wymaga uwzględnienia wszystkich tych uwarunkowań. Szczególnego znaczenia nabiera pytanie, w jakim stopniu obserwowane różnice wyników leczenia można przypisać terapii, a w jakim wynikają one z kwalifikowania pacjentów do określonego postępowania, dostępności diagnostyki lub sposobu prowadzenia dokumentacji.

Celem wystąpienia było przedstawienie metodologicznych i technologicznych warunków prowadzenia badań RWE, osadzonych w rozwijającym się europejskim środowisku danych zdrowotnych. Omówiono rolę biostatystyki w projektowaniu wiarygodnych porównań oraz zastosowanie narzędzi IT i sztucznej inteligencji w przygotowaniu dokumentacji medycznej do analiz. Rozważania odniesiono do projektu retrospektywnej analizy ścieżek terapeutycznych, którego zakres obejmował przetwarzanie danych około 1000 pacjentów.

Opracowanie ma charakter przeglądowo-metodologiczny, uzupełniony studium przypadku. Zakres wystąpienia obejmował źródła RWD, europejską infrastrukturę badań obserwacyjnych, zasady projektowania analiz oraz organizację przetwarzania danych szpitalnych. Uwzględniono elektroniczną dokumentację medyczną, rejestry chorób, bazy świadczeń i refundacji, wyniki badań diagnostycznych, dane zgłaszane przez pacjentów oraz pomiary z urządzeń cyfrowych.

Przydatność poszczególnych źródeł rozpatrywano względem pytania badawczego. Ocenie podlegały możliwość identyfikacji właściwej populacji, dostępność informacji o ekspozycji i punktach końcowych, pomiar zmiennych zakłócających oraz ciągłość obserwacji. Uwzględniono rozróżnienie między brakiem zdarzenia a brakiem jego udokumentowania, istotne zwłaszcza w przypadku danych pochodzących z pojedynczego ośrodka lub fragmentu systemu opieki. Analizowano główne źródła błędów systematycznego w badaniach obserwacyjnych, w tym confounding by indication, selection bias, misclassification oraz immortal time bias, a także znaczenie mechanizmu powstawania braków danych.

Podejście target trial emulation wykorzystano jako ramę do projektowania porównań przyczynowych na podstawie RWD, ze szczególnym uwzględnieniem spójnego zdefiniowania kryteriów kwalifikacji, strategii leczenia i początku obserwacji. Omówiono metody propensity score, w tym matching i weighting, ocenę balansu i wspólnego obszaru propensity score oraz ich ograniczenie do kontroli zmierzonych czynników zakłócających. Analizy wrażliwości przedstawiono jako narzędzie oceny

odporności wyników na alternatywne definicje kohort, ekspozycji, punktów końcowych, okien czasowych i sposobów postępowania z brakującymi danymi.

Europejskie środowisko RWE przedstawiono na przykładzie EHDEN (European Health Data and Evidence Network), DARWIN EU (Data Analysis and Real World Interrogation Network) oraz Europejskiej Przestrzeni Danych dotyczących Zdrowia (European Health Data Space, EHDS). Inicjatywy te odnoszą się do różnych aspektów wykorzystania danych: przygotowania źródeł i współpracy badawczej, dostarczania dowodów na potrzeby regulacyjne oraz zasad dostępu i wtórnego wykorzystania informacji zdrowotnych.

W odniesieniu do EHDEN omówiono standaryzację do modelu OMOP CDM (Observational Medical Outcomes Partnership Common Data Model), która umożliwia stosowanie wspólnych definicji i procedur analitycznych w wielu bazach. Uwzględniono model federacyjny, w którym analizy wykonywane są lokalnie, przy zachowaniu danych jednostkowych u ich dysponentów. Takie podejście pozwala rozwijać badania wieloośrodkowe bez konieczności tworzenia jednej centralnej bazy dokumentacji pacjentów.

DARWIN EU przedstawiono jako sieć dostarczającą dowodów dotyczących chorób, populacji i stosowania produktów leczniczych na potrzeby europejskiego systemu regulacyjnego. Jej działalność ilustruje wykorzystanie rozproszonych źródeł RWD do realizacji badań odpowiadających na określone pytania o bezpieczeństwo i efekty leczenia.

EHDS omówiono jako ramy prawne i organizacyjne wtórnego wykorzystania danych zdrowotnych, pozostające w fazie stopniowego wdrażania. Rozporządzenie weszło w życie w marcu 2025 r.; stosowanie zasad dotyczących wtórnego wykorzystania danych przewidziano zasadniczo od 2029 r., a dla części kategorii od 2031 r. Znaczenie EHDS dla badań RWE wiąże się z ustanowieniem zasad dostępu do danych, ich przetwarzania w bezpiecznych środowiskach oraz wykorzystania do celów naukowych i regulacyjnych.

