

OHDSI内では、実名での活動になります。
Zoom参加時も「名前は実氏名で」お願いします。



OHDSI
OBSERVATIONAL HEALTH DATA SCIENCES AND INFORMATICS

オデッセイ
ジャパン

OHDSI Japan evening conference #41

イブニングカンファレンス(第41回)

2023.4.27



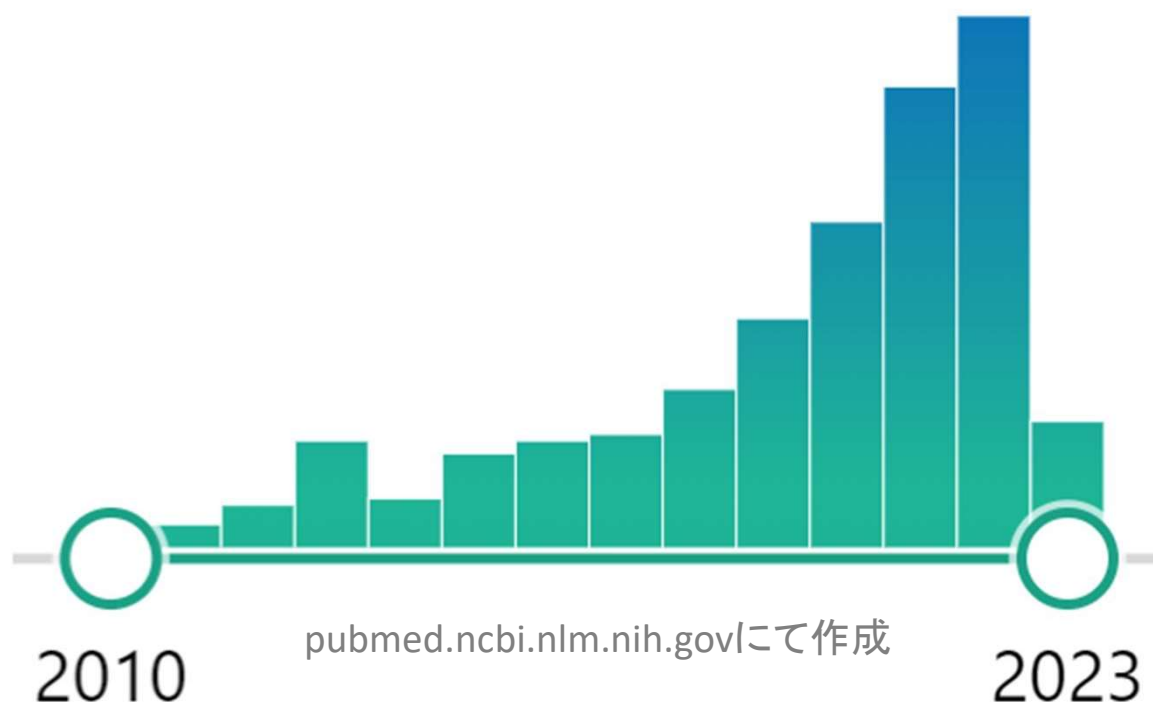
本日の内容

- OHDSI関連論文紹介
- 今月のOHDSI Community Call
- Phenotype Phebruary 2023まとめ



OHDSI関連論文

Pubmedで“OHDSI or OMOP”を検索



全期間累計：3月318本→4月323本



臨床試験適格者の自動抽出の試み

Observational Study > BMC Med Res Methodol. 2023 Apr 11;23(1):88.

doi: 10.1186/s12874-023-01916-6.

Piloting an automated clinical trial eligibility surveillance and provider alert system based on artificial intelligence and standard data models

Stéphane M Meystre^{1, 2}, Paul M Heider², Andrew Cates², Grace Bastian², Tara Pittman²,
Stephanie Gentilin², Teresa J Kelechi²

Affiliations – collapse

Affiliations

- 1 OnePlanet Research Center and imec, Toernooiveld 300, Nijmegen, 6525 EC, The Netherlands.
stephane.meystre@imec.nl.
- 2 Medical University of South Carolina, Charleston, SC, USA.

