



**UNIWERSYTET  
MIKOŁAJA KOPERNIKA  
W TORUNIU**

Collegium Medicum  
im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy



**UNIWERSYTET  
MIKOŁAJA KOPERNIKA  
W TORUNIU**

Wydział Farmaceutyczny  
Collegium Medicum w Bydgoszczy



Książka streszczeń

wspólnej konferencji naukowo-szkoleniowej

**Polskiej Grupy Narodowej**

**Międzynarodowego Towarzystwa Biostatystyki Klinicznej**

**(Polish National Group of The International Society for Clinical Biostatistics)**

oraz

**Katedry Biostatystyki i Teorii Układów Biomedycznych**

**Wydziału Farmaceutycznego**

**Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy, UMK w Toruniu**

**Bydgoszcz, 13-14 października 2023**

# **Nowoczesne metody statystyczne w badaniach medycznych**

Redakcja książki abstraktów:  
mgr Jacek Wiśniewski, mgr Agnieszka Świątek  
dr Małgorzata Ćwiklińska-Jurkowska  
dr hab. Katarzyna Buszko, prof. UMK

Fotografia na okładce:  
Budynek Wydziału Farmaceutycznego Collegium Medicum UMK  
ul. dr Antoniego Jurasza 2 w Bydgoszczy  
fot. mgr Agnieszka Świątek

ISBN 978-83-968020-0-2



Bydgoszcz 2023  
Książka abstraktów zamieszczona na stronie:  
<https://iscb.cm.umk.pl>

**ISBN 978-83-968020-0-2**

Partoniat honorowy nad konferencją objęli:

**Prorektor ds. Collegium Medicum**

**Prof. dr hab. Kornelia Kędziora-Kornatowska**

**Dziekan Wydziału Farmaceutycznego**

**Prof. dr hab. Stefan Kruszewski**

## Organizatorzy

Polska Grupa Narodowa Międzynarodowego Towarzystwa Biostatystyki Klinicznej

[iscb.pl](http://iscb.pl)

Katedra Biostatystyki i Teorii Układów Biomedycznych, Wydział Farmaceutyczny, Collegium

Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy, UMK w Toruniu

[biostat.cm.umk.pl](http://biostat.cm.umk.pl)

## Komitet Organizacyjny

### Przewodniczący:

- dr hab. Katarzyna Buszko, prof. UMK (Collegium Medicum w Bydgoszczy, UMK w Toruniu)
- mgr Kinga Sałapa (Polska Grupa Narodowa Międzynarodowego Towarzystwa Biostatystyki Klinicznej)

### Sekretarze:

- mgr Agnieszka Świątek (Collegium Medicum w Bydgoszczy, UMK w Toruniu)
- mgr Rafał Pawłowski (Collegium Medicum w Bydgoszczy, UMK w Toruniu)
- Aleksandra Witek (Collegium Medicum w Bydgoszczy, UMK w Toruniu)

### Członkowie:

- dr hab. Barbara Więckowska (Uniwersytet Medyczny w Poznaniu)
- dr Krystyna Szafraniec (Polska Grupa Narodowa Międzynarodowego Towarzystwa Biostatystyki Klinicznej)
- dr Maciej Polak (Uniwersytet Jagielloński, Collegium Medicum)
- dr Małgorzata Ćwiklińska-Jurkowska (Collegium Medicum w Bydgoszczy, UMK w Toruniu)
- mgr Jacek Wiśniewski (Collegium Medicum w Bydgoszczy, UMK w Toruniu)
- mgr Kacper Wnuk (Collegium Medicum w Bydgoszczy, UMK w Toruniu)

## Komitet Naukowy

### Członkowie:

- prof. dr hab. Jerzy Moczko (Uniwersytet Medyczny w Poznaniu)
- dr hab. Barbara Więckowska (Uniwersytet Medyczny w Poznaniu)
- dr hab. Elżbieta Chełmecka (Śląski Uniwersytet Medyczny)
- prof. dr hab. inż. Aleksander Owczarek (Śląski Uniwersytet Medyczny)
- dr Krystyna Szafraniec (Polska Grupa Narodowa Międzynarodowego Towarzystwa Biostatystyki Klinicznej)
- dr Maciej Polak (Uniwersytet Jagielloński, Collegium Medicum)

# Nowoczesne metody statystyczne w badaniach medycznych

## Plan konferencji

Piątek, 13 października 2023				
08:00-08:30	Rejestracja dla uczestników warsztatów			
08:30-09:00	Warsztaty Statistica	Warsztaty PQStat	Warsztaty MATLAB	
09:00-09:30				
09:30-10:00				
10:00-10:30	Przerwa kawowa		budynek F	
10:30-11:00	Warsztaty Statistica	Warsztaty PQStat		Warsztaty MATLAB
11:00-11:30				
11:30-12:00				
12:00-12:30	Spotkanie członków ISCB			
12:30-13:45	Rejestracja			
13:45-14:00	Otwarcie konferencji			
14:00-15:00	<p><i>Wykład inauguracyjny - prof. J. Moczko (Uniwersytet Medyczny, Poznań):</i> Spektroskopia bliskiej podczerwieni i techniki analizy sygnału w połączonych dziedzinach czasu i częstotliwości w badaniach psychiatrycznych.</p>		budynek A	
15:00-15:20	<p><i>Hanna Mielniczuk (Warszawa):</i> AI w badaniach klinicznych - opracowanie statystyczne.</p>			
15:20-15:40	<p><i>Michał Michalak (Uniwersytet Medyczny, Poznań):</i> Analiza różnic w wynikach porządkowej regresji logistycznej w kontekście wybranych pakietów statystycznych.</p>			
15:40-16:00	<p><i>Aleksandra Ciochoń (Collegium Medicum Uniwersytetu Jagiellońskiego, Kraków):</i> Co lub kto redukuje lęk u kobiet w ciąży?</p>			
16:00-16:30	Przerwa kawowa			
16:30-17:20	<p><i>Paweł Siatka (ONT/MathWorks, Kraków):</i> Analiza danych i wykorzystanie metod AI z oprogramowaniem MATLAB.</p>			
17:20-17:40	<p><i>Jan Bińkowski (Pomorski Uniwersytet Medyczny, Szczecin):</i> Potencjał publicznie dostępnych baz danych we współczesnych badaniach biomedycznych.</p>			
17:40-18:00	<p><i>Małgorzata Górka (Kujawsko-Pomorski Ośrodek Badań Regionalnych, Bydgoszcz):</i> Wpływ zmian demograficznych na rynek pracy w województwie kujawsko-pomorskim.</p>			
18:30-19:30	Koncert (Akademia Muzyczna)			
20:00	Kolacja konferencyjna (Restauracja Sowa, Villa Calvados)			

Sobota, 14 października 2023					
07:50-08:00	Rejestracja dla uczestników warsztatów				budynek F
08:00-08:30	Warsztaty Statistica	Warsztaty PQStat	Warsztaty Python	Warsztaty R Shiny	
08:30-09:00					
09:00-09:30					
09:30-09:50	Przerwa kawowa				
09:50-10:30	Warsztaty Statistica	Warsztaty PQStat	Warsztaty Python	Warsztaty R Shiny	
10:30-11:00					
11:00-11:20					
11:20-11:30	Rejestracja				
11:30-12:30	<p><i>Janusz Wątroba (StatSoft, Kraków):</i>            Jak można poprawnie zadbać o zgodność dwóch aspektów oceny wyników badania: istotności praktycznej (klinicznej) i istotności statystycznej?</p>				
12:30-12:50	<p><i>Danuta Makowiec (Uniwersytet Gdański, Gdańsk):</i>            Złożoność rytmu serca u pacjentów po przeszczepie serca z przerostem lewej komory.</p>				
12:50-13:10	<p><i>Katarzyna Kubiak (Uniwersytet Medyczny, Poznań):</i>            Wykresy U-smile współczynników RB i składowych współczynnika rekasyfikacji netto (NRI) do doboru zmiennych w klasyfikacji binarnej.</p>				
13:10-13:30	<p><i>Barbara Więckowska (Uniwersytet Medyczny, Poznań):</i>            Procentowe wagi dla współczynników RB. Prezentacja graficzna na wykresach U-smile.</p>				
13:30-14:00	Sesja plakatu				
14:00-14:30	Mini-lunch				
14:30-14:50	<p><i>Marcin Choiński (Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa):</i>            Dyskretny model SIS oparty na schemacie ściśle dodatnim.</p>				
14:50-15:10	<p><i>Elżbieta Chelmecka (Śląski Uniwersytet Medyczny, Sosnowiec):</i>            Statystyka której nie widać w publikacjach.</p>				
15:10-15:30	<p><i>Anna Chmiel (Politechnika Warszawska, Warszawa):</i>            Sieci współchorobowości.</p>				
15:30-15:50	<p><i>Bartosz Biczuk (Uniwersytet Zielonogórski, Zielona Góra):</i>            Metody uczenia maszynowego w oparciu o entropie z serii monotonicznych i pRR30 do detekcji migotania przedsionków.</p>				
15:50-16:00	Zakończenie konferencji				
					budynek A

## Wykłady – streszczenia:

Autor	Tytuł	Str.
Hanna Mielniczuk	AI w badaniach klinicznych – opracowanie statystyczne	9
Michał Michalak	Analiza różnic w wynikach porządkowej regresji logistycznej w kontekście wybranych pakietów statystycznych	11
Aleksandra Ciochoń	Co lub kto redukuje lęk u kobiet w ciąży?	12
Jan Bińkowski	Potencjał publicznie dostępnych baz danych w współczesnych badaniach biomedycznych	13
Danuta Makowiec	Złożoność rytmu serca u pacjentów po przeszczepie serca z przerostem lewej komory	14
Katarzyna B. Kubiak	Wykresy U-smile współczynników RB i składowych współczynnika rekasyfikacji netto (NRI) do doboru zmiennych w klasyfikacji binarnej	15
Barbara Więckowska	Procentowe wagi dla współczynników RB – prezentacja graficzna na wykresach U-smile	16
Marcin Choiński	Dyskretny model SIS oparty na schemacie ściśle dodatnim	18
Elżbieta Chełmecka	Statystyka, której nie widać w publikacjach	19
Anna Chmiel	Sieci współchorobowości	20
Bartosz Biczuk	Metody uczenia maszynowego w oparciu o entropie z serii monotonicznych i pRR30 do detekcji migotania przedsionków	21



# AI w badaniach klinicznych – opracowanie statystyczne

Hanna Mielniczuk

Praca biostatystyka wymaga wiedzy i umiejętności z zakresu statystyki matematycznej, znajomości pakietów statystycznych oraz wiedzy z medycyny i biologii w zakresie niezbędnym do współpracy interdyscyplinarnej w badaniach o charakterze populacyjnym. Wobec niewystarczającej kadry biostatystyków wykonania analizy statystycznej podejmują się niespecjaliści. W dobie AI model współpracy lekarz – biostatystyk może zastąpić w dużym zakresie epidemiolog posługujący się inteligentnym programem komputerowym. Sackett określa EBM jako „rozumne, jasne, celowe zastosowanie najnowszych i najbardziej rzetelnych danych naukowych w podejmowaniu decyzji” [1]. Od lekarza wymaga się wiedzy epidemiologicznej koniecznej do pisania i czytania ze zrozumieniem medycznej literatury fachowej. Pomocą są przeglądy systematyczne i metaanalizy (Biblioteka Cochrane'a).

Celem pracy jest wsparcie lekarza-epidemiologa bez znajomości i umiejętności stosowania pakietów statystycznych w zakresie statystycznego opracowania danych.