Polski ekosystem źródeł danych i rola Regionalnych Centrów Medycyny Cyfrowej

Polski krajobraz danych medycznych przedstawiono na podstawie raportu „Mapa źródeł danych medycznych w Polsce”, przygotowanego przez Fundację AI One Health przy partnerstwie Naukowej Fundacji Polpharmy. Raport porządkuje źródła pierwotne i wtórne oraz wskazuje, że zasoby istotne dla badań RWE obejmują dokumentację medyczną pacjentów, dane z badań klinicznych i obserwacji, systemy telemedyczne, rejestry medyczne, statystyki publiczne, systemy informacji zdrowotnej, dane omiczne, obrazowe i generowane przez pacjentów. W polskich warunkach szczególne znaczenie mają systemy szpitalne HIS, RIS/PACS i LIS, Platforma P1, Platforma P2, dane Narodowego Funduszu Zdrowia oraz rejestry rodzinowe.

Mapa źródeł danych pokazuje jednocześnie, że dostępność dużych wolumenów informacji nie oznacza automatycznie ich gotowości do analiz. Dane pozostają rozproszone między placówkami i systemami, różnią się kompletnością, strukturą i znaczeniem semantycznym, a ich wtórne wykorzystanie ograniczają niespójność metadanych, lokalne praktyki dokumentacyjne oraz niedostateczna interoperacyjność. Z perspektywy projektowania badań RWE oznacza to konieczność poprzedzenia analizy inwentaryzacją źródeł, oceną pochodzenia i jakości danych, weryfikacją możliwości odtworzenia ekspozycji, punktów końcowych i czasu obserwacji oraz określeniem zasad legalnego, bezpiecznego dostępu.

Regionalne Centra Medycyny Cyfrowej (RCMC), rozwijane z inicjatywy Agencji Badań Medycznych przy największych uczelniach i szpitalach klinicznych, mogą pełnić rolę infrastruktury pośredniczącej między lokalnym środowiskiem klinicznym a krajowym i europejskim ekosystemem wtórnego wykorzystania danych. W raporcie wskazano sieć dziesiętnastu centrów oraz ich rolę w integracji i analizie danych klinicznych, obrazowych i omicznych, w tym zasobów powiązanych z biobankami. Centra mogą wspierać przygotowywanie cyfrowych zbiorów danych, kontrolę jakości, standaryzację i rozwój bezpiecznych modeli analitycznych, zachowując wiedzę o lokalnym kontekście powstawania informacji.

Dla rozwoju RWE w Polsce kluczowe jest powiązanie funkcji RCMC z Centrami Wsparcia Badań Klinicznych, szpitalnymi repozytoriami elektronicznej dokumentacji medycznej, rejestrami oraz przyszłymi mechanizmami EHDS. Docelowy model powinien opierać się na wspólnych definicjach klinicznych, interoperacyjności technicznej i semantycznej, udokumentowanym pochodzeniu danych, pseudonimizacji, kontroli dostępu i audytowalności przetwarzania. Tak zorganizowane środowisko może zwiększyć wykonalność badań wielośrodkowych i federacyjnych, bez założenia, że identyczna struktura danych usuwa różnice w sposobie obserwowania pacjentów między ośrodkami.

Źródło uzupełniające: „Mapa źródeł danych medycznych w Polsce”, Fundacja AI One Health, partner raportu: Naukowa Fundacja Polpharmy, Warszawa 2026.

Część metodologiczną poświęcono definiowaniu kohort, porównywanych strategii leczenia, punktów końcowych i początku obserwacji. Omówiono zakłócenie związane ze wskazaniem do leczenia, błędy selekcji i klasyfikacji oraz immortal time bias, wynikający z niewłaściwego przypisania czasu obserwacji do ekspozycji. Przedstawiono również znaczenie mechanizmu powstawania braków danych dla doboru metod analizy.

Podjęcie target trial emulation wykorzystano do uporządkowania zasad projektowania porównań na podstawie danych obserwacyjnych. Punktem wyjścia było określenie hipotetycznego badania randomizowanego: kryteriów kwalifikacji, strategii leczenia, momentu rozpoczęcia obserwacji, punktu końcowego i efektu podlegającego oszacowaniu. Następnie rozpatrywano możliwość odtworzenia tych elementów w dostępnych danych. Omówiono dopasowanie i ważenie obserwacji z wykorzystaniem propensity score oraz analizy wrażliwości dotyczące definicji zmiennych, okien czasowych i postępowania z brakującymi danymi.

Studium przypadku obejmowało przygotowanie danych szpitalnych do retrospektywnej analizy ścieżek terapeutycznych. Prace prowadzono od audytu źródeł i oceny jakości dokumentacji, przez zapewnienie bezpiecznego dostępu i anonimizacji, po integrację, normalizację i strukturyzację zapisów. Wykorzystano narzędzia AI wspomagające wydobywanie informacji z dokumentacji tekstowej, z weryfikacją kliniczną. Na potrzeby dalszych analiz i raportowania opracowano dedykowane środowisko EDA.txt.