PMID: 37041475 PMCID: PMC10088225 DOI: 10.1186/s12874-023-01916-6

Abstract

Background: To advance new therapies into clinical care, clinical trials must recruit enough participants. Yet, many trials fail to do so, leading to delays, early trial termination, and wasted resources. Under-enrolling trials make it impossible to draw conclusions about the efficacy of new therapies. An oft-cited reason for insufficient enrollment is lack of study team and provider awareness about patient eligibility. Automating clinical trial eligibility surveillance and study team and provider notification could offer a solution.

Methods: To address this need for an automated solution, we conducted an observational pilot study of our TAES (TriAI Eligibility Surveillance) system. We tested the hypothesis that an automated system based on natural language processing and machine learning algorithms could detect patients eligible for specific clinical trials by linking the information extracted from trial descriptions to the corresponding clinical information in the electronic health record (EHR). To evaluate the TAES information extraction and matching prototype (i.e., TAES prototype), we selected five open cardiovascular and cancer trials at the Medical University of South Carolina and created a new reference standard of 21,974 clinical text notes from a random selection of 400 patients (including at least 100 enrolled in the selected trials), with a small subset of 20 notes annotated in detail. We also developed a simple web interface for a new database that stores all trial eligibility criteria, corresponding clinical information, and trial-patient match characteristics using the Observational Medical Outcomes Partnership (OMOP) common data model. Finally, we investigated options for integrating an automated clinical trial eligibility system into the EHR and for notifying health care providers promptly of potential patient eligibility without interrupting their clinical workflow.

Results: Although the rapidly implemented TAES prototype achieved only moderate accuracy (recall up to 0.778; precision up to 1.000), it enabled us to assess options for integrating an automated system successfully into the clinical workflow at a healthcare system.

Conclusions: Once optimized, the TAES system could exponentially enhance identification of patients potentially eligible for clinical trials, while simultaneously decreasing the burden on research teams of manual EHR review. Through timely notifications, it could also raise physician awareness of patient eligibility for clinical trials.

概要

背景: 新しい治療法を臨床に導入するためには、臨床試験で十分な参加者を集める必要がある。しかし、多くの臨床試験はそれができず、試験の遅延、早期終了、資源の浪費につながっている。参加者不足の臨床試験では、新しい治療法の有効性について結論を出すことは不可能である。登録が不十分な理由としてよく挙げられるのは、患者の適格性に関する研究チームや医療機関の認識不足です。臨床試験の適格性監視と研究チームおよび医療従事者への通知を自動化することで、解決策を提供できる可能性がある。

方法: この自動化ソリューションの必要性に対処するため、我々はTAES (TriAl Eligibility Surveillance) システムの観察的パイロットスタディを実施した。自然言語処理と機械学習アルゴリズムに基づく自動化システムが、臨床試験の説明から抽出された情報を電子カルテ (EHR) の対応する臨床情報にリンクさせることにより、特定の臨床試験に適格な患者を検出できるという仮説を検証した。TAES情報抽出・照合プロトタイプ (以下、TAESプロトタイプ) を評価するために、サウスカロライナ医科大学で行われている心血管とがんの公開試験を5つ選び、400人の患者 (選んだ試験に登録した少なくとも100人を含む) からランダムに選んだ臨床テキストノート21974件の新しい参照基準を作り、そのうち20件の小さなサブセットには詳細に注釈をつけた。また、OMOP共通データモデルを用いて、すべての臨床試験の適格性基準、対応する臨床情報、臨床試験と患者の一致特性を保存する新しいデータベースの簡単なウェブインターフェースを開発しました。最後に、自動化された臨床試験適格性システムをEHRに統合し、医療従事者の臨床ワークフローを中断することなく、患者の適格性の可能性を速やかに通知するためのオプションを調査した。

結果: TAESプロトタイプを迅速に実装した結果、中程度の精度しか得られなかったが (感度 recall 最大 0.778、PPV precision 最大1.000)、自動化システムを医療機関の臨床ワークフローにうまく組み込むためのオプションを評価することが可能となった。

結論: TAESシステムは、最適化されれば、臨床試験の対象となりうる患者の特定を飛躍的に向上させると同時に、研究チームが手作業でEHRレビューを行う負担を軽減することができる。また、タイムリーな通知により、臨床試験への参加資格について医師の認識を高めることができる。



多国連携COVID2400万人での特定有害事象調査

> [EClinicalMedicine](#). 2023 Apr;58:101932. doi: 10.1016/j.eclinm.2023.101932. Epub 2023 Apr 4.