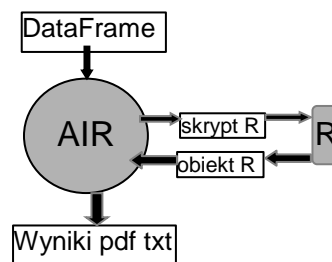
Zastosowano metody informatyczne, statystyczne, logiczne, grafy; publikowane dane kliniczne. Języki programowania java, javax.swing, R do statystycznej analizy danych, przetwarzania i wizualizacji, interfejs programowy Rcaller. Statystyczne modele liniowe, ML dla badań wielośrodkowych.

Opracowano założenia metody AI, pilotażowe oprogramowanie komputerowe w języku java. Inteligentny program AIR całkowicie zarządza działaniami R (rys. 1). AIR ma strukturę modułową: LM, GLM, KM, regresja Cox'a, model liniowy hierarchiczny, regresja logistyczna prosta i hierarchiczna, analizy wstępne, selekcja zmiennych niezależnych w modelach GLM i hierarchicznych. Jeden cykl analiz składa się z sekwencji modułów.

Istnieją różne strategie wspomagania analizy statystycznej outsourcing IT, tutoring, języki wyższego rzędu, skrypty komend (Tea, Genstat, EZR). Metody komercyjne generują koszty, powodują zależność merytoryczną i finansową od dostawcy oprogramowania, utratę nadzoru nad danymi, wymagają znajomości pakietów statystycznych. Zastosowanie metod półautomatycznych upraszcza obsługę programu statystycznego i ogranicza błędy. Pakiet R Shiny upraszcza w sposób znaczący tworzenie interaktywnej aplikacji webowej w języku R działając na zewnętrznym lub użytkownika serwerze R-studio. Przeznaczony do eksploracji danych w sposób reaktywny.

Metody AI analizy statystycznej mają przyszłość w CT, zarządzaniu służbą zdrowia, QA, HTA, EBM i w dydaktyce. Zastosowanie rodzimego projektu AIR ogranicza koszty dla kolejnych stanowisk, oprogramowanie korzysta z języków programowania open source. Potrzeby medycyny jak diagnostyka z uwzględnieniem znaczenia klinicznego jednostki chorobowej wymagają zwiększania zakresu technik statystycznych (metody bayesowskie, SEM) oraz rozwinięcia interpretacji tekstowej wyników, te wymagania przewidziano w strukturze modułowej programu.

Rysunek 1. Schemat działania AIR



### Bibliografia:

McCarthy J. What is Artificial Intelligence? 2004.

Zapf et al. Why do you need a biostatistician? BMC Medical Research Methodology 2020. DOI: 10.1186/s12874-020-0916-4

Buch VH, Ahmed I, et al. Artificial intelligence in medicine: current trends and future possibilities. Br.J GePract. 2018 Mar;68(668):143-144.DOI:10.3399/bjgp18X695213

Borkowski W, Mielniczuk H. Ontology Based Statistical Automated Inference – New Approach to Artificial Intelligence. International Journal of Statistics in Medical Research, 2012, 1:128-143.

e-mail: [mielniczuk.hanna@gmail.com](mailto:mielniczuk.hanna@gmail.com)

# Analiza różnic w wynikach porządkowej regresji logistycznej w kontekście wybranych pakietów statystycznych

Michał Michalak<sup>\*1</sup>, Ahmed Al-Imam<sup>1</sup> oraz Zuzanna Witulska<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Katedra i Zakład Informatyki i Statystyki, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu

<sup>2</sup> Wydział Psychologii i Prawa, Uniwersytet SWPS w Poznaniu

**Wprowadzenie:** Powszechnie znany model regresji logistycznej może mieć różne formy. Zmienna zależna  $Y$  może przyjmować wartości binarne, kategoryjne (wtedy mamy do czynienia z wielomianową regresją logistyczną, gdzie ilorazy szans (OR) są szacowane dla danych kategorii względem z góry określonej klasy odniesienia. Szczególnym przypadkiem jest model regresji logistycznej, gdy zmienna zależna  $Y$  jest zmienną w skali porządkowej. W pakietach statystycznych w różny sposób definiowany jest model porządkowej regresji logistycznej co prowadzi do różnych wyników. W prezentacji przedstawione będą różnice w wynikach porządkowej regresji logistycznej w kontekście wybranych pakietów statystycznych.

**Materiały i Metody:** Taki sam zestaw danych wykorzystany będzie do budowy modelu porządkowej regresji logistycznej [1, 2] wykorzystując pakiety statystyczne takie jak: STATA, SPSS, JMP, środowisko programistyczne R oraz Python. W przykładowych danych użyte będą zmienne niezależne typu ciągłego i kategoryjnego. Przetworzone zostaną różnice w definiowaniu modelu porządkowej regresji logistycznej w poszczególnych pakietach oraz jakie uzyskujemy wyniki końcowe modelu.

**Dyskusja:** W analizowanych pakietach statystycznych występują trzy różne sposoby definiowania modelu porządkowej regresji logistycznej, co powoduje różnice w uzyskanych wynikach końcowych. Odtwarzanie obliczeń opartych na tych samych danych pomiędzy pakietami wymaga albo odwrócenia sposobu interpretacji lub jest niemożliwe, co nie ma miejsca w przypadku modeli regresji logistycznej dla zmiennej zależnej  $Y$  typu binarnego lub kategoryjnego.

## Bibliografia:

- [1] A. Agresti, *Categorical Data Analysis*, 1st ed. in Wiley Series in Probability and Statistics. Wiley, 2002. doi: 10.1002/0471249688.
- [2] F. E. Harrell, *Regression modeling strategies: with applications to linear models, logistic and ordinal regression, and survival analysis*, Second edition. in Springer series in statistics. Cham Heidelberg New York: Springer, 2015.

\* e-mail: [michal@ump.edu.pl](mailto:michal@ump.edu.pl)

# Co lub kto redukuje lęk u kobiet w ciąży?

Aleksandra Ciochoń<sup>\*1,2</sup>, Dariusz P. Danel<sup>3</sup>, Andrzej Galbarczyk<sup>2</sup>, Anna Apanasewicz<sup>3</sup>,  
Magdalena Klimek<sup>2</sup>, Magdalena Mijas<sup>2</sup>, Anna Ziomkiewicz<sup>4</sup>, Urszula M. Marcinkowska<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Szkoła Doktorska Nauk Medycznych i Nauk o Zdrowiu, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Kraków

<sup>2</sup> Zakład Zdrowia i Środowiska, Instytut Zdrowia Publicznego, Wydział Nauk o Zdrowiu, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Kraków

<sup>3</sup> Zakład Antropologii, Instytut Immunologii i Terapii Doświadczalnej im. Ludwika Hirszfelda Polskiej Akademii Nauk, Wrocław

<sup>4</sup> Zakład Antropologii, Instytut Zoologii i Badań Biomedycznych, Uniwersytet Jagielloński, Kraków

**Wprowadzenie:** Ciąża związana jest z występowaniem zmian fizjologicznych, które mogą powodować zwiększone napięcie emocjonalne, szczególnie w okresie pandemii COVID-19 [1]. Zajęcia w szkole rodzenia czy wsparcie społeczne ze strony bliskich, potencjalnie zmniejszają niepokój kobiet w ciąży, przyczyniając się do prawidłowego przebiegu ciąży. Celem badania jest zbadanie związku między a) uczestnictwem w internetowych lub osobistych zajęciach przedporodowych a poziomem lęku u polskich kobiet podczas pandemii COVID-19; b) zamieszkiwaniem z członkami rodziny a poziomem lęku u ciężarnych.

**Material i metody:** Grupy badane stanowiły: a) 1774 kobiet w ciąży ( $m = 30.26$ ;  $SD = 3.76$ ). Porównano poziom lęku-stanu (STAI-State) u kobiet, które (i) uczestniczyły w zajęciach szkoły rodzenia osobiście, (ii) uczestniczyły w zajęciach online oraz (iii) nie uczestniczyły w żadnych z nich; b) 1152 kobiet w ciąży ( $m = 30.92$ ;  $SD = 3.79$ ). Porównano poziom lęku-stanu a zamieszkiwaniem z członkami rodziny. W obu przypadkach, analizy statystyczne obejmowały model GLM, kontrolując jednocześnie lęk matki jako cechę, wiek, powikłania w ciąży, trymestr ciąży, poprzednie ciążę i infekcje COVID-19. Pomiar lęku dokonano za pomocą polskiej adaptacji kwestionariusza STAI (State-Trait Anxiety Inventory). Dane zostały zebrane w ramach prospektywnego projektu naukowego „Mama w Koronie”.

**Dyskusja:** Na podstawie przeprowadzonych analiz wykazano, że: a) kobiety, które uczestniczyły osobiście w zajęciach szkoły rodzenia, miały istotnie statystycznie najniższy poziom lęku [2]; b) mieszkanie z partnerem/mężem w tym samym gospodarstwie domowym istotnie obniżało poziom lęku u kobiet w ciąży, a mieszkanie z rodzicami ciężarnej wiązało się z podwyższonym poziomem lęku. Uzyskane wyniki wskazują sposoby redukcji zwiększonego lęku u ciężarnych i mogą być istotne w tworzeniu przyszłych programów zdrowotnych.

## Bibliografia:

- [1] Lambregtse-van den Berg, M., & Quinlivan, J. A. (2023). Is COVID-19 related stress a distinct disorder? The different aspects of the impact of pandemic stress on pregnancy and child birth. *Journal of psychosomatic obstetrics and gynaecology*, 44(1), 2173418. <https://doi.org/10.1080/0167482X.2023.2173418>
- [2] Ciochoń, A., Apanasewicz, A., Danel, D. P., Galbarczyk, A., Klimek, M., Ziomkiewicz, A., & Marcinkowska, U. M. (2022). Antenatal Classes in the Context of Prenatal Anxiety and Depression during the COVID-19 Pandemic. *International journal of environmental research and public health*, 19(9), 5073. <https://doi.org/10.3390/ijerph19095073>

\* e-mail: [aleksandra.ciochon@doctoral.uj.edu.pl](mailto:aleksandra.ciochon@doctoral.uj.edu.pl)

# Potencjał publicznie dostępnych baz danych we współczesnych badaniach biomedycznych

Jan Bińkowski<sup>1</sup> oraz Tomasz K. Wojdacz<sup>\*1</sup>

<sup>1</sup> Samodzielna Pracownia Epigenetyki Klinicznej, Pomorski Uniwersytet Medyczny w Szczecinie, Szczecin

**Wprowadzenie:** Olbrzymie ilości danych „omicznych” oraz towarzyszących im metadanych zdeponowanych jest w publicznie dostępnych repozytoriach takich jak np.: Genomic Data Commons (GDC). Repozytoria te dają badaczom możliwość zarówno testowania preliminarnych hipotez badawczych, jak również walidacji wyników niezależnych badań *in silico*. W efekcie ich wykorzystanie może znacząco zmniejszyć ryzyko niepowodzenia dalszych eksperymentów jak i zwiększyć wiarygodność uzyskanych już wyników. Niestety, wykorzystanie zasobów dostępnych w ramach tych repozytoriów w większości przypadków wymaga zaawansowanych umiejętności programistycznych, wiedzy domenowej oraz odpowiedniej infrastruktury informatycznej zdolnej do przetwarzania dużych bloków danych. Wychodząc naprzeciw tym wyzwaniom i chcąc zwiększyć dostępności danych zdeponowanych w GDC stworzyliśmy wydajny interfejs w formie webowej (<https://edave.pum.edu.pl/>) oraz desktopowej umożliwiający analizę ~12 000 profili metylomu oraz transkryptomu w ponad 200 typach ludzkich tkanek zdrowych i nowotworowych.