Przedstawione przykłady wskazywały, że interpretacja wyników RWE zależy w istotnym stopniu od operacyjnych definicji zastosowanych w badaniu. Kohorta wyodrębniona na podstawie pojedynczego kodu rozpoznania może obejmować inną populację niż kohorta wymagająca potwierdzenia choroby w kolejnych zapisach, wynikach diagnostycznych lub historii leczenia. Zwiększenie swoistości definicji może jednocześnie prowadzić do selekcji pacjentów ciężiej chorych lub dokładniej diagnozowanych. W konsekwencji zmiana algorytmu identyfikacji pacjentów wpływa nie tylko na liczebność próby, lecz także na częstość zdarzeń i zakres uogólniania wyników.

Podobne znaczenie ma uporządkowanie czasu. Kwalifikacja do kohorty, przypisanie strategii leczenia i rozpoczęcie obserwacji muszą pozostawać ze sobą metodologicznie spójne. Przypisanie do grupy leczonej okresu poprzedzającego rozpoczęcie terapii może prowadzić do pozornej korzyści związanej z leczeniem. Zastosowanie bardziej złożonego modelu statystycznego nie usuwa automatycznie błędów powstałego przy definiowaniu porównania. Duża liczebność zbioru nie kompensowała błędów wynikających z definicji projektu badania: zwiększała precyzję oszacowań, lecz nie eliminowała błędów systematycznego. Z tego względu wiarygodność wyników oceniano przede wszystkim przez spójność projektu, diagnostykę porównywalności grup oraz odporność oszacowań na uzasadnione zmiany założeń analitycznych.

Metody oparte na propensity score przedstawiono jako sposób poprawy porównywalności grup pod względem zmierzonych cech poprzedzających leczenie. Ich przydatność zależy od dostępności informacji o czynnikach wpływających na wybór terapii i rokowanie. Dopasowanie pacjentów może ponadto zmienić populację, do której odnoszą się wnioski. Analizy wrażliwości pozwalają ocenić, czy oszacowania pozostają stabilne przy uzasadnionych zmianach definicji i założeń, oraz wskazać elementy projektu szczególnie istotne dla interpretacji.

W projekcie szpitalnym główną barierą okazała się postać dostępnej informacji. Dane potrzebne do odtworzenia przebiegu leczenia były rozproszone między częściami dokumentacji, a znaczna część treści klinicznej występowała w opisach tekstowych. Przygotowanie zbioru badawczego wymagało powiązania zapisów, ujednolicenia terminologii i zachowania relacji czasowych między zdarzeniami. Sam eksport danych z systemu szpitalnego nie zapewniał ich gotowości do analizy.

Narzędzia IT umożliwiły integrację źródeł i uporządkowanie procesu przetwarzania. Zastosowanie AI wspomogło wydobywanie informacji z tekstu i przekształcanie ich w strukturę przydatną do dalszej pracy. Weryfikacja kliniczna służyła ocenie, czy utworzone zmienne zachowują znaczenie zapisów źródłowych. Jest to szczególnie istotne w dokumentacji, w której podobne sformułowania mogą opisywać rozpoznanie potwierdzone, podejrzenie choroby, zdarzenie historyczne lub planowane postępowanie.

Opracowane środowisko EDA.txt umożliwiło analizę ścieżek terapeutycznych oraz powtarzalne raportowanie z możliwością aktualizacji po uzupełnieniu danych źródłowych. Rezultatem wdrożenia było przygotowanie uporządkowanych zasobów i procedur przetwarzania możliwych do wykorzystania w kolejnych analizach. Przedstawione rezultaty dotyczą wykonalności i organizacji procesu analitycznego; nie stanowią ilościowej oceny skuteczności klinicznej terapii ani walidacji trafności narzędzi AI.

Doświadczenia projektu odniesiono do perspektywy współpracy wieloośrodkowej. Standaryzacja danych ułatwia przenoszenie definicji kohort i kodu analitycznego między ośrodkami, lecz wymaga zachowania wiedzy o lokalnym pochodzeniu informacji. Identyczna struktura bazy nie oznacza identycznego sposobu obserwowania pacjentów. Różnice w dostępie do diagnostyki, częstości wizyt i kompletności dokumentacji mogą ujawniać się jako różnice wyników, dlatego powinny być uwzględniane w planowaniu i interpretacji badań federacyjnych.

W kontekście polskim wskazano potencjał współpracy szpitali, Regionalnych Centrów Medycyny Cyfrowej i Centrów Wsparcia Badań Klinicznych. Rozwój takich badań wymaga przygotowania danych do ponownego wykorzystania, uzgodnienia definicji klinicznych, zasad kontroli jakości i odpowiedzialności za poszczególne etapy przetwarzania. Europejskie inicjatywy dostarczają wzorców organizacyjnych i technicznych, które mogą stanowić punkt odniesienia dla tej współpracy.