Contextualising adverse events of special interest to characterise the baseline incidence rates in 24 million patients with COVID-19 across 26 databases: a multinational retrospective cohort study

Erica A Voss^{1 2 3}, Azza Shoaibi^{1 3}, Lana Yin Hui Lai^{1 4}, Clair Blacketer^{1 2 3},
Thamir Alshammari^{1 5}, Rupa Makadia^{1 3}, Kevin Haynes³, Anthony G Sena^{1 2 3},
Gowtham Rao^{1 3}, Sebastiaan van Sandijk^{1 6}, Clement Fraboulet⁷, Laurent Boyer⁷,
Tanguy Le Carrouer⁸, Scott Horban⁹, Daniel R Morales^{10 11}, Jordi Martínez Roldán¹²,
Juan Manuel Ramírez-Anguita^{13 14}, Miguel A Mayer^{13 14}, Marcel de Wilde^{1 2}, Luis H John^{1 2},
Talita Duarte-Salles^{1 15}, Elena Roel¹⁵, Andrea Pistillo¹⁵, Raivo Kolde¹⁶, Filip Maljković¹⁷,
Spiros Denaxas^{18 19 20}, Vaclav Papez^{18 19}, Michael G Kahn^{1 21}, Karthik Natarajan^{1 22 23},
Christian Reich^{1 24}, Alex Secora²⁴, Evan P Minty^{1 25}, Nigam H Shah^{1 26}, Jose D Posada^{1 27},
Maria Teresa Garcia Morales²⁸, Diego Bosca²⁹, Honorio Cadenas Juanino³⁰,
Antonio Diaz Holgado³⁰, Miguel Pedrera Jiménez³¹, Pablo Serrano Balazote³¹,
Noelia García Barrio³¹, Selçuk Şen³², Ali Yağız Üresin³², Baris Erdogan³³, Luc Belmans³⁴,
Geert Byttebier³⁴, Manu L N G Malbrain^{34 35}, Daniel J Dedman³⁶, Zara Cuccu³⁶,
Rohit Vashisht^{1 37}, Atul J Butte^{1 37 38}, Ayan Patel^{1 37}, Lisa Dahm^{1 38}, Cora Han^{1 38},
Fan Bu³⁹, Faaizah Arshad^{1 39}, Anna Ostroplets^{1 22}, Fredrik Nyberg⁴⁰, George Hripcsak^{1 22 23},
Marc A Suchard^{1 39 41}, Dani Prieto-Alhambra^{1 2 42}, Peter R Rijnbeek^{1 2},
Martijn J Schuemie^{1 3 39}, Patrick B Ryan^{1 3 22}

Abstract

Background: Adverse events of special interest (AESIs) were pre-specified to be monitored for the COVID-19 vaccines. Some AESIs are not only associated with the vaccines, but with COVID-19. Our aim was to characterise the incidence rates of AESIs following SARS-CoV-2 infection in patients and compare these to historical rates in the general population.

Methods: A multi-national cohort study with data from primary care, electronic health records, and insurance claims mapped to a common data model. This study's evidence was collected between Jan 1, 2017 and the conclusion of each database (which ranged from Jul 2020 to May 2022). The 16 pre-specified prevalent AESIs were: acute myocardial infarction, anaphylaxis, appendicitis, Bell's palsy, deep vein thrombosis, disseminated intravascular coagulation, encephalomyelitis, Guillain- Barré syndrome, haemorrhagic stroke, non-haemorrhagic stroke, immune thrombocytopenia, myocarditis/pericarditis, narcolepsy, pulmonary embolism, transverse myelitis, and thrombosis with thrombocytopenia. Age-sex standardised incidence rate ratios (SIR) were estimated to compare post-COVID-19 to pre-pandemic rates in each of the databases.

Findings: Substantial heterogeneity by age was seen for AESI rates, with some clearly increasing with age but others following the opposite trend. Similarly, differences were also observed across databases for same health outcome and age-sex strata. All studied AESIs appeared consistently more common in the post-COVID-19 compared to the historical cohorts, with related meta-analytic SIRs ranging from 1.32 (1.05 to 1.66) for narcolepsy to 11.70 (10.10 to 13.70) for pulmonary embolism.

Interpretation: Our findings suggest all AESIs are more common after COVID-19 than in the general population. Thromboembolic events were particularly common, and over 10-fold more so. More research is needed to contextualise post-COVID-19 complications in the longer term.