**Materialy i Metody:** Aplikacja zapewnia narzędzia analityczne wraz z dostępem do: profili ekspresji ~60 000 transkryptów generowanych z wykorzystaniem technologii RNA-seq (Illumina) oraz profili metylacji ~4.5 - 8.5 \* 10<sup>5</sup> miejsc CpG generowanych z wykorzystaniem mikromacierzy 450K lub EPIC (Illumina). Projekt implementowany został w języku Python 3.10 z wykorzystaniem m.in. frameworków *Dash* oraz *Prefect*. Dokumentacja techniczna wraz z kodem aplikacji dostępna jest pod adresem:

<https://github.com/ClinicalEpigeneticsLaboratory/eDAVE>.

**Dyskusja:** eDAVE może znacząco zwiększyć poziom wykorzystania istniejących danych, co w efekcie przełoży się na wzrost wskaźnika sukcesu przyszłych badań epigenomicznych bądź transkryptomicznych. Jednocześnie aplikacja może być wykorzystana do walidacji wyników badań znacząco zwiększając ich wiarygodność, a co za tym idzie potencjalną aplikacyjność.

\* e-mail: [tomasz.wojdacz@pum.edu.pl](mailto:tomasz.wojdacz@pum.edu.pl)

# Złożoność rytmu serca u pacjentów po przeszczepie serca z przerostem lewej komory

Danuta Makowiec<sup>\*1</sup> oraz Joanna Wdowczyk<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Instytut Fizyki Teoretycznej i Astrofizyki, Wydział Matematyki, Fizyki i Informatyki, Uniwersytet Gdański, Gdańsk

<sup>2</sup> Pierwsza Katedra i Klinika Kardiologii, Wydział Lekarski, Gdański Uniwersytet Medyczny, Gdańsk

**Wprowadzenie:** U pacjentów po przeszczepie serca, skutek bezpośredniego odcięcia włókien nerwowych układu autonomicznego, wpływ układu autonomicznego jest upośledzony. Dlatego możemy przypuszczać, że poprzez zmienność rytmu skurczów serca możemy dostrzec inne czynniki wpływające na częstość rytmu takie jak na przykład informacje dotyczące przebudowy tkanki serca związanej z przerostem lewej komory.

**Materiały i Metody:** Aby zapewnić możliwość obserwacji dynamiki przejściowych charakterystyk rytmu, proponujemy podzielić sygnał na krótkie fragmenty – okna, a dane reprezentować jako sekwencje wzorców przyspieszeń i/lub opóźnień. Dwa rodzaje analiz są prowadzone:

- (i) wizualizacja nieliniowych wzorców dynamiki dla pełnego nocnego nagrania holterowskiego
- (ii) statystyka zmienności dynamiki sygnału przy przesuwającym oknie.

Opisane metody zostały użyte w badaniu 42 pacjentów po przeszczepie serca, którzy zostali podzieleni na grupy: lewa komora o normalnej geometrii (NG), lewa komora przebudowana koncentrycznie (CR), lewa komora z przerostową hipertrofią (H), oraz 41 sygnałów od zdrowych rówieśników (CG). Do oceny różnic międzygrupowych wykorzystano test Kruskala-Wallisa. Wnioski statystyczne zweryfikowano metodą bootstrap na poziomie istotności 70%.

**Rezultaty:** Wizualizacja dynamiki wzorca grupowego potwierdziła poważnie ograniczoną regulację autonomiczną u pacjentów po przeszczepie serca w porównaniu z CG. Natomiast wyniki analizy w oknach pokazały, że sposób, w jaki zachowują się wzorce w grupie NG różni się od tego, co zaobserwowano w grupach CR i H. Entropowe estymatory wzorców dynamicznych, które były testowane na przesuwających się oknach potrafiły wykryć / śledzić przerost lewej komory serca u stabilnych klinicznie pacjentów po przeszczepie serca.

## Bibliografia:

- [1] D. Makowiec, J. Wdowczyk and Marcin Gruchała, "Heart Rate Variability by Dynamical Patterns in Windows of Holter Electrocardiograms: A Method to Discern Left Ventricular Hypertrophy in Heart Transplant Patients Shortly after the Transplant"
- [2] BioMedInformatics 2023, 3(1), 220-251; <https://doi.org/10.3390/biomedinformatics3010015> - 01 Mar 2023

\* e-mail: [danuta.makowiec@ug.edu.pl](mailto:danuta.makowiec@ug.edu.pl)

# Wykresy U-smile współczynników RB i składowych współczynnika rekasyfikacji netto (NRI) do doboru zmiennych w klasyfikacji binarnej

Katarzyna B. Kubiak<sup>\*1</sup> oraz Barbara Więckowska<sup>1</sup>

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

**Wprowadzenie:** W zagadnieniu klasyfikacji binarnej, dodanie nowego markera do modelu referencyjnego może poprawić jego jakość. [1] Celem pracy jest porównanie dwóch metod doboru zmiennych, tj. współczynników RB oraz współczynnika rekasyfikacji netto (NRI), przedstawionych na wykresach U-smile.

**Materiały i Metody:** Współczynniki RB wyrażają ilościowo poprawę i pogorszenie klasyfikacji osobno dla grup zdrowych i chorych, a składowe NRI wyrażają proporcje osób zdrowych i chorych z poprawą i pogorszeniem klasyfikacji. Przedstawione graficznie w odpowiedniej kolejności generują wykres U-smile, który wizualizuje efekt dodania nowego markera. Wykorzystałyśmy Heart Disease Dataset [2] oraz wygenerowałyśmy dane z zadanych rozkładów prawdopodobieństwa. Zbudowałyśmy referencyjny model regresji logistycznej, do którego dodawałyśmy pojedynczo nowe markery. Dla każdego nowego modelu wykreśliłyśmy wykresy U-smile dla współczynników RB i składowych NRI. Dodatkowo porównałyśmy model referencyjny z każdym z nowych modeli testem ilorazu wiarygodności (poziom istotności 0.05).

**Dyskusja:** Uzyskałyśmy pełną zgodność między współczynnikami RB a testem ilorazu wiarygodności oraz częściową niezgodność między NRI a testem ilorazu wiarygodności. W przeciwieństwie do współczynników RB, NRI dał wyniki zarówno fałszywie dodatnie, jak i fałszywie ujemne. Interpretacja kształtu wykresu U-smile jest prosta i intuicyjna oraz umożliwia wydajną identyfikację tych markerów, które w największym stopniu poprawiają klasyfikację.

## Bibliografia:

- [1] E. W. Steyerberg *et al.*, “Assessing the Performance of Prediction Models: A Framework for Traditional and Novel Measures,” *Epidemiology*, vol. 21, no. 1, pp. 128–138, Jan. 2010, doi: 10.1097/EDE.0b013e3181c30fb2.
- [2] R. Detrano *et al.*, “International application of a new probability algorithm for the diagnosis of coronary artery disease,” *The American Journal of Cardiology*, vol. 64, no. 5, pp. 304–310, Aug. 1989, doi: 10.1016/0002-9149(89)90524-9.

\* e-mail: [kbkubiak45@gmail.com](mailto:kbkubiak45@gmail.com)

# Procentowe wagi dla współczynników RB – prezentacja graficzna na wykresach U-smile

Barbara Więckowska<sup>\*1</sup>, Katarzyna B. Kubiak<sup>1</sup>

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

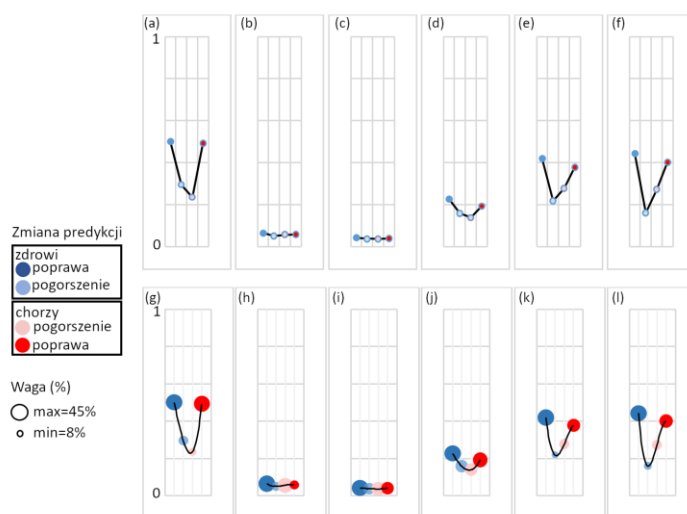
**Wprowadzenie:** Dobór zmiennych do budowy binarnych modeli predykcyjnych można oprzeć na interpretacji graficznej. Celem tej pracy jest przedstawienie możliwości dodania wag do punktów wykresu U-smile.

**Materiały i Metody:** Współczynniki RB przedstawiane na wykresach U-smile mierzą zmianę wielkości reszt modelu aktualnego w stosunku do modelu referencyjnego. Dla przykładowego zestawu danych dotyczących występowania choroby niedokrwiennej serca budowaliśmy i porównywaliśmy ze sobą modele regresji logistycznej przedstawiając wyniki na wykresach U-smile. Analizy wykonaliśmy w oparciu o dane dotyczące 330 pacjentów pozyskane z Heart Disease dataset. [1-2] Do modelu referencyjnego dodawaliśmy pojedyncze zmienne opisane na wykresie (Rysunek 1). Zaproponowaliśmy by wagi przedstawiać za pomocą wielkości punktów tego wykresu. Istotność statystyczną dla porównania modelu referencyjnego z aktualnym badaliśmy testem ilorazu wiarygodności przyjmując standardowy poziom istotności 0.05.

Zaproponowaliśmy procentowe wagi wyliczane jako stosunek liczby dokonanych zmian do licznosci próby dla dwóch podgrup osób zdrowych: z poprawą i z pogorszeniem klasyfikacji i odpowiednio dwóch podgrup osób chorych. Ponadto pokazaliśmy, że odpowiednia zmiana wag daje możliwość sprowadzenia współczynników RB do Brier Skill Score [3].

**Dyskusja:** Wykresy U-smile mają prostą postać i bez zbędnego skomplikowania ich interpretacji mogą zostać rozbudowane o wagi. Uzyskane wykresy przedstawiają wyraźne „uśmiech” dla modeli rozszerzonych o ból w klatce piersiowej, tętno, dusznicę wysiłkową i depresję odcinka ST. Ponadto widzimy, że poprawa predykcji w tych przypadkach dotyczy wielu osób co obrazuje duży rozmiar skrajnych punktów (duże wagi). Wyniki te są zgodne z wynikami testu ilorazu wiarygodności.

Rysunek 1. Wykresy U-smile przedstawiające współczynniki RB dla czterech podgrup pacjentów. Panel górny (a) – (f) to współczynniki nieważone, dolny (g) – (l) współczynniki ważone przedstawiające procent osób w danej grupie. Poszczególne podgrupy pacjentów są oznaczone kolorami.



(a) i (g) ból w klatce piersiowej#, (b) i (h) glukoza, (c) i (i) EKG,  
(d) i (j) tętno #, (e) i (k) dusznica wysiłkowa#, (f) i (l) depresja odcinka ST#  
#istotność statystyczna w teście ilorazu wiarygodności



## Bibliografia:

Janosi A, Steinbrunn W, Pfisterer M, Detrano R. Heart Disease. UCI Machine Learning Repository, 1988. <https://doi.org/10.24432/C52P4X>.