RWD umożliwiają ocenę przebiegu leczenia w warunkach rzeczywistej praktyki klinicznej, jednak ich wykorzystanie do generowania wiarygodnego RWE wymaga odpowiedniego projektu badania. Kluczowe znaczenie mają ocena przydatności danych do pytania badawczego, zrozumienie mechanizmu ich powstawania, operacyjne definicje populacji, ekspozycji i punktów końcowych oraz prawidłowe ustalenie początku obserwacji. Metody statystyczne mogą ograniczać wpływ mierzalnych źródeł zakłócenia, lecz nie kompensują brakujących informacji ani błędów powstałych na etapie projektowania badania. Narzędzia IT i AI poszerzają zakres dokumentacji możliwej do wykorzystania w badaniach. Ich znaczenie jest szczególnie duże w analizach wymagających opracowania licznych zapisów tekstowych i powiązania zdarzeń w czasie. Połączenie automatyzacji z weryfikacją kliniczną pozwala przygotować zasób badawczy, który może być aktualizowany i wykorzystywany do kolejnych pytań, zamiast każdorazowo odtwarzać proces ręcznej ekstrakcji.

Rozwój europejskiego środowiska RWE sprzyja prowadzeniu analiz w wielu ośrodkach i systemach opieki. Wykorzystanie tego potencjału wymaga zarówno wspólnych standardów, jak i znajomości różnic między źródłami. Wiarygodne badanie RWE powstaje dzięki współpracy klinicystów, biostatystyków, specjalistów zarządzania danymi i zespołów IT już na etapie oceny wykonalności. Dopiero takie przygotowanie pozwala przejść od opisu udokumentowanej opieki do wniosków, które mogą być użyteczne przy podejmowaniu decyzji o leczeniu.

Słowa kluczowe: Real-World Data; Real-World Evidence; biostatystyka; sztuczna inteligencja; elektroniczna dokumentacja medyczna; ścieżki terapeutyczne; target trial emulation; OMOP CDM; DARWIN EU; badania federacyjne. Regionalne Centra Medycyny Cyfrowej (RCMC); źródła danych medycznych w Polsce; interoperacyjność danych.

AI w poszukiwaniu związków biologicznie aktywnych

Beata Kizior ^{1,2}, Katarzyna Buszko¹

¹Collegium Medicum Uniwersytetu Mikołaja Kopernika, Katedra Biostatystyki i Teorii Układów Biomedycznych, ul. Jagiellońska 15, 85-067 Bydgoszcz, Polska

²Politechnika Wrocławska, Katedra Chemii Analitycznej i Metalurgii Chemicznej, ul. Smoluchowskiego 23, 50-372 Wrocław, Polska

W ostatnich latach zastosowanie metod uczenia maszynowego stało się kluczowym etapem, umożliwiającym istotne przyspieszenie procesów oraz organicznie kosztów związanych z poszukiwaniem nowych związków biologicznie aktywnych mających potencjalne zastosowanie jako leki. W trakcie prezentacji przedstawione zostanie zastosowanie metod uczenia maszynowego w poszukiwaniu ilościowych zależności pomiędzy strukturą chemiczną związków a ich właściwościami fizykochemicznymi oraz pomiędzy strukturą a aktywnością biologiczną. Badania przeprowadzone zostały dla pochodnych benzenu. Obliczenia wykonano w programach Matlab oraz Statistica.

Uzyskane wyniki przeprowadzonych badań potwierdziły zasadność wykorzystania metod uczenia maszynowego w procesie projektowania nowych leków, wskazując na ich potencjał w zakresie efektywnej identyfikacji nowych związków oraz redukcji czasu i kosztów badań.

Ocena śmiertelności pacjentów z chorobami sercowo-naczyniowymi i COVID-19 — przegląd systematyczny literatury i metaanaliza

Małgorzata Jarończyk¹, Jarosław Walory²

¹Pediatryczne Regionalne Centrum Medycyny Cyfrowej, Instytut „Pomnik-Centrum Zdrowia Dziecka”, Warszawa, Polska

²Zakład Biologii Medycznej, Centrum Medycyny Cyfrowej – Biobank, Narodowy Instytut Kardiologii im. Kardynała Stefana Wyszyńskiego, Warszawa, Polska

Pandemia COVID-19 wywarła głęboki negatywny wpływ na stan zdrowia na świecie, zwłaszcza wśród pacjentów z chorobami sercowo-naczyniowymi a występowanie dodatkowych schorzeń, takich jak cukrzyca i nadciśnienie tętnicze, przewlekła choroba nerek, mogły mieć znaczący wpływ na wskaźniki przeżycia.

Celem niniejszego badania było określenie stopnia śmiertelności pacjentów z chorobami sercowo-naczyniowymi zakażonych SARS-CoV-2 oraz wpływu innych chorób współistniejących na śmiertelność pacjentów z COVID-19.