概要

背景: COVID-19ワクチンについては、特別に関心のある有害事象 (AESI) をモニターすることがあらかじめ指定されていた。AESIの中にはワクチンだけでなく、COVID-19にも関連するものがある。我々の目的は、患者におけるSARS-CoV-2感染後のAESIの発生率を特徴付け、一般集団における過去の発生率と比較することであった。

方法: プライマリケア、電子カルテ、保険請求からのデータを共通のデータモデルにマッピングした多国間コホート研究。本研究のエビデンスは、2017年1月1日から各データベースの終了（2020年7月から2022年5月までの範囲）までの間に収集された。事前に指定された16のAESIは以下の通りです：急性心筋梗塞、アナフィラキシー、虫垂炎、ベル麻痺、深部静脈血栓症、播種性血管内凝固、脳脊髄炎、ギラン・バレー症候群、出血性脳卒中、非出血性脳卒中、免疫性血小板減少症、心筋炎・心膜炎、ナルコレプシー、肺塞栓症、横紋筋炎、血小板減少症を伴う血栓症。年齢性別標準化発生率比 (SIR) を推定し、各データベースにおけるCOVID-19後とパンデミック前の発生率を比較した。

所見: AESI率には年齢による実質的な異質性が認められ、年齢とともに明らかに増加するものもあれば、逆の傾向を示すものもあった。同様に、同じ健康アウトカムと年齢-性別層でもデータベース間で違いが見られた。すべての調査対象AESIは、過去のコホートと比較してCOVID-19後のコホートで一貫してより一般的であるように見え、関連するメタ分析のSIRは、ナルコレプシーの1.32 (1.05 to 1.66) から肺塞栓症の11.70 (10.10 to 13.70) の範囲にあった。

解釈: 今回の結果から、すべてのAESIが一般集団よりもCOVID-19後に多く見られることが示唆された。血栓塞栓症は特に多く、10倍以上であった。COVID-19後の合併症の長期的な状況を明らかにするために、さらなる研究が必要である。



OMOP CDMでRWD DBを作るプロジェクトの一例

> [Crit Care Explor.](#) 2023 Apr 3;5(4):e0893. doi: 10.1097/CCE.0000000000000893. eCollection 2023 Apr.

A Path to Real-World Evidence in Critical Care Using Open-Source Data Harmonization Tools

Smith F Heavner^{1 2}, Wesley Anderson³, Rahul Kashyap^{4 5}, Pamela Dasher¹, Ewy A Mathé⁶,
Laura Merson⁷, Philippe J Guerin^{8 9}, Jeff Weaver¹⁰, Matthew Robinson¹¹, Marco Schito¹,
Vishakha K Kumar¹², Paul Nagy¹³

Affiliations + expand

PMID: 37025303 PMCID: [PMC10072311](#) DOI: [10.1097/CCE.0000000000000893](#)

Affiliations

- 1 CURE Drug Repurposing Collaboratory, Critical Path Institute, Tucson, AZ.
- 2 Department of Public Health Sciences, Clemson University, Clemson, SC.
- 3 Quantitative Medicine, Critical Path Institute, Tucson, AZ.
- 4 Department of Research, WellSpan Health, York, PA.
- 5 Department of Anesthesia and Critical Care Medicine, Mayo Clinic, Rochester, MN.
- 6 Division of Preclinical Innovation, National Center for Advancing Translational Sciences, National Institutes of Health, Bethesda, MD.
- 7 ISARIC, Pandemic Sciences Institute, University of Oxford, Oxford, United Kingdom.
- 8 Infectious Diseases Data Observatory, University of Oxford, Oxford, United Kingdom.
- 9 Centre for Tropical Medicine and Global Health, Nuffield Department of Medicine, University of Oxford, Oxford, United Kingdom.
- 10 Office of Information Technology, Emory University, Atlanta, GA.
- 11 Department of Medicine-Infectious Disease, Johns Hopkins University, Baltimore, MD.
- 12 Society for Critical Care Medicine, Mount Prospect, IL.
- 13 Johns Hopkins University School of Medicine, Baltimore, MD.