Detrano R, Janosi A, Steinbrunn W, et al. International application of a new probability algorithm for the diagnosis of coronary artery disease. *Am J Cardiol* 1989;64:304–310. doi: 10.1016/0002-9149(89)90524-9

Brier GW. Verification of forecasts expressed in terms of probability. *Mon Weather Rev* 1950;78:1–3. [https://doi.org/10.1175/1520-0493\(1950\)078<0001:VOFEIT>2.0.CO;2](https://doi.org/10.1175/1520-0493(1950)078<0001:VOFEIT>2.0.CO;2)

\* e-mail: [bbwieckowska@gmail.com](mailto:bbwieckowska@gmail.com)

# Dyskretny model SIS oparty na schemacie ściśle dodatnim

Marcin Choiński<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instytut Informatyki Technicznej, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa

**Wprowadzenie:** Celem badań była analiza dyskretnego modelu SIS (susceptible-infected-susceptible), który powstał w wyniku dyskretyzacji jego ciągłego odpowiednika. Do dyskretyzacji użyto schematu ściśle dodatniego, który pozwala na uzyskanie bezwarunkowej dodatniości zmiennych modelu (liczebności osób zdrowych i zainfekowanych). Wyniki badań opublikowano w [1].

**Materiały i Metody:** Przenalizowano układ

$$x_{n+1} = \frac{x_n + hC + h y_n}{1 + h(y_n + \mu)}, \quad y_{n+1} = \frac{y_n(1 + h x_n)}{1 + h(\alpha + \mu + 1)},$$

gdzie  $x_n$  i  $y_n$  są gęstościami osób zdrowych i zainfekowanych w  $n$ -tym momencie siatki czasu,  $C$  jest gęstością osobników napływających do populacji,  $\mu$  i  $\alpha$  są współczynnikami odpowiednio śmiertelności naturalnej i z powodu choroby,  $h$  – krokiem dyskretyzacji. Wskazano istniejące w układzie stany stacjonarne układu: wolny od epidemii ( $E_{df}$  – od disease-free) oraz endemiczny ( $E_e$ ). Zbadano ich stabilność. W tym celu skorzystano z wartości własnych odpowiednich macierzy Jacobiego. Wyniki przedstawiono w kontekście współczynników odnowienia choroby  $R_0$ .

**Dyskusja:** Okazuje, że stan  $E_{df}$  jest lokalnie stabilny dla  $R_0 < 1$ , i jest niestabilny dla  $R_0 > 1$ . Stan  $E_e$  jest lokalnie stabilny dla  $R_0 > 1$ . Ten sam wynik uzyskano dla odpowiedniego modelu ciągłego. Stwierdzamy zatem, że modele oparte na schemacie ściśle dodatnim są bardziej odpowiednie do modelowania dynamiki epidemii.

Bibliografia:

[1] M. Choiński, “A discrete SIS-model built on the strictly positive scheme”, *Applicable Algebra in Engineering, Communication and Computing*, 2023, doi: 10.1007/s00200-023-00607-5.

e-mail: [marcin\\_choinski@sggw.edu.pl](mailto:marcin_choinski@sggw.edu.pl)

# Statystyka, której nie widać w publikacjach

Elżbieta Chełmecka<sup>◆1</sup>, Marcin Tomsia<sup>2</sup>, Aleksandra Zorychta<sup>1</sup>, Halla Kamińska<sup>3</sup>, Sebastian Seget<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Zakład Statystyki Medycznej, Wydział Nauk Farmaceutycznych w Sosnowcu, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, ul. Ostrogórska 30, 41-200 Sosnowiec

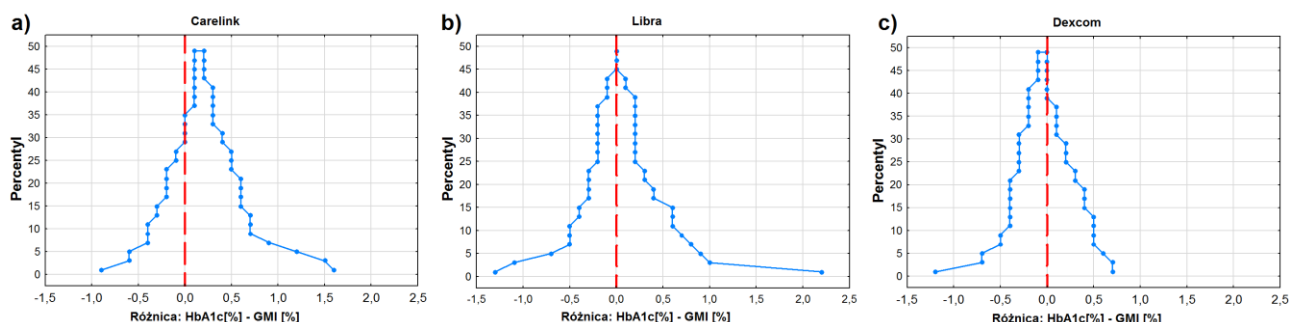
<sup>2</sup> Katedra i Zakład Medycyny Sądowo-Lekarskiej, Wydział Nauk Medycznych w Katowicach, ul. Medyków 18, 40-752 Katowice

<sup>3</sup> Klinika Diabetologii Dziecięcej i Pediatrii, Wydział Nauk Medycznych w Katowicach, ul. Medyków 18, 40-752 Katowice

Co wspólnego mają ze sobą metody oznaczania substancji *post mortem* w chrząstkach żebrowych (\*), oznaczenia ciągłego monitorowania glikemii u osób z cukrzycą (\*\*) oraz symulacje kwantowo-chemiczne dla molekuł aktywnych biologicznie (\*\*\*)?

We wszystkich badaniach naukowych zadajemy sobie następujące pytania: która metoda/sprzęt/baza jest najlepsza? Jaką metodologię stosować aby zoptymalizować swoje analizy. Najczęściej w tych badaniach można zastosować porównania ze złotym środkiem. W rozważanych przypadkach są to odpowiednio: oznaczenia stężeń substancji z krwi (\*), badania pozyskane z certyfikowanego laboratorium analitycznego GMI (\*\*) oraz dane eksperymentalne np. krystalograficzne, widma IR, Ramana NMR (\*\*\*).

Do porównania metod w pierwszej kolejności stosuje się metodę regresji liniowej, niestety nie zawsze dającą odpowiedź, która z analizowanych metod jest lepsza. Kolejno porównuje się dane za pomocą regresji Passinga-Bablocka, wykresów Blanda-Altmana czy też wykresów górzkowych. Na przykładzie stężenia HbA1c zostanie zaprezentowany tok myślenia podczas oceny jakości ciągłych monitoringu glikemii – Rycina 1.



Rycina 1. Wykresy górkowe (mountain plot) dla wartości GMI uzyskanych za pomocą ciągłych monitoringu glikemii : a) Carelink, b) Libra, c) Dexcom względem wartości referencyjnych HbA1c [%] (\*\*).

Pokazane zostanie również, do czego chemikom i innym teoretykom służy regresja liniowa oraz dlaczego konieczne jest przeprowadzanie skalowania uzyskanych wyników.

## Bibliografia:

(\*) Tomsia M, Nowicka J, Skowronek R, Woś M, Wójcik J, Drożdżiak K, Zorychta M, Javan Gulnaz T, Chełmecka E. *A comparative study of ethanol concentration in costal cartilage in relation to blood and urine*. Processes 2020: Vol.8, No.12, p.1-10

(\*\*\*) Chełmecka E, Pasterny K, Gawlik-Jędrusiak M, Szeja W, Wrzalik R. *Theoretical and experimental studies on methyl  $\alpha$ -D-glucopyranoside derivatives*. J. Mol. Struct. 834-836, 2007, 498-507.

◆ e-mail: [echelmecka@sum.edu.pl](mailto:echelmecka@sum.edu.pl)

## Podziękowania:

Praca została zrealizowana dzięki środkom finansowym Śląskiego Uniwersytetu Medycznego w Katowicach w ramach projektu badawczego nr PCN-1-068/N/2/Z

# Sieci współchorobowości

Anna Chmiel<sup>\*1</sup> oraz Magdalena Ozimek<sup>1</sup>

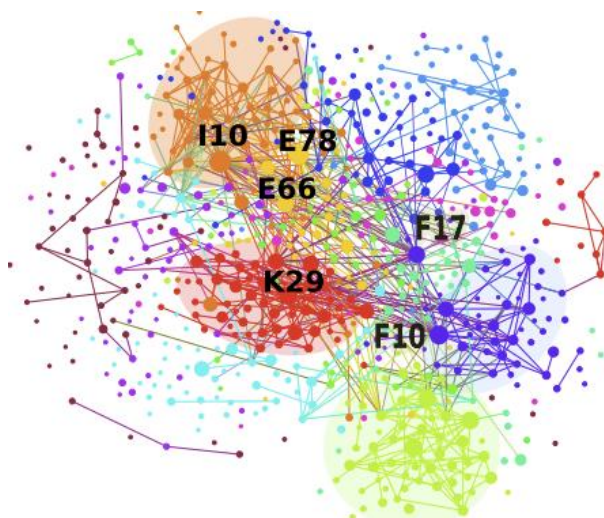
<sup>1</sup> Wydział Fizyki, Politechnika Warszawska, Warszawa

**Wprowadzenie:** Problem wielochorobowości pojawił wraz z wydłużeniem średniego czasu życia. Pandemia SARS-CoV-2 uwidoczniła, jak bardzo potrzebne są badania nad współchorobowością, która wpływa na przebieg zachorowania. Celem badań jest porównanie właściwości sieci współchorobowości przed i w trakcie pandemii SARS-CoV-2.

**Materiały i Metody.** W sieciach współchorobowości, węzłami są choroby (kody ICD10), a połączenie tworzone jest, jeżeli dwie choroby występuje u jednego pacjenta; waga połączenia to ilość pacjentów, którzy chorują na dane dwie choroby (Rys. 1). W pracy [1], dzięki dostępności danych medycznych pochodzących od 8 milionów austriackich pacjentów, stworzyłam dwupoziomą sieć chorób, która przechodziła silne zmiany strukturalne wraz ze zmianą wieku pacjentów. Dla polskich pacjentów badania opierały się o dwa zbiory danych z kart zgonów z lat 2013 i 2021. Zbiory mają jednak pewien mankament: dotyczą jedynie osób zmarłych.

**Dyskusja:** Dane pozwalają jednak na pokazanie, jak zmieniły się powiązania pomiędzy chorobami pod wpływem SARS-CoV-2. Korzystając z wagi połączeń, można wyliczyć wartości RR (ang. *Relative Risk*) oraz współczynnik phi [2], które pokazują relacje między chorobami niezależnie od częstości wystąpienia choroby.

Rysunek 1. Sieci współchorobowości mężczyzn w wieku 40-48 lat, pacjenci z Austrii, choroby oznaczone kodem ICD10 [1].