Przegląd systematyczny przeprowadzono z wykorzystaniem baz danych PubMed, Google i Google Scholar od sierpnia 2020 r. do czerwca 2025 r. Kryteria włączenia obejmowały zakażonych SARS-CoV-2 pacjentów z chorobami układu krążenia i towarzyszącymi chorobami współistniejącymi w czasie pandemii COVID-19. Kryteria wykluczenia objęły artykuły przeglądowe, komentarze, artykuły redakcyjne i badania na zwierzętach. W przeprowadzonej metaanalizie wykorzystano model efektów losowych oszacowany przy użyciu statystyki Bayesa w celu obliczenia skumulowanych ilorazów szans (OR, odds ratio) i przedziałów ufności (CI, confidence interval) z użyciem programu STATA w wersji 18.5. Zbadano heterogeniczność między badaniami i przeprowadzono test Eggera do oceny błędu publikacji.

Zaobserwowano wyższe wskaźniki śmiertelności (OR 3.00, 95% CI 2.06–4.38) u pacjentów z chorobami sercowo-naczyniowymi. W grupie pacjentów z chorobami współistniejącymi, takimi jak nadciśnienie tętnicze ryzyko zgonu wynosiło (OR 1.94, 95% CI 1.50–2.52) a w przypadku pacjentów z cukrzycą (OR 2.17, 95% CI 1.64–2.86).

Śmiertelność w grupie pacjentów z przewlekłą chorobą nerek była wyższa niż w grupie pacjentów z nadciśnieniem lub cukrzycą (OR 3.91, 95% CI 2.50–6.10). Ryzyko zgonu było trzykrotnie wyższe u pacjentów z COVID-19 i chorobami sercowo-naczyniowymi. Wysokie ryzyko śmiertelności wiązało się również z cukrzycą i nadciśnieniem, ale u pacjentów z przewlekłą chorobą nerek wzrastało nawet czterokrotnie.

Słowa kluczowe: choroby sercowo-naczyniowe, przewlekła choroba nerek, COVID-19, cukrzyca, nadciśnienie, śmiertelność.

Prezentacja wyników badań została sfinansowana ze środków projektów:

- „Pediatriczne Regionalne Centrum Medycyny Cyfrowej” (akronim: PeRCMC)”, nr projektu: 2023/ABM/02/00015-00,
- „Utworzenie Regionalnego Centrum Medycyny Cyfrowej Narodowym Instytucie Kardiologii”, nr projektu: 2023/ABM/02/00013.

Czy odpowiedzi wygenerowane przez AI są bardziej zrozumiałe i przydatne niż odpowiedzi specjalisty? Zastosowanie mieszanego modelu regresji logistycznej w analizie preferencji respondentów

Grażyna Greczka

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

W badaniach ankietowych, w których każdy respondent ocenia wiele pytań, obserwacje nie są niezależne. Odpowiedzi udzielane przez tę samą osobę mogą być ze sobą skorelowane, podobnie jak wyniki uzyskiwane dla tego samego pytania. W takich sytuacjach klasyczna regresja logistyczna może prowadzić do błędnego oszacowania niepewności parametrów. Dlatego w analizie preferencji odpowiedzi wygenerowanych przez AI zastosowano model mieszany regresji logistycznej, uwzględniający zarówno cechy respondentów, jak i strukturę powtarzanych pomiarów.

Celem badania była ocena, czy osoby bez wykształcenia medycznego częściej wybierają odpowiedzi wygenerowane przez AI jako bardziej zrozumiałe i przydatne niż odpowiedzi przygotowane przez specjalistę oraz czy wybór ten zależy od kolejności prezentacji odpowiedzi, wieku, płci i występowania RRP (recurrent respiratory papillomatosis) u respondenta.

W badaniu uczestniczyło 56 osób bez wykształcenia medycznego. Każdy respondent oceniał 28 pytań dotyczących brodawczakowatości dróg oddechowych, wybierając odpowiedź bardziej zrozumiałą i przydatną spośród dwóch wariantów: odpowiedzi wygenerowanej przez AI oraz odpowiedzi specjalisty. Łącznie analizie poddano 1567 obserwacji.

Zmienną zależną był wybór odpowiedzi AI. Zastosowano model mieszany regresji logistycznej, w którym uwzględniono efekty stałe: kolejność prezentacji odpowiedzi, występowanie RRP, wiek, płeć oraz interakcję między kolejnością prezentacji odpowiedzi a występowaniem RRP. W modelu uwzględniono również dwa losowe efekty: dla respondenta oraz dla pytania, co pozwoliło kontrolować zależność odpowiedzi pochodzących od tej samej osoby oraz różnice pomiędzy pytaniami. Zastosowany model miał postać:

$$\text{chose_AI} \sim \text{AI_first} \times \text{RRP} + \text{wiek} + \text{płeć} + (1 \mid \text{respondent}) + (1 \mid \text{pytanie})$$

Estymację parametrów przeprowadzono metodą największej wiarygodności z aproksymacją Laplace'a.