Abstract

COVID-19 highlighted the need for use of real-world data (RWD) in critical care as a near real-time resource for clinical, research, and policy efforts. Analysis of RWD is gaining momentum and can generate important evidence for policy makers and regulators. Extracting high quality RWD from electronic health records (EHRs) requires sophisticated infrastructure and dedicated resources. We sought to customize freely available public tools, supporting all phases of data harmonization, from data quality assessments to de-identification procedures, and generation of robust, data science ready RWD from EHRs. These data are made available to clinicians and researchers through CURE ID, a free platform which facilitates access to case reports of challenging clinical cases and repurposed treatments hosted by the National Center for Advancing Translational Sciences/National Institutes of Health in partnership with the Food and Drug Administration. This commentary describes the partnership, rationale, process, use case, impact in critical care, and future directions for this collaborative effort.

概要

COVID-19では、臨床、研究、政策の取り組みにおいて、ほぼリアルタイムのリソースとして、クリティカルケアにおけるリアルワールドデータ（RWD）の活用の必要性が強調された。RWDの解析は勢いを増しており、政策立案者や規制当局にとって重要なエビデンスを生み出すことができる。電子カルテ（EHR）から高品質のRWDを抽出するには、高度なインフラと専用のリソースが必要である。我々は、自由に利用できる公開ツールをカスタマイズし、データの品質評価から非識別化手続きまで、データ調和のすべての段階をサポートし、EHRから堅牢でデータサイエンスに適したRWDを生成しようとした。これらのデータは、National Center for Advancing Translational Sciences/National Institutes of HealthがFood and Drug Administrationと連携して主催する、困難な臨床例や再利用された治療法のケースレポートへのアクセスを容易にする無料プラットフォーム、CURE IDを通じて臨床医や研究者に提供されている。本コメンタリーでは、この共同研究のパートナーシップ、根拠、プロセス、ユースケース、クリティカルケアにおける影響、および今後の方向性について説明する。



ゲノムデータを含む連合学習基盤の考察

> [J Biomed Inform.](#) 2023 Apr 5;141:104338. doi: 10.1016/j.jbi.2023.104338. Online ahead of print.

The need for multimodal health data modeling: A practical approach for a federated-learning healthcare platform

Francesco Cremonesi ¹, Vincent Planat ², Varvara Kalokyri ³, Haridimos Kondylakis ³, Tiziana Sanavia ⁴, Victor Miguel Mateos Resinas ⁵, Babita Singh ⁶, Silvia Uribe ⁷

Affiliations + expand

PMID: 37023843 DOI: [10.1016/j.jbi.2023.104338](#)

Affiliations

- 1 Université Côte d'Azur, Inria Sophia Antipolis-Méditerranée, Epione Research Project, France; Datawizard s.r.l., Rome, Italy. Electronic address: francesco.cremonesi@inria.fr.
- 2 Dedalus, Global Consulting, France.
- 3 Institute of Computer Science, Foundation for Research and Technology - Hellas, Crete, Greece.
- 4 Department of Medical Sciences, University of Torino, Torino, Italy.
- 5 Dedalus Healthcare, Málaga, Spain.
- 6 Centre for Genomic Regulation (CRG), The Barcelona Institute of Science and Technology, Barcelona, Spain.
- 7 Escuela Técnica Superior de Ingeniería de Sistemas Informáticos, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, Spain.

Abstract

Federated learning initiatives in healthcare are being developed to collaboratively train predictive models without the need to centralize sensitive personal data. GenoMed4All is one such project, with the goal of connecting European clinical and -omics data repositories on rare diseases through a federated learning platform. Currently, the consortium faces the challenge of a lack of well-established international datasets and interoperability standards for federated learning applications on rare diseases. This paper presents our practical approach to select and implement a Common Data Model (CDM) suitable for the federated training of predictive models applied to the medical domain, during the initial design phase of our federated learning platform. We describe our selection process, composed of identifying the consortium's needs, reviewing our functional and technical architecture specifications, and extracting a list of business requirements. We review the state of the art and evaluate three widely-used approaches (FHIR, OMOP and Phenopackets) based on a checklist of requirements and specifications. We discuss the pros and cons of each approach considering the use cases specific to our consortium as well as the generic issues of implementing a European federated learning healthcare platform. A list of lessons learned from the experience in our consortium is discussed, from the importance of establishing the proper communication channels for all stakeholders to technical aspects related to -omics data. For federated learning projects focused on secondary use of health data for predictive modeling, encompassing multiple data modalities, a phase of data model convergence is sorely needed to gather different data representations developed in the context of medical research, interoperability of clinical care software, imaging, and -omics analysis into a coherent, unified data model. Our work identifies this need and presents our experience and a list of actionable lessons learned for future work in this direction.