## Bibliografia:

- [1] A. Chmiel, P. Klimek, S. Thurner “*Spreading of diseases through comorbidity networks across life and gender*” *New Journal of Physics* 16, 115013 (2014) doi: 10.1088/1367-2630/16/11/115013
- [2] B. Monchka, C. Leung, N. Nickel, L. Lix, “*The effect of disease co-occurrence measurement on multimorbidity networks: a population-based study*” *BMC Medical Research Methodology* (2022) 22:165 doi:10.1186/s12874-022-01607-8

\* e-mail: [anna.chmiel@pw.edu.pl](mailto:anna.chmiel@pw.edu.pl)

# Metody uczenia maszynowego w oparciu o entropie z serii monotonicznych i pRR30 do detekcji migotania przedsionków

Bartosz Biczuk<sup>\*1,2</sup>, Szymon Buś<sup>3</sup>, Przemysław Guzik<sup>4</sup>, Jarosław Piskorski<sup>1</sup> oraz Sebastian Żurek<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instytut Fizyki, Uniwersytet Zielonogórski, Zielona Góra

<sup>2</sup> Szkoła Doktorska Nauk Ścisłych i Technicznych Uniwersytetu Zielonogórskiego, Zielona Góra

<sup>3</sup> Instytut Układów Elektronicznych, Politechnika Warszawska, Warszawa

<sup>4</sup> Wydział Kardiologii i Intensywnej Terapii, Poznański Uniwersytet Nauk Medycznych, Poznań

**Wprowadzenie:** Migotanie przedsionków (AF) to częsta arytmia serca, która dotyka miliony ludzi na całym świecie. Wczesne wykrycie AF jest kluczowe dla zapobiegania udarom mózgu i innym powikłań. W tej pracy badamy wykorzystanie metryk pRR30, pRR3.25% oraz miar entropii z serii monotonicznych do wykrywania AF.

**Materiały i Metody:** Pozyskaliśmy odstępy RR z 60-sekundowych segmentów elektrokardiogramu (ECG) z publicznie dostępnej bazy danych Physionet Long-Term Atrial Fibrillation Database (LTAfDB). Oceniamy skuteczność metryk pRR30 i pRR3.25% oraz miar entropii w rozróżnianiu między normalnym rytmem zatokowym a AF korzystając z wybranych algorytmów klasyfikacyjnych uczenia maszynowego.

**Dyskusja:** Stwierdziliśmy, że modele uczenia maszynowego, szczególnie XGBoost, zbudowane na podstawie cech pRR30, pRR3.25% i miar entropii mogą przewyższyć istniejącą metodę wykrywania AF, ale kosztem zwiększenia liczby przypadków fałszywie negatywnych. Nasze wyniki pokazują, że neutralne serie są odwrotnie skorelowane z pRR3.25%. Nasze badanie podkreśla znaczenie uwzględnienia neutralnych serii w modelach wykrywania AF oraz dostarcza dowodów na skuteczność metryki pRR3.25% i miar entropii w identyfikacji AF.

Cecha/Model	Regresja logistyczna	KRR	XGB	ADA	Random forest
pRR30	0.9277	0.9302	0.9327	0.9309	0.9359
pRR3.25%	0.9513	0.9542	0.9556	0.9559	0.9536
pRR30,pRR3.25%	0.955	0.956	0.9582	0.9569	0.9539
pRR30,pRR3.25%,HNR	0.9537	0.9561	0.9579	0.9565	0.9531
pRR30,pRR3.25%,H	0.9577	0.9636	0.9727	0.9699	0.9708

Tabela 1. Wyniki precyzji (accuracy) dla wybranych modeli zbudowanych z cech pRR30, pRR2.25%, całkowitej entropii (H) oraz entropii z serii neutralnych (HNR). Modele były testowane na zbiorze 21,063 nagrań.

\* e-mail: [bbiczuk@gmail.com](mailto:bbiczuk@gmail.com)

## Sesja plakatowa – streszczenia:

Autor	Tytuł	Str.
Agnieszka Micek	Wpływ antocyjanów zawartych w 100% sokach owocowych na poziom cholesterolu całkowitego: meta-regresja randomizowanych kontrolowanych badań klinicznych	23
Agnieszka Micek	Lignany i fitosterole a bakterie immunostymulujące i ryzyko zachorowania na COVID-19	24
Izabela Miechowicz	Uciążliwe powiązanie wśród niezależnych zmiennych – jak sobie z nim radzić?	26
Łukasz Ledziński	Predykcja rehospitalizacji w grupie pacjentów z niewydolnością serca	27
Piotr Choręza	Czy Polki zaczęły się badać? Nowotwory ginekologiczne w Polsce w latach 2015-2021	28
Grażyna Greczka	Zastosowanie współczynnika alfa Cronbacha oraz McDonalda w ocenie jakości życia u pacjentów z przewlekłym zapaleniem ucha środkowego za pomocą zwalidowanego kwestionariusza COMQ-12	30
Renata Paprocka	Modelowanie aktywności przeciwbakteryjnej nowych pochodnych amidrazonów	31
Elżbieta Chelmecka	Wpływ pandemii COVID-19 na higienę skóry, stosowanie środków ochrony osobistej i środków do dezynfekcji – badania ankietowe	32
Michał M. Skoczylas	Alfa-Cronbacha w badaniach śledzonym w stanach chorobowych	33
Jan Jurkowski	Badania zdolności klasyfikacyjnej modelu rzeczywistych sieci neuronowych	34
Małgorzata Wiese	Heterogeniczność cytotoksyczności indukowanej cisplatyną linii komórek nowotworowych A2780, A549, MCF-7, HepG2 i HeLa	35
Małgorzata Ćwiklińska-Jurkowska	Modelowanie efektywności rozpoznawania nowotworów fuzjami selekcji genów i łączeniem metod „ <i>machine learning</i> ” oraz poszukiwanie jej czynników	36
Bogumiła Kupcewicz	PCA, ASCA i PLS-DA w analizie danych lipido- i metabolomicznych	38
Natalia Piekus-Słomka	Modelowanie zależności typu QSPR na przykładzie współczynnika podziału oktanol-woda pochodnych stilbenu	39
Paweł Kotecki	Wpływ parametrów meteorologicznych i zmian sezonowych na zgłaszalność pacjentów z wybranymi chorobami układu sercowo-naczyniowego do szpitalnych oddziałów ratunkowych – badanie pilotażowe	40

# Wpływ antocyjanów zawartych w 100% sokach owocowych na poziom cholesterolu całkowitego: meta-regresja randomizowanych kontrolowanych badań klinicznych

Agnieszka Micek<sup>\*1</sup>, Walter Currenti<sup>2</sup>, Cristiana Mignogna<sup>3</sup>, Alice Rosi<sup>3</sup>, Ignazio Barbagallo<sup>2</sup>, Ali A. Alshatwi<sup>4</sup>, Daniele Del Rio<sup>3</sup>, Pedro Mena<sup>3</sup> oraz Justyna Godos<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Pracownia Statystyczna Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum, Kraków, Polska

<sup>2</sup> Katedra Nauk Biomedycznych i Biotechnologicznych Uniwersytet w Katanii, Katania, Włochy

<sup>3</sup> Zakład Żywienia Człowieka, Katedra Żywności i Leków, Uniwersytet w Parmie, Parma, Włochy

<sup>4</sup> Katedra Nauk o Żywności i Żywieniu, Instytut Nauk o Żywności i Rolnictwie, Uniwersytet Króla Sauda, Rijad, Arabia Saudyjska

**Wprowadzenie:** Jednym z kluczowych źródeł flawonoidów w diecie są owoce, których codzienne zwiększenie spożycia o 100 g, zgodnie z wynikami niedawnej metaanalizy, zmniejsza ryzyko chorób sercowo-naczyniowych o 10%. Spożywanie 100% soków owocowych jest ogólnie uważane za wybór drugiej linii w porównaniu ze świeżymi owocami, głównie z powodu utraty błonnika podczas wyciskania soku z owoców i obecności wolnych cukrów prostych. Jednak, głównym źródłem błonnika pokarmowego w diecie nie są owoce, ale inne produkty, takie jak produkty pełnoziarniste, tak więc inne niż błonnik pokarmowy składniki owoców mogą odgrywać rolę w zapobieganiu CVD. Nie ma danych na temat potencjalnych składników 100% soków owocowych, które mogłyby działać protekcyjnie lub przynajmniej równoważyć obecność wolnych cukrów. Celem badania była ocena wpływu antocyjanów zawartych w 100% sokach owocowych na poziom cholesterolu całkowitego we krwi.

**Materiały i Metody:** Meta-analiza średnich różnic (MD) zmian przed-po między dwiema grupami interwencyjnymi (sok vs. kontrola), model efektów losowych. Harmonizacja z estymatorem DerSimon'a i Laird'a wariacji międzygrupowej. Heterogeniczność oceniona za pomocą statystyki I<sup>2</sup> i testu Q Cochran. Efekt małych badań (publication bias) weryfikowany poprzez ocenę asymetrii wykresów lejkowych oraz testem Egger'a. Meta-regresja z dziennym spożyciem antocyjanów w soku jako moderatorem związku między interwencją a pomiarem cholesterolu. Zbadano istotność i znak współczynnika nachylenia linii regresji, aby pokazać kierunek i siłę zależności dawka-odpowiedź. Uwzględniono 18 porównań z RCTs z badań równoległych (parallel) i 10 naprzemianległych (cross-over).

**Dyskusja:** Niezależnie od dawki antocyjanów spożywanych z sokiem, interwencja miała istotny wpływ na obniżenie poziomu cholesterolu całkowitego (MD = -4,62, 95% CI: -8,51, -0,72, p = 0,020). Każdemu zwiększeniu zawartości antocyjanów o 100 mg/dzień w sokach towarzyszył spadek stężenia cholesterolu całkowitego o 1,53 mg/dl (95% CI: -2,83, -0,22, p = 0,022 na  $\Delta$ anth = +0,1 g/dzień). Silniejszy efekt odnotowano u osób z wysokim ryzykiem CVD. Antocyjany mogą pośredniczyć w korzystnym efekcie 100% soków owocowych w kierunku obniżania poziomu cholesterolu we krwi. Zaleca się, aby w przyszłych RCT mierzyć i podawać zawartość antocyjanów w 100% soków owocowych, aby dostarczyć dalszych danych do meta-analiz.

\* e-mail: [agnieszka.micek@uj.edu.pl](mailto:agnieszka.micek@uj.edu.pl)

# Lignany i fitosterole a bakterie immunostymulujące i ryzyko zachorowania na COVID-19

Agnieszka Micek<sup>\*1</sup>, Izabela Bolesławska<sup>2</sup>, Paweł Jagielski<sup>3</sup>, Kamil Konopka<sup>4</sup>, Anna Waśkiewicz<sup>5</sup>,  
Anna Maria Witkowska<sup>6</sup>, Juliusz Przysławski<sup>2</sup>, Justyna Godos<sup>7</sup>

<sup>1</sup> Pracownia Statystyczna, Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum

<sup>2</sup> Katedra Bromatologii Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu

<sup>3</sup> Zakład Badań nad Żywieniem i Lekami Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum

<sup>4</sup> Katedra Onkologii Uniwersytet Jagielloński Collegium Medicum

<sup>5</sup> Zakład Epidemiologii, Prewencji Chorób Układu Krążenia i Promocji Zdrowia Narodowy Instytut Kardiologii

<sup>6</sup> Zakład Biotechnologii Żywności Uniwersytet Medyczny w Białymstoku

<sup>7</sup> Katedra Nauk Biomedycznych i Biotechnologicznych Uniwersytet w Katanii

**Wprowadzenie:** Modyfikowalne czynniki ryzyka, w tym odpowiednia dieta, wspomagając odporność wirusową człowieka, mogą mieć zasadnicze znaczenie w zapobieganiu chorobom grypowym. Istnieje coraz więcej dowodów na rekomendowanie diet roślinnych jako alternatywnej, skutecznej i bezpiecznej strategii zapobiegania infekcjom. Wykazano, że związki o działaniu przeciwutleniającym i przeciwzapalnym zawarte w diecie, takie jak polifenole i fitosterole, mają właściwości przeciwwirusowe i wzmacniające odporność. Jednakże badania w grupie młodych osób dorosłych, bez otyłości i chorób współistniejących są nieliczne. Cel: Ocena związku pomiędzy spożyciem polifenoli i steroli roślinnych a immunomodulującą mikroflorą jelitową, *Enterococcus* spp. i *Escherichia coli*, oraz ryzykiem zachorowania na COVID-19 wśród osób w wieku 25-45 lat.