Odpowiedzi AI były wybierane w 51,8% przypadków, odpowiedzi specjalisty w 44,5%, natomiast w 3,7% przypadków obie odpowiedzi oceniono jako równoważne. Model mieszany regresji logistycznej nie wykazał istotnego statystycznie wpływu kolejności prezentacji odpowiedzi na wybór AI. Iloraz szans dla prezentacji odpowiedzi AI jako pierwszej wynosił $OR = 1,20$; 95% CI: 0,87–1,65; $p = 0,272$.

Nie stwierdzono również istotnego wpływu wieku ani płci respondentów. Występowanie RRP wiązało się z wyższą szansą wyboru odpowiedzi AI, jednak efekt ten miał charakter graniczny i nie osiągnął klasycznego poziomu istotności statystycznej: $OR = 1,51$; 95% CI: 0,99–2,31; $p = 0,058$. Interakcja

między kolejnością prezentacji odpowiedzi a występowaniem RRP nie była istotna statystycznie, co wskazuje, że osoby z RRP nie były bardziej podatne na efekt kolejności prezentacji odpowiedzi niż osoby zdrowe.

Zastosowanie mieszanego modelu regresji logistycznej umożliwiło prawidłowe uwzględnienie hierarchicznej struktury danych, wynikającej z wielokrotnych ocen wykonywanych przez tych samych respondentów oraz z różnic pomiędzy pytaniami. Wyniki wskazują, że odpowiedzi generowane przez AI były często wybierane jako bardziej zrozumiałe i przydatne, jednak preferencja ta nie zależała istotnie od kolejności prezentacji odpowiedzi ani od podstawowych cech demograficznych respondentów. Zaobserwowano jedynie graniczną tendencję do częstszego wyboru odpowiedzi AI przez osoby chorujące na RRP.

Słowa kluczowe: mieszany model regresji logistycznej, GLMM, efekt losowy, analiza preferencji, sztuczna inteligencja, dane ankietowe, RRP.

Hipotezy, cele i planowana analiza statystyczna w projekcie „Wielochorobowość zespołu metabolicznego: podłużne badanie kohortowe TWIN.PL

Przemysław Guzik¹, Barbara Więckowska², Piotr Eder³.

¹Katedra i Klinika Intensywnej Terapii Kardiologicznej i Chorób Wewnętrznych (ITKC) Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu, Polska

²Katedra i Zakład Informatyki i Statystyki, Uniwersytet Medyczny im Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Polska,

³Katedra i Klinika Gastroenterologii, Dietetyki i Chorób Wewnętrznych (GDCW), Uniwersytet Medyczny im. K. Marcinkowskiego w Poznaniu, Polska

Zespół metaboliczny (MS) jest klastrem wzajemnie powiązanych zaburzeń kardiometabolicznych. MS diagnozuje się przy współwystępowaniu co najmniej 3 z 5 kryteriów: otyłości brzusznej, podwyższonego ciśnienia tętniczego, zaburzeń gospodarki glukozy (stan przedcukrzycowy/cukrzyca), hipertriglicydemii i obniżonego stężenia cholesterolu HDL. Z perspektywy epidemiologicznej MS jest wiodącym czynnikiem ryzyka globalnej śmiertelności. Przyspiesza rozwój schorzeń sercowo-naczyniowych (zawał, udar), stłuszczeniowej choroby wątroby powiązanej z dysfunkcją metaboliczną (MASLD – prowadzącej do zwłóknienia, marskości i raka wątroby) oraz nowotworów złośliwych zależnych od insuliny. Stanowi kliniczne kontinuum wielochorobowości.

TWINS.PL to 5-letnie, prospektywne podłużne badanie kohortowe obejmujące 1200 uczestników (bliźniąt w wieku 15–44 lata) realizowane ze środków Agencji Badań Medycznych w Warszawie. Głównym celem badania jest modelowanie częstości występowania de novo i trajektorii progresji stłuszczenia lub zwłóknienia wątroby (MASLD), a także identyfikacja wieloczynnikowych predyktorów rozwoju powikłań i wielochorobowości MS w polskiej populacji.

Zastosowanie kohorty bliźniąt stanowi unikalny układ eksperymentalny pozwalający na separację komponentu genetycznego i środowiskowego:

1. Klasyczny model bliźniaczy: Porównanie korelacji cech u par monozygotycznych (MZ, 100% wspólnego DNA) i dizygotycznych (DZ, ok. 50% wspólnych genów), wychowanych w tym samym wczesnym środowisku, pozwala oszacować odziedziczalność.
2. Pary MZ niezgodne fenotypowo (discordant twin design): Bliźnięta jednojajowe o odmiennym fenotypie MS stanowią idealną parę „przypadek-kontrola”. Dzięki pełnej tożsamości genomowej eliminuje się zakłócenie genetyczne (genetic confounding), co pozwala na bezpośrednie wykrycie przyczynowego wpływu unikalnego środowiska, stylu życia, epigenetyki (metylacja DNA, miRNA) oraz mikrobiomu jelitowego.