概要

ヘルスケア分野では、機密性の高い個人データを集中管理することなく、予測モデルを共同でトレーニングするための連合学習(Federated learning)の取り組みが進められている。**GenoMed4All**はそのようなプロジェクトの一つで、希少疾患に関するヨーロッパの臨床データおよびオミックスデータリポジトリを連合学習プラットフォームで接続することを目的としている。現在、コンソーシアムは、希少疾患に関する連携学習アプリケーションのための確立された国際データセットと相互運用性標準の欠如という課題に直面している。

本論文では、連合学習プラットフォームの初期設計段階において、医療分野に適用される予測モデルの連合学習に適した共通データモデル(CDM)を選択・実装するための実践的なアプローチを紹介する。コンソーシアムのニーズを特定し、機能的・技術的なアーキテクチャ仕様を検討し、ビジネス要件のリストを抽出することからなる、我々の選択プロセスについて説明する。また、要件と仕様のチェックリストに基づき、広く使われている3つのアプローチ(FHIR、OMOP、Phenopackets)を評価した。

私たちのコンソーシアムに特有のユースケースと、ヨーロッパの学習ヘルスケアプラットフォーム実装の一般的な問題を考慮して、各アプローチの長所と短所を議論する。私たちのコンソーシアムでの経験から得られた教訓のリストについては、すべての利害関係者のための適切なコミュニケーションチャネルを確立することの重要性から、-omicsデータに関する技術的側面まで、議論されている。複数のデータモダリティを包含する予測モデリングのための健康データの二次利用に焦点を当てた連合学習プロジェクトでは、医学研究、臨床ケアソフトウェアの相互運用性、画像、および-omics分析の文脈で開発された異なるデータ表現を首尾一貫した統一データモデルに集めるためのデータモデル収束のフェーズが切実に必要である。私たちの研究は、この必要性を明らかにし、私たちの経験と、この方向での将来の仕事のために学んだ実用的な教訓のリストを提示する。



分散型研究ネットワークの一例

Multicenter Study > Technol Cancer Res Treat. 2023 Jan-Dec;22:15330338221149262.

doi: 10.1177/15330338221149262.

Cancer Research Line (CAREL): Development of Expanded Distributed Research Networks for Prostate Cancer and Lung Cancer

Jihwan Park ¹, Ji Youl Lee ², Mi Hyoun Moon ³, Yong Hyun Park ², Mi Jung Rho ⁴

Affiliations + expand

PMID: 36977531 PMCID: PMC10061631 DOI: 10.1177/15330338221149262

Affiliations

- 1 Department of Computer Education, Dankook Liberal Art College, Dankook University, Cheonan-si, Chungcheongnam-do, Republic of Korea.
- 2 Department of Urology, Seoul St. Mary's Hospital, College of Medicine, The Catholic University of Korea, Seoul, Republic of Korea.
- 3 Department of Thoracic and Cardiovascular Surgery, Seoul St. Mary's Hospital, College of Medicine, The Catholic University of Korea, Seoul, Republic of Korea.
- 4 College of Health Science, Dankook University, Cheonan-si, Chungcheongnam-do, Republic of Korea.

Abstract

Objectives: Big data-based multicenter medical research is expected to bring significant advances to cancer treatment worldwide. However, there are concerns related to data sharing among multicenter networks. Clinical data can be shielded by firewalls using distributed research networks (DRNs). We attempted to develop DRNs for multicenter research that can be easily installed and used by any institution. **Patients and Methods:** We propose a DRN for multicenter cancer research called the cancer research line (CAREL) and present a data catalog based on a common data model (CDM). CAREL was validated using 1723 patients with prostate cancer and 14 990 patients with lung cancer in a retrospective study. We used the attribute-value pairs and array data type JavaScript object notation (JSON) format to interface third-party security solutions such as blockchain. **Results:** We developed visualized data catalogs of prostate and lung cancer based on the observational medical outcomes partnership (OMOP) CDM, from which researchers can easily browse and select relevant data. We made the CAREL source code readily available for download and application for relevant purposes. In addition, it is possible to realize a multicenter research network using CAREL development sources. **Conclusion:** CAREL source can enable medical institutions to participate in multicenter cancer research. Our technology is open source, so small institutions that cannot afford to spend high costs can use it to develop a platform for multicenter research.