**Metodologia:** Rekrutację rozpoczęto w 2020 r. Podczas obserwacji odzwierciedlającej typowy tydzień życia, uczestnicy za pomocą zegarka Polar M430 mierzyli m.in. swoją aktywność fizyczną oraz prowadzili zapisy dotyczące diety. Pobrano próbki kału do badań mikrobiomu jelitowego, zarejestrowano parametry składu ciała, antropometryczne i socjodemograficzne. W czerwcu 2021 r. przeprowadzono wywiad dotyczący zachorowalności i przebiegu COVID-19. Program Dieta 6.0 został użyty do określenia zawartości poszczególnych składników w spożywanych pokarmach. Spożycie polifenoli oceniono głównie w analizie laboratoryjnej, zaś steroli roślinnych i lignanów na podstawie dostępnych baz danych.

**Materialy i Metody:** Spożycie fitochemikaliów podzielono na grupy wyznaczone przez rozkład tercyłowy. Użyto regresji logistycznej wielu zmiennych do zbadania związku pomiędzy konsumpcją fitosteroli i lignanów w zwyczajowej diecie a ryzykiem zachorowania na COVID-19 oraz obecności w kale bakterii ochronnych, immunostymulujących, *Enterococcus* spp. i *Escherichia coli*, w zakresie poniżej normy ( $<10^6$  CFU/g). W konstruowanych modelach uwzględniono liczne zmienne potencjalnie mogące zakłócać badany związek.

**Dyskusja:** Do analiz włączono 95 osób, spośród których 24 miało potwierdzone rozpoznanie choroby COVID-19. Dieta najbogatsza w określone fitochemikalia zmniejszyła prawdopodobieństwo zachorowania na COVID-19 o około 90%, 84% i 88% w porównaniu z dietą najuboższą w te związki (OR = 0,10, 95% CI: 0,02-0,46 dla secoisolariciresinolu, OR = 0,16, 95% CI: 0,03-0,76 dla fitosteroli ogółem i OR = 0,12, 95% CI: 0,02-0,54 dla stigmasterolu). Trend spadkowy w występowaniu nieprawidłowych wartości *Enterococcus* spp. odnotowano w kolejnych



kategoriach tercylowych wszystkich polifenoli i wszystkich rodzajów lignanów z wyjątkiem sekoizolaricirezynolu. W przypadku *Escherichia coli* zaobserwowano tendencję do analogicznych trendów pomiędzy grupami fitosteroli, aczkolwiek różnice nie były istotne statystycznie. Dieta bogata w fitosterole i polifenole, w tym lignany, może pomóc zmniejszyć ryzyko zachorowania na COVID-19. Wysokie spożycie kilku ich przedstawicieli, a mianowicie  $\beta$ -sitosterolu i lariciresinolu, może być dodatkowo związane z obecnością na odpowiednim poziomie niektórych szczepów gatunków bakterii komensalnych, takich jak *Escherichia coli* i *Enterococcus spp.* które wspierają układ odpornościowy.

\* e-mail: [agnieszka.micek@uj.edu.pl](mailto:agnieszka.micek@uj.edu.pl)

# Uciążliwe powiązanie wśród niezależnych zmiennych – jak sobie z nim radzić?

Izabela Miechowicz<sup>\*1</sup>, Zofia Kolesińska<sup>2,3</sup>, Anna Sowińska<sup>1</sup>, Aleksandra Chodecka<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Katedra i Zakład Informatyki i Statystyki, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego, Poznań

<sup>2</sup> Klinika Endokrynologii i Reumatologii Dziecięcej, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego, Poznań

<sup>3</sup> Szpital Kliniczny im. Karola Jonschera, Poznań

**Wprowadzenie:** Inspiracją przeprowadzenia badania było poszukiwanie różnic w percepcji wzrokowej kobiet i mężczyzn. Istnienie powiązań pomiędzy danymi, wynikającymi z oceny przez 1 osobę kilku zdjęć było przyczyną poszukiwania metody, która nie tylko pozwoli odpowiedzieć na postawione pytanie badawcze, ale również będzie prosta w interpretacji, przez co zrozumiała dla osób, które nie mają doświadczenia w zakresie statystyki.

**Materialy i Metody:** W badaniu wzięły udział 22 osoby: 11 kobiet i 11 mężczyzn. Eksperyment składał się z trzech zadań: swobodnego oglądania, określenia płci prezentowanego zdjęcia oraz oceny atrakcyjności. Każdemu z uczestników badania zaprezentowano 10 zdjęć twarzy pozbawionych atrybutów cech płciowych: 5 żeńskich i 5 męskich. Zainteresowaniem objęto 2 obszary zainteresowań: zewnętrzny (czoło, policzki, broda) i wewnętrzny (oczy, nos i usta). Przeanalizowano szereg parametrów skanowania wizualnego. Dodatkowo dla zadania 1 i 2 analizowano czas trwania wyświetlanych bodźców. W celu zbadania czy istnieją różnice w percepcji wzrokowej kobiet i mężczyzn, z powodu braku zgodności z rozkładem normalnym, obliczono test Manna-Whitneya. Metoda ta nie pozwala jednak na uwzględnienie powiązań wśród danych, wynikających z tego, iż każde 10 zdjęć było oceniane przez tę samą osobę, w charakterystyczny dla niej sposób. Dlatego też, pomimo braku spełnienia założeń, zastosowano hierarchiczną analizę wariancji [1] w celu sprawdzenia czy wnioski z pierwotnych analiz ulegną zmianie, po uwzględnieniu dodatkowego czynnika jakim jest dany obserwator. Badanie przeprowadzono przy użyciu eyetrackera SMI RED250 z oprogramowaniem iMotions 8.1. Analizy statystyczne zostały wykonane przy użyciu programu Statistica 13 firmy TIBCO.

**Dyskusja:** Hierarchiczna analiza wariancji jest łatwą w interpretacji metodą, która może znaleźć zastosowanie w rozwiązaniu zagadnień związanych z wystąpieniem powiązania wśród niezależnych zmiennych. Jako metoda parametryczna posiada jednak określone założenia, m. in. normalność rozkładu i równość wariancji. Dodatkowo wewnątrz danej grupy musi być równa liczba zagnieżdżonych obiektów. Przeprowadzone analizy dowiodły, że istnieją różnice w percepcji pomiędzy kobietami i mężczyznami. Weryfikacja pierwotnych wniosków przy użyciu hierarchicznej analizy wariancji doprowadziła do ich zmiany, co dowodzi konieczności uwzględniania istniejących powiązań pomiędzy zmiennymi. Jednakże, ponieważ metoda została zastosowana przy braku spełnienia podstawowych założeń, wnioski należy potraktować jako wstępne. Zasadne zatem jest poszukiwanie metod służących rozwiązaniu tego typu problemów, które nie tylko będą poprawne merytorycznie ale przede wszystkim łatwe w interpretacji.

Bibliografia:

[1] A. Stanisławski, Przystępny kurs statystyki z zastosowaniem STATISTICA PL na przykładach z medycyny, tom 2, Kraków, 2007.

\* e-mail: [iza@ump.edu.pl](mailto:iza@ump.edu.pl)

# Predykcja rehospitalizacji w grupie pacjentów z niewydolnością serca

Łukasz Ledziński<sup>\*1</sup>, Grzegorz Grzešek<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Katedra Kardiologii i Farmakologii Klinicznej, Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy  
Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Bydgoszcz

**Wprowadzenie:** Niewydolność serca wiąże się z wysokim ryzykiem powtarzających się hospitalizacji oraz znacznymi kosztami opieki zdrowotnej. W kontekście poprawy opieki nad pacjentami oraz efektywnego wykorzystania zasobów medycznych, kluczowym celem tego badania jest skonstruowanie modelu przewidującego ponowną hospitalizację pacjentów z niewydolnością serca. Dodatkowo, dąży się do identyfikacji istotnych cech, które przyczyniają się do tego procesu, aby umożliwić ukierunkowane i spersonalizowane działania medyczne.

**Materiały i Metody:** W badaniu wykorzystano algorytm XGBoost, jako wysoce efektywną metodę gradient boosting, umożliwiającą tworzenie modeli predykcyjnych poprzez sekwencyjne uczące się klasyfikatory. W celu radzenia sobie z nierównomiernością klas, zastosowano technikę oversamplingu ADASYN. Ta metoda pozwoliła na generowanie sztucznych przykładów z mniejszej klasy, co skutkowało uzyskaniem zrównoważonego zbioru danych treningowych. W procesie inżynierii cech wykorzystano techniki łączenia i agregacji różnych zmiennych, co pozwoliło na stworzenie bardziej kompleksowych profili pacjentów. Optymalizację hiperparametrów algorytmu XGBoost przeprowadzono wykorzystując narzędzie Hyperopt. W celu oceny wydajności modelu i uniknięcia przetrenowania, zastosowano walidację krzyżową StratifiedGroupKFold, uwzględniającą zależności grupowe w danych. Dodatkowo, dla poprawy interpretowalności modelu, przeprowadzono selekcję cech wykorzystując wartości Shapley'a. Pozwoliło to zidentyfikować istotne cechy, które miały największy wpływ na prognozowaną rehospitalizację.

**Dyskusja:** Otrzymane wyniki modelu wykazują obiecującą zdolność do przewidywania rehospitalizacji pacjentów z niewydolnością serca, czego dowodem są miary jakości: AUC=0,66, F1,5=0,77, precyzja=0,63, czułość=0,89 oraz dokładność=0,67. Identyfikacja istotnych cech w przypadkach pozwala na spersonalizowane interwencje i optymalizację strategii leczenia, potencjalnie przyczyniając się do ograniczenia rehospitalizacji. Implikacje ekonomiczne związane z redukcją rehospitalizacji sugerują potencjał poprawy efektywności oddziałów kardiologicznych. Współczesne wyzwania obejmują dalszą optymalizację modelu dla lepszych prognoz oraz rozszerzenie próby pacjentów w celu uzyskania bardziej reprezentatywnych wyników. Uzyskane rezultaty stanowią solidny fundament dla przyszłych badań, podkreślając perspektywy uczenia maszynowego w doskonaleniu strategii zarządzania niewydolnością serca.