Projekt wyróżnia się wielopoziomowym podejściem statystycznym dedykowanym danym o wysokiej złożoności:

- Modele biometryczne ACE i równania strukturalne (SEM): Dekompozycja całkowitej wariancji fenotypowej na składową addytywną genetyczną (A), środowisko wspólne (C) i środowisko unikalne/błąd pomiaru (E). SEM pozwala testować hipotezy o ścieżkach przyczynowych oraz zmiennych latentnych.
- Hierarchiczne uogólnione modele liniowe mieszane (GLMM) i GEE: Uwzględnienie wielopoziomowej korelacji – grupowania obserwacji w parach bliźniąt oraz zależności seryjnych w danych podłużnych (fale obserwacji W0–W6).
- Modele łączne (Joint Models): Jednoczesne modelowanie trajektorii procesów ciągłych mierzonych w czasie (profil metaboliczny, ciągły monitoring glikemii CGM, zmienność rytmu serca HRV) oraz czasu do wystąpienia zdarzeń klinicznych (modele Coxa dla punktów końcowych).
- Skierowane grafy acykliczne (DAGs) oraz analiza mediacji i moderacji: identyfikacja rzeczywistych łańcuchów przyczynowo-skutkowych i biomarkerów pośredniczących w rozwoju wielochorobowości, bez popadania w błąd kolizji.
- Analiza korespondencji z mapami percepcyjnymi: Wielowymiarowa analiza przestrzenna wzorców współwystępowania chorób przewlekłych.
- Integracja multiomiczna i autorska metoda U-smile: fuzja danych wielowymiarowych (WGS, transkryptom, metylom, metagenom WMS) przy użyciu algorytmów uczenia maszynowego (m.in. sieci CNN do detekcji cech MASLD z RTG) oraz weryfikacja predykcyjnej efektywności autorskiej metody statystycznej U-smile w porównaniu z metodami klasycznymi i ML.

Przejście od asocjacji do przyczynowości (Causal Inference): W klasycznej epidemiologii obserwacyjnej powiązania między stylem życia a progresją zespołu metabolicznego są obciążone nieobserwowalnym zakłóceniem genetycznym i wczesnośrodowiskowym (unobserved confounding). Wykorzystanie par bliźniąt monozygotycznych niezgodnych fenotypowo (discordant twin design) tworzy quasi-eksperymentalny układ idealnego dopasowania genetycznego (perfect matching). Pozwala to na rygorystyczne wyizolowanie czysto przyczynowych, modyfikowalnych mechanizmów (epigenetycznych, metagenomicznych, behawioralnych). Z punktu widzenia klinicznego oznacza to identyfikację rzeczywistych celów terapeutycznych, a nie jedynie statystycznych epifenomenów czy markerów zastępczych.

Modelowanie dynamicznego kontinuum zamiast arbitralnej dychotomii: Zespół metaboliczny i MASLD nie są stanami zero-jedynkowymi, lecz wielowymiarowym procesem toczącym się w czasie. Tradycyjna kategoryzacja kliniczna (spełnienie co najmniej 3 z 5 kryteriów) gubi dynamikę zmian patofizjologicznych. Zastosowanie modeli łączonych (Joint Models) i hierarchicznych modeli mieszanych (GLMM/GEE) pozwala na jednoczesną integrację podłużnych trajektorii markerów ciągłych (m.in. 14-dniowy monitoring glikemii CGM, zmienność rytmu serca HRV, wskaźniki elastograficzne) z modelami przeżycia Coxa dla twardych punktów końcowych. Epidemiologicznie umożliwia to uchwycenie biologicznego punktu zwrotnego (tipping point) – momentu, w którym wczesna dysfunkcja metaboliczna nieodwracalnie przechodzi w zaawansowane zwłóknienie narządowe lub powikłania naczyniowe.

Translacja do medycyny precyzyjnej u osób młodych: Badanie kohorty w wieku 15–44 lata trafia w kluczowe okno prewencyjne, w którym powikłania narządowe są jeszcze odwracalne. Zaawansowana integracja wielowymiarowa (modele ACE oparte na SEM, fuzja danych multiomicznych, analiza korespondencji wzorców wielochorobowości i walidacja autorskiej metody U-smile) pozwala rozbić heterogeniczny zespół metaboliczny na homogeniczne subfenotypy o odmiennych profilach ryzyka. Dostarcza to narzędzi biostatystycznych niezbędnych do wczesnej, spersonalizowanej stratyfikacji ryzyka, zanim u pacjentów dojdzie do przedwczesnej niepełnosprawności sercowo-naczyniowej lub marskości wątroby.

Czy różne wskaźniki antropometryczne diagnozują tak samo stan odżywienia u kobiet z zespołem policystycznych jajników?