概要

目的: ビッグデータに基づく多施設共同医療研究は、世界のがん治療に大きな進歩をもたらすと期待されている。しかし、多施設ネットワーク間でのデータ共有に関連する懸念がある。臨床データは、分散型研究ネットワーク (DRN) を用いてファイアウォールで遮蔽することが可能である。我々は、どの施設でも簡単に導入・利用できる多施設共同研究用DRNの開発を試みた。**患者と方法:** 多施設共同研究用のDRNであるcancer research line (CAREL) を提案し、共通データモデル (CDM) に基づくデータカタログを提示した。CARELは、前立腺がん患者1723名と肺がん患者14 990名を対象としたレトロスペクティブ研究で検証した。ブロックチェーンなどの第三者セキュリティソリューションとのインタフェースとして、属性-値ペアと配列データ型のJavaScriptオブジェクト記法 (JSON) 形式を使用しました。**結果:** OMOP CDMに基づき、前立腺がんと肺がんの可視化データカタログを開発し、そこから研究者が関連データを容易に閲覧・選択できるようにした。また、CARELのソースコードを容易にダウンロードできるようにし、関連する目的への応用を可能にした。CARELの開発ソースを用いて、多施設共同研究ネットワークを実現することも可能である。**結論:** CARELソースは、医療機関が多施設共同がん研究に参加することを可能にする。本技術はオープンソースであるため、高額な費用をかけられない小規模な医療機関でも、多施設研究のプラットフォームを開発するために利用できる。



今月のCommunity Call

- APAC Call テーマ

Apr. 20 Community Call: Training Session #3
 SOS Challenge Tutorials Recap

- Global Community Call テーマ

Mar. 28 SOS Challenge Week 1:
 Initiating A Network Study + SOS Overview

Apr. 4 SOS Challenge Week 2: Data Diagnostics

Apr. 11 SOS Challenge Week 3: Phenotype Development

Apr. 18 SOS Challenge Week 4: Phenotype Evaluation

Apr. 25 SOS Challenge Week 5: Analysis Design



Save Our Sisyphus Challenge

<https://ohdsi.org/sos-challenge/>

SOSチャレンジは2023年1月に導入され、コミュニティメンバーはチャレンジ中に実行可能な35種類の研究を提出しました。その中から4つが選ばれ、2つは毎週のチュートリアル中にライブで行われ、2つは非同期で行われる予定です。4つの研究は以下になります。

Intravitreal Anti-VEGF and Kidney Failure

Lead: Cindy Cai

Is fluoroquinolone use really associated with the development of aortic aneurysms

Leads: Jack Janetzki, Jung Ho Kim, Seonji Kim, Jung Ah Lee, Nicole Pratt, Seng Chan You,

Characterization: incidence of progressive multifocal leukoencephalopathy (PML) during Multiple Sclerosis (MS) biologic exposure

Lead: Thamir Alshammary

Amongst people with psoriasis, does exposure to Risankizumab increase the risk of cerebrovascular events while on treatment relative to other biologic therapies?

Lead: Zenas Yiu

SOS Challenge Weekly Tutorial Schedule

4つの研究のうち2つを取り上げ、コミュニティの異なるメンバーが講師を務める2つのチュートリアルを毎週行います。異なる研究の、ネットワークスタディの実施に関する同じ側面に焦点を当てたものです。

Date	Times	Topic
Mar. 28	11 am / 7 pm ET	SOS Week 1 Tutorial: Initiating A Network Study
Apr. 4	11 am / 7 pm ET	SOS Week 2 Tutorial: Data Diagnostics
Apr. 11	11 am / 7 pm ET	SOS Week 3 Tutorial: Phenotype Development
Apr. 18	11 am / 7 pm ET	SOS Week 4 Tutorial: Phenotype Evaluation
Apr. 25	11 am / 7 pm ET	SOS Week 5 Tutorial: Creating Analysis Specifications
May 2	11 am / 7 pm ET	SOS Week 6 Tutorial: Network Execution
May 9	11 am / 7 pm ET	SOS Week 7 Tutorial: Study Diagnostics
May 16	11 am / 7 pm ET	SOS Week 8 Tutorial: Evidence Synthesis
May 23	11 am / 7 pm ET	SOS Week 9 Tutorial: Interpreting The Results