\* e-mail: [503345@doktorant.umk.pl](mailto:503345@doktorant.umk.pl)

# Czy Polki zaczęły się badać?

## Nowotwory ginekologiczne w Polsce w latach 2015-2021

Piotr Choreża<sup>\*1</sup>, Aleksander J. Owczarek<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Zakład Statystyki Medycznej, Wydział Nauk Farmaceutycznych w Sosnowcu Śląskiego Uniwersytetu Medycznego w Katowicach, Sosnowiec

<sup>2</sup> Zakład Promocji Zdrowia i Leczenia Otyłości Katedry Patofizjologii, Wydział Nauk Medycznych w Katowicach Śląskiego Uniwersytetu Medycznego w Katowicach, Katowice

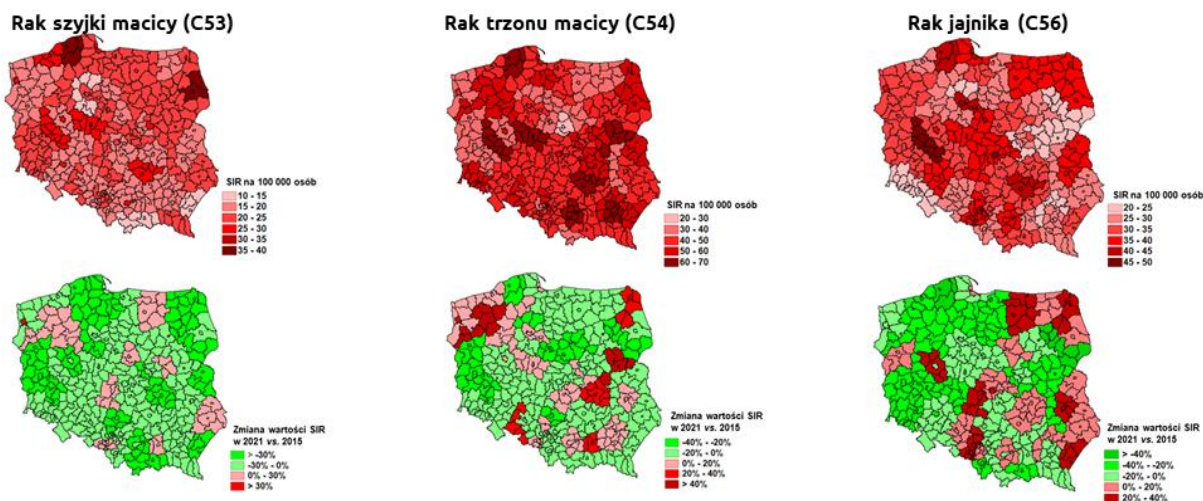
**Wprowadzenie:** W Polsce w ostatnich latach obserwuje się malejący trend zapadalności na raka szyjki macicy oraz stabilną sytuację epidemiologiczną w przypadku raka trzonu macicy, jednak niepokój budzi znacząca dysproporcja współczynników śmiertelności pomiędzy północą, a południem kraju.

Celem pracy była analiza epidemiologiczna najpowszechniejszych ginekologicznych chorób nowotworowych; raka szyjki macicy (C53), trzonu macicy (C54) oraz jajników (C56) Polsce w latach 2015-2021 oraz zidentyfikowanie obszarów, w których występuje największe obciążenie tymi chorobami.

**Materiały i Metody:** Materiał do badania stanowiły wtórne, zdepersonalizowane dane epidemiologiczne udostępnione przez NFZ dotyczące świadczeń zdrowotnych udzielonych w latach 2015-2021 pacjentkom, u których rozpoznano jednostki chorobowe sklasyfikowane wg ICD-10 jako: C53, C 54 lub C56.

Analizę epidemiologiczną wykonano z podziałem na podregiony, według miejsca zamieszkania pacjentek. Dla każdego z 73 podregionów wyznaczono wystandaryzowane względem ESP 2013 współczynniki zapadalności (SIR), roczną zmianę procentową (APC) wraz z 95% PU.

**Dyskusja:** W analizowanym okresie w większości podregionów nastąpiło obniżenie wartości SIR analizowanych nowotworów ginekologicznych, jednak obciążenie z związane z tymi chorobami, szczególnie rakiem trzonu macicy oraz rakiem jajnika w Polsce charakteryzuje się zróżnicowaniem przestrzennym. Jednocześnie zaobserwowano wzrost wartości SIR raka trzonu macicy, szczególnie w północno-zachodnich podregionach oraz na Mazowszu oraz raka jajnika we wschodniej i centralnej oraz na Śląsku (*rycina*). W obszarach tych należy wdrożyć skoordynowane działania profilaktyczne połączone z programami badań przesiewowych.



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

\* e-mail: [pchoreza@sum.edu.pl](mailto:pchoreza@sum.edu.pl)

# Zastosowanie współczynnika alfa Cronbacha oraz McDonalda w ocenie jakości życia u pacjentów z przewlekłym zapaleniem ucha środkowego za pomocą zwalidowanego kwestionariusza COMQ-12

Grażyna Greczka<sup>\*1</sup>, Marta Pietraszek<sup>1</sup>, Anna Bartochowska<sup>1</sup>, Wojciech Gawęcki<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Klinika Otolaryngologii i Onkologii Laryngologicznej, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, Poznań

**Wstęp:** Jednym z narzędzi służących do oceny jakości życia u pacjentów z przewlekłym zapaleniem ucha środkowego jest kwestionariusz COMQ-12. Kwestionariusz składa się z 12 pytań: siedem związanych z nasileniem objawów, dwa z wpływem choroby na styl życia i pracę, dwa z wpływem na konieczność korzystania z opieki zdrowotnej i jedno pytanie ogólne. Każde pytanie jest oceniane w skali od 0 do 5, gdzie 0 oznacza brak wpływu a 5 oznacza najgorszą rzecz, jaka kiedykolwiek wpłynęła na życie pacjenta.

**Cel:** Walidacja polskiej wersji kwestionariusza COMQ-12.

**Materiał i metody:** W badaniu wzięło udział 60 osób: 30 pacjentów z przewlekłym zapaleniem ucha środkowego oraz 30 ochotników bez chorób ucha środkowego w przeszłości i bez zaburzeń słuchu. Każda z osób została poproszona o dwukrotne wypełnienie kwestionariusza COMQ-12 - w momencie pobytu w poradni oraz miesiąc po wypełnieniu pierwszej ankiety. Przeanalizowano spójność wewnętrzną (za pomocą współczynnika alfa Cronbacha oraz McDonalda Omega), rzetelność (za pomocą współczynnika korelacji Spearmana) i trafność konstrukcyjną kwestionariusza (za pomocą Testu Kruskala-Wallis).

**Wyniki:** Analiza statystyczna wykazała wysoką spójność wewnętrzną, rzetelność i trafność konstrukcyjną polskiej wersji kwestionariusza COMQ-12. Wartość współczynnika alfa Cronbacha wyniosła 0,85 a współczynnika McDonalda Omega 0,92. Pomiar współczynnika korelacji Spearmana wyniósł dla każdego pytania powyżej 0,89. Uzyskano istotne różnice statystyczne całościowego wyniku COMQ-12 pomiędzy pacjentami z przewlekłym zapaleniem ucha środkowego a grupą kontrolną.

**Wnioski:** Polska wersja kwestionariusza COMQ-12 może posłużyć jako narzędzie kliniczne do oceny jakości życia u polskich pacjentów chorujących na przewlekłe zapalenie ucha środkowego. Wdrożenie tego kwestionariusza pomogłoby otolaryngologom zrozumieć problemy z perspektywy ich pacjentów i tym samym wdrożyć odpowiednie leczenie.

\* e-mail: [grazynagr@ump.edu.pl](mailto:grazynagr@ump.edu.pl)

# Modelowanie aktywności przeciwbakteryjnej nowych pochodnych amidrazonów

Renata Paprocka<sup>\*1</sup>, Małgorzata Ćwiklińska-Jurkowska<sup>2</sup> oraz Jolanta Kutkowska<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Katedra Chemii Organicznej, Wydział Farmaceutyczny, Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Bydgoszcz

<sup>2</sup> Katedra Biostatystyki i Teorii Układów Biomedycznych, Wydział Farmaceutyczny, Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Bydgoszcz

<sup>3</sup> Katedra Genetyki i Mikrobiologii, Wydział Biologii i Biotechnologii, Instytut Nauk Biologicznych, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie

**Wprowadzenie:** Wciąż wzrastająca ilość zakażeń bakteryjnych stanowi jedno z wyzwań współczesnej medycyny. W niniejszej pracy podjęto próbę określenia zależności wielowymiarowych umożliwiających projektowanie nowych związków chemicznych o potencjalnej aktywności przeciwbakteryjnej.

**Materiały i Metody:** Zastosowano GLM- uogólnione mieszane modele liniowe (LARS Least Angle Regression, adaptacyjna regresja LASSO, Elastic Net i selekcja krokowa) do wyboru najistotniejszych zmiennych w celu przewidywania aktywności pochodnych amidrazonów. Dla poszczególnych modeli GLM zastosowano metody selekcji: modelu M1 zgodnie z Adj R-Sq, M2: AIC, M3: AICC, M4: BIC, M5: C(p), M6: SBC, M7: ASE Val. Jako zmienne wykorzystano dane eksperymentalne (wartości minimalnego stężenia hamujące MIC wobec szczepów: *S. aureus*, *M. luteus*, *E. faecalis*, *N. corralina*, *M. smegmatis*, *E. coli*, *Y. enterocolitica* i *P. aeruginosa*) i obliczeniowe 85 związków chemicznych. Dane chemiczne obejmowały m.in. masę molową związków (MW), ilość akceptorów i donorów wodoru, lipofilowość teoretyczną i wyznaczoną eksperymentalną (Rm0Exper), temperaturę topnienia, rodzaj podstawników. Wykorzystano również obliczenia potencjalnej aktywności biologicznej związków uzyskane za pomocą programu PASS Online (<http://www.way2drug.com/passonline/>).

**Dyskusja:** W wyniku przeprowadzonych obliczeń uzyskano kilka istotnych modeli. Najlepsze wyniki otrzymano dla szczepu bakteryjnego *S. aureus* (n=83): dla LASSO 52% wariacji aktywności przeciwbakteryjnej można wyjaśnić 12 zmiennymi wybranymi przez modele M1, M2 i M5, 48% wariacji wyjaśnia 8 efektami przez M3 i M6; natomiast 49,8% przez M7 (13 efektów). Najczęściej wybierane zmienne różnymi modelami GLM tzn. mające największy wpływ na aktywność związków: to masa molowa (MW), PASS przeciwwzapalny, PASS przeciwnowotworowy, temperatura topnienia i jej interakcja z podstawnikiem R2 (4-nitrophenyl).

Dla *Y. enterocolitica* (n=85) najlepsze wyniki uzyskuje się dla LASSO:  $R^2=0,46$  dla 13 efektów wybranych przez M1 i M2 oraz  $R^2=45,3\%$  dla 13 efektów wybranych przez M7 i  $R^2=44,7\%$  dla 12 efektów wybranych przez M2-M5. Najczęściej wybieranymi zmiennymi różnymi metodami GLM, tzn. mającymi największy na hamowanie tego szczepu to: MW, Rm0Exper, liczba akceptorów wodoru, podstawnik R2 i jego interakcja z temperaturą topnienia (4-nitrophenyl) oraz interakcje temperatury z podstawnikiem R1 (2-pyridyl). Wiele z powyższych zmiennych jest także ważnych dla szczepów *P. aeruginosa* i *E. faecalis*. Wybór zmiennych potwierdza także metoda bootstrap z 1000 powtórzeniami wszystkich badanych modeli.