Aleksander J. Owczarek¹, Marta Kochanowicz², Paweł Madej², Magdalena Olszanecka-Glinianowicz¹

¹Zakład Promocji Zdrowia i Leczenia Otyłości, Katedra Patofizjologii, Wydział Nauk Medycznych w Katowicach, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, Polska

²Katedra i Klinika Endokrynologii Ginekologicznej, Wydział Nauk Medycznych w Katowicach, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, Polska

Otyłość (diagnozowana głównie na podstawie wskaźnika masy ciała – BMI) jest głównym czynnikiem ryzyka rozwoju zespołu policystycznych jajników (PCOS). Jednak nie u wszystkich kobiet z PCOS otyłość jest diagnozowana na podstawie wartości BMI, ponieważ wskaźnik ten nie ocenia ilości tłuszczu trzewnego, który odgrywa kluczową rolę w patogenezie PCOS. Celem niniejszego badania było porównanie różnych wskaźników antropometrycznych w diagnostyce nadmiernej ilości tłuszczu u kobiet z PCOS.

Na podstawie masy ciała, wzrostu, obwodu talii i bioder obliczono jedenaście wskaźników: BMI, stosunek obwodu talii do obwodu bioder (WHR), stosunek obwodu talii do wzrostu (WHtR), stosunek obwodu talii do obwodu bioder do wzrostu (WHHR), wskaźnik otłuszczenia ciała (BAI), wskaźnik kształtu ciała (ABSI), wskaźnik okrągłości ciała (BRI), wskaźnik talii skorygowany o masę ciała (WWI), wskaźnik objętości brzucha (AVI), CI (wskaźnik stożkowatości), wskaźnik Rohera (RI). Aby porównać wskaźniki ze sobą na podstawie regresji Passinga-Bablocka (PB), dane wyskalowano do zakresu [0,1].

Grupa badawcza składa się z 611 kobiet ze zdiagnozowanym PCOS (średnia wieku $26,3 \pm 4,8$; zakres: 17 – 43 lat). Stwierdzono dodatnie, istotne korelacje liniowe między indeksami (w zakresie od 0,08 do 0,99), z wyjątkiem ABSI vs BAI oraz RI. Ogółem wykonano 55 porównań między indeksami z regresją PB w odniesieniu do punktu przecięcia i nachylenia. Poza porównaniami między BMI vs RI, WHHR vs WWI oraz WHR vs ABSI, wszystkie pozostałe porównania dały różnice w punkcie przecięcia z osią y (w zakresie od -0,28 do 0,24). Biorąc pod uwagę współczynnik nachylenia regresji, 21 (38,2%) porównań dało nachylenia, które nie różniły się istotnie od 1. Najwyższą dodatnią wartość nachylenia 1,42 (95% CI: 1,27 – 1,57) odnotowano w porównaniu między WWI vs BAI. Najniższą wartość, wynoszącą 0,72, odnotowano w porównaniu BAI vs WHtR (95% CI: 0,68–0,77). Wskaźniki najbardziej spójne ze sobą to WHR vs WHtR i ABSI, BRI vs RI oraz BMI vs BRI i RI.

Poszczególne wskaźniki antropometryczne nie są między sobą równoważne. Ocena poziomu odżywienia w oparciu o różne wskaźników może prowadzić do przeszacowania lub niedoszacowania częstości otyłości u kobiet z PCOS.

Methodological Developments in Regularized Multiple Regression for Omics Data Exploration

Dominik Nowakowski¹, Małgorzata Bogdan²

¹Medical University of Białystok, Department of Biostatistics and Medical Informatics, Poland

²University of Wrocław, Department of Mathematics, Poland

In recent years, substantial progress has been made in the development of statistical methodologies designed for the analysis of high-dimensional data, in which the number of potential predictors is comparable to—or significantly exceeds—the number of observations. Under such conditions, traditional regression models face severe limitations, necessitating the use of regularization techniques that enable both stable parameter estimation and effective variable selection. A classical example of such an approach is the LASSO (Least Absolute Shrinkage and Selection Operator), which employs an L1 penalty to induce sparsity in the estimated coefficients. Despite its numerous advantages, LASSO penalizes all coefficients uniformly, which may lead to suboptimal signal detection, particularly when the underlying signal exhibits heterogeneous strength.

To overcome these limitations, the SLOPE (Sorted L-One Penalized Estimation) method has been proposed. It modifies the traditional L1 penalty by ordering it according to the magnitudes of the estimated coefficients. This rank-dependent penalization allows for a more flexible adaptation of regularization strength to the structure of the signal and leads to improved variable-selection properties, especially in scenarios where relevant predictors are few but exert strong effects. Owing to these characteristics, L1-based regularization methods are widely employed in genome-wide association studies (GWAS), where extremely high-dimensional feature spaces are the norm.

This presentation will provide an in-depth analysis of the statistical properties of LASSO and SLOPE, including their predictive performance, their ability to accurately identify relevant predictors, and their robustness to variability in signal strength. Furthermore, new theoretical results will be discussed concerning fundamental limits of signal detection in high-dimensional models, which have important implications for the ongoing development of statistical methodologies in bioinformatics and statistical genetics.

słowa kluczowe: High-dimensional data, variable selection, shrinkage regression, LASSO, SLOPE, regularization