2023 European Symposium

<https://www.ohdsi-europe.org/index.php/symposium-2023>

日程：7月 1-3日（メインシンポジウムは7月3日）

場所：1 - 2日 Erasmus University Medical Center
3日 Steam Ship Rotterdam





2023 APAC Symposium

登録受付中！

<https://www.ohdsi.org/2023apacsymposium/>

日程：7月 13-14日

MEDINFO 2023が 7/8-12に開催

場所： University of New South Wales, Sydney, Australia

13日 **Main Conference**

Session 1: OHDSI Global

Session 2: Research

Session 3: OHDSI APAC



Wikipediaより

14日 **Tutorials**

ETL、Characterization、

Population-Level Estimation、 Patient-Level Prediction



Phenotype Phebruary 2023 まとめ

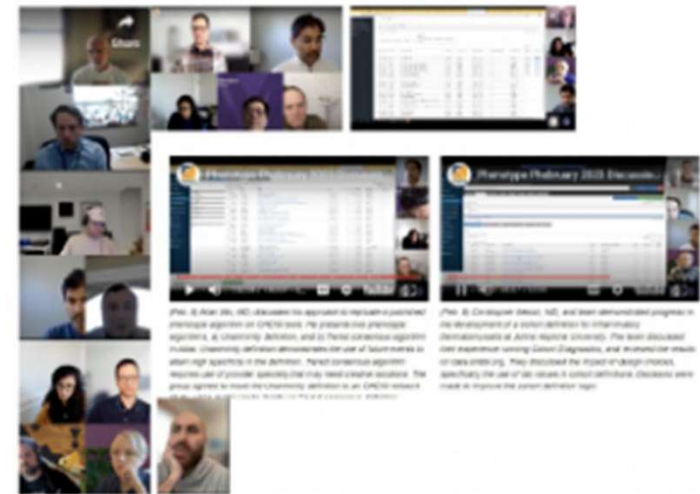
<https://ohdsi.org/phenotype-phebruary-2023/>

What Did We Accomplish?



Phenotype Phebruary 2023 in numbers

- **11** phenotypes discussed in the forums
 - 5 phenotypes finished peer review --> library
 - 5 phenotypes developed, evaluated and on their way to peer review
- **4** debates/discussions addressed
- **7** shiny apps on data.ohdsi.org
- **32** collaborators interacted in the forums or attended calls
- **9 Publications**
 - 8 applied publications planned
 - 1 methods publication





11 Phenotype discussed in the forums

Announcements and Meeting/Workshop Links	Acute Pancreatitis	Anaphylaxis	Appendicitis
Acquired Neutropenia	Systemic Lupus Erythematosus	Acute Hepatic Failure	Idiopathic Inflammatory Myopathies
Parkinson's Disease	ST Elevation Myocardial Infarction	Neonatal Hypoxic Ischemic Encephalopathy	Neurofibromatosis type 1 with Optical Pathway Glioma



その他のphenotyping話題

Phenotype Peer Review	Chart review gold standard validation vs innovative methods like PheValuator
What makes cohort definitions reusable, and what is the value of the OHDSI Phenotype Library? What should be in it?	The role of probabilistic modeling in phenotype development and evaluation



Phenotype Library

Welcome
to the Phenotype Library

BETA

This is an automated dashboard generated from the [Github Repo for the Phenotype Library](#).

<https://dash.ohdsi.org/phenotype-explorer>



Phenotype Phebruary Videos

Phenotype Phebruary Week 4 Update ...

- 11 phenotypes discussed in the forums
 - 5 phenotypes finished peer review --> library
 - 4 phenotypes developed, evaluated and on their way to peer review
 - 1 phenotype developed and in progress
- 4 debates/discussions addressed
- 7 shiny apps on data.ohdsi.org
- 32 collaborators interacted in the forums calls
- 9 Publications
 - 8 applied publications planned
 - 1 methods publication

Phenotype Phebruary Week 3 Update ...
... that happened in **Week 3**

2023 FEBRUARY

Monday	Tuesday	Wednesday	Thursday	Friday	Saturday
13	14	15	16	17	18

OHDSI Community Call

<https://forums.ohdsi.org/t/phenotape-phebruary-2023-at-st-elevation-myocardial-infection/18246/4>

See video recording here: [Meeting-Recording.m4a](#)

<https://ohdsi.org/phenotype-phebruary-2023/>