\* e-mail: [renata.bursa@cm.umk.pl](mailto:renata.bursa@cm.umk.pl)

# Wpływ pandemii COVID-19 na higienę skóry, stosowanie środków ochrony osobistej i środków do dezynfekcji – badania ankietowe

Aleksandra Kluczevska<sup>1</sup>, Paulina Milejska<sup>1</sup>, Aleksandra Zorychta<sup>1</sup>, Marcin Tomsia<sup>2</sup>,  
Elżbieta Chelmecka<sup>\*1</sup>

<sup>1</sup> Zakład Statystyki Medycznej, Wydział Nauk Farmaceutycznych w Sosnowcu, Śląski Uniwersytet Medyczny w Katowicach, ul. Ostrogórska 30, 41-200 Sosnowiec

<sup>2</sup> Katedra i Zakład Medycyny Sądowo-Lekarskiej, Wydział Nauk Medycznych w Katowicach, ul. Medyków 18, 40-752 Katowice

Pandemia wywołana wirusem Sars-coV-2 niezaprzeczalnie wstrząsnęła światem, a przede wszystkim społeczeństwem. Zaistniało globalne poruszenie nad zdrowiem psychicznym ludzi, którzy byli przymusowo izolowani we własnych domach lub hospitalizowani bez możliwości odwiedzin. Poruszenie to nie wynikało jedynie ze strachu przed utratą zdrowia czy izolacją ale również przed zmianą przyzwyczajień higienicznych, nowych nakazów i zakazów. Ministerstwo Zdrowia podając komunikaty dotyczące działań zahamowujących rozprzestrzenianie wirusa wskazywało, zgodnie ze Światową Organizacją Zdrowia, mycie rąk powyżej 30 sekund, noszenie maseczki ochronnej, dezynfekcję rąk i dystans społeczny jako główne czynności mogące uchronić przed zakażeniem.

Badania ankietowe dotyczące higieny skóry w trakcie pandemii COVID zostały przeprowadzone dwukrotnie: w roku 2022 w grupie studentów Wydziału Nauk Farmaceutycznych Śląskiego Uniwersytetu Medycznego oraz w roku 2023 w grupie osób dorosłych.

Na studentach kierunków medycznych spoczywa szczególna odpowiedzialność w kwestii prewencji zakażeń i szerzenia wiedzy na temat prawidłowych nawyków higienicznych, szczególnie w dobie pandemii COVID-19. Odpowiedzi 364 respondentów wskazały na zadowalający poziom wiedzy i świadomości studentów w kwestii walki z drobnoustrojami i prewencji przed szerzeniem się pandemii COVID-19.

Drugie z badań zrealizowane pośród 300 osób dorosłych pozwoliło stwierdzić, że pandemia wpłynęła na rozwój higieny. Dowiedziono, że ponad 90% ankietowanych dezynfekowała ręce. Wiedzę na temat prawidłowego sposobu mycia rąk najchętniej i najliczniej czerpano z tabliczek informacyjnych umieszczonych nad umywalkami w miejscach publicznych.

W obydwu badaniach stwierdzono, że noszenie maseczki ochronnej, czy też zintensyfikowane mycie i dezynfekcja rąk negatywnie wpłynęły na stan skóry probantów. Na twarzach ankietowanych najczęściej pojawiały się wypryski w postaci krost lub pęcherzy, natomiast na rękach była to suchość. Konsultacje ze specjalistami, w sprawie pogorszonego stanu skóry, respondenci odbywali w mniejszości.

Warto podkreślić, że pomimo zakończenia pandemii nawykiem, który pozostał ankietowanym to przede wszystkim mycie rąk powyżej 30 sekund.

\* e-mail: [echelmecka@sum.edu.pl](mailto:echelmecka@sum.edu.pl)

*Podziękowania:*

*Praca została zrealizowana dzięki środkom finansowym Śląskiego Uniwersytetu Medycznego w Katowicach w ramach projektu badawczego nr PCN-1-068/N/2/Z*



# Alfa-Cronbacha w badaniach śledziona w stanach chorobowych

Michał M. Skoczylas<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Wydział Medyczny, Katolicki Uniwersytet Lubelski Jana Pawła II, Lublin

**Wprowadzenie:** Współczynnik alfa-Cronbacha służący do oceny zwartości wewnętrznej danych jest znany jako upraszczający analizę statystyczną wyników badań w naukach społecznych (głównie psychologii) ale również w naukach medycznych [1, 2]. Niniejsze badanie ma na celu opis zastosowania alfy-Cronbacha na przykładzie badań śledziona w różnych stanach chorobowych, z lekarskiego punktu widzenia.

**Materiały i Metody:** W bazie PubMed wyszukano artykuły na podstawie frazy „(Cronbach alpha) and (spleen)”. W poszczególnych latach opublikowano następujące liczby prac: 2004 – 1, 2011 – 1, 2012 – 1, 2013 – 1, 2014 – 1, 2018 – 2, 2020 – 1, 2021 – 3, 2022 – 1.

**Dyskusja:** Alfą-Cronbacha opisano wyniki prac nad skalami ocen klinicznych ludzi (Zhu Y.-B. i in. 2011) i myszy modelowych (Shrum B. i in. 2014), kwestionariuszami diagnostycznymi (Chang H.-H. i in. 2012; Huang Z. i in. 2018; Huang Z. i in. 2021; Sun D. i in. 2021; Sun L. i in. 2021), skutecznością metod tradycyjnej medycyny chińskiej (Chang H.-H. i in. 2012; Pan J.-H. i in. 2013; Huang Z. i in. 2018; Sun D. i in. 2021; Sun L. i in. 2021), oceną powtarzalności badania ultrasonograficznego w rutynowych warunkach klinicznych w zakresie wskaźnika oporności nerek przeszczepionych (Theilig D.C. i in., 2020), przydatnością tomografii komputerowej w ocenie śledziona przed splenektomią (Napoli A. i in. 2004) oraz wartością pomiarów elastyczności śledziona (elastografia) u chorych z pozawątrobową niedrożnością żyły wrotnej w szacowaniu ryzyka krwawienia z przewodu pokarmowego (Madhusudhan K.S. i in. 2018). W większości prac wykazano co najmniej akceptowalną wartość alfy-Cronbacha ( $\geq 0,7$ ). W przypadku wartości alfy-Cronbacha równej 0,38 dla testu oceniającego jakość życia w odniesieniu do śledziona (tradycyjna medycyna chińska) zapowiedziano dalsze prace udoskonalające kwestionariusz (Chang H.-H. i in. 2012). Wyniki niniejszego przeglądu wykazują, że alfa-Cronbacha jest stosowana w różnego rodzaju badaniach z zakresu medycyny, nauk o zdrowiu i biologii medycznej. Omawianie jej może zatem integrować medyczne środowisko naukowe w procesie edukacji ciągłej.

## Bibliografia:

- [1] R. E. Snow, D. E. Wiley, “Straight Thinking”. W: R. E. Snow, D. E. Wiley (red.), “Improving Inquiry in Social Science. A Volume in Honor of Lee J. Cronbach”. Hillsdale: Lawrence Erlbaum Associates, Inc., Publishers, 1991, ss. 1-11. ISBN 0-8058-0542-7.
- [2] M. M. Skoczylas, “Application of Cronbach’s alpha in scientific studies on diagnosing and treating of neurological problems”. W: “41st Annual Conference of the International Society for Clinical Biostatistics. Virtual Conference co-organised by Jagiellonian University Kraków, Poland. 23-27 August 2020. Programme and Abstract Book”, s. 289. ISBN: 978-83-942760-7-2.

e-mail: [emes@e-post.pl](mailto:emes@e-post.pl)

# Badania zdolności klasyfikacyjnej modelu rzeczywistych sieci neuronowych

Jan Jurkowski<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Wydział Matematyki, Informatyki i Mechaniki, Uniwersytet Warszawski, Warszawa

**Wprowadzenie:** Wyabstrahowane matematyczne modele sztucznych neuronów (perceptronów) ze względu na prostotę obliczeniową i skuteczność modelu znajdują od wielu lat zastosowanie w uczeniu maszynowym, w tym we wspomaganiu klasyfikacji w medycynie. Celem jest zaprojektowanie najlepszych topologii sieci neuronowych i porównanie ich skuteczności z popularnymi perceptronami w kilku wybranych prostych problemach: balansowania układu, utrzymywania równowagi w symulacji fizycznej i klasyfikacji konkretnych rodzin zbiorów.

**Materiały i Metody:** Zostały zastosowane modele sztucznych neuronów o różnym stopniu skomplikowania modelu pojedynczego neuronu (od modelu fizycznego neuronu do matematycznego). W celu znalezienia najlepiej zachowującej się topologii dla konkretnego modelu i problemu został użyty algorytm genetyczny przeszukujący przestrzeń topologii sieci o konkretnej wielkości.

Ocena konkretnej sieci była przeprowadzana na podstawie uśrednienia zbieżności wielu prób klasyfikatora. Wielkość badań była ograniczona ze względu na trudność symulacji fizycznego modelu neuronu, rzutującą na ograniczony czas i zasoby obliczeniowe.

**Dyskusja:** Model fizyczny neuronu trudniej się symuluje niż matematyczny. Ponadto w większości postawionych zadań model matematyczny radzi sobie lepiej niż fizyczny, nawet z pominięciem większego nakładu obliczeniowego modelu fizycznego i przy podobnych wielkościach topologii sieci.

## Bibliografia:

- [1] Forrest M.D. Simulation of alcohol action upon a detailed Purkinje neuron model and a simpler surrogate model that runs >400 times faster. *BMC Neurosci.* 2015, Vol 16, No 1, 27. doi: 10.1186/s12868-015-0162-6.
- [2] Sardi S, Vardi R, Sheinin A, Goldental A, Kanter I. New Types of Experiments Reveal that a Neuron Functions as Multiple Independent Threshold Units. *Sci Rep.* 2017 Vol 7, No 1, 18036. doi: 10.1038/s41598-017-18363-1.
- [3] Wulfram G.; Population Dynamics of Spiking Neurons: Fast Transients, Asynchronous States, and Locking. *Neural Comput* 2000; Vol 12 , No 1, pp. 43–89. doi: 10.1162/089976600300015899

e-mail: [jj406170@students.mimuw.edu.pl](mailto:jj406170@students.mimuw.edu.pl)

# Heterogeniczność cytotoksyczności indukowanej cisplatyną linii komórek nowotworowych A2780, A549, MCF-7, HepG2 i HeLa

Małgorzata Ćwiklińska-Jurkowska<sup>1</sup>, Małgorzata Wiese-Szadkowska<sup>\*2</sup>, Renata Paprocka<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Katedra Biostatystyki i Teorii Układów Biomedycznych, Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Bydgoszcz

<sup>2</sup> Katedra Immunologii, Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Bydgoszcz

<sup>3</sup> Katedra Chemii Organicznej, Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Bydgoszcz

**Wprowadzenie:** Cisplatyna jako klasyczny środek przeciwnowotworowy jest szeroko stosowana do testowania nowych związków zawierających metale. Stanowi ona tzw. związek referencyjny. W czasie przygotowań naszej poprzedniej pracy przeglądowej, która dotyczyła aktywności i toksyczności nowych potencjalnych leków przeciwnowotworowych [1], zaobserwowaliśmy zastanawiająco dużą rozbieżność w wartości IC<sub>50</sub> (stężenie hamujące wzrost komórek w 50%). Problem ten zgłębiono dla wybranych linii komórkowych tj. A2780, A2780RCis, A549, A549RCis, MCF-7, HepG2 oraz HeLa.

**Materiały i Metody:** Opracowaliśmy wyniki badań in vitro z lat 2018-2022 na podstawie 15 do 35 publikacji zależnie od linii komórek nowotworowych. Stosując w meta-analizie model efektu losowego przeanalizowaliśmy cytotoksyczność cisplatyny w czasach ekspozycji 48h i 72h.

**Dyskusja:** Zgodnie z wynikami meta-analizy, przedziały ufności dla każdej z linii komórkowych oraz w każdej z podgrup (48 i 72h hodowli) IC<sub>50</sub> były bardzo szerokie. Niejednorodność IC<sub>50</sub> cisplatyny mierzona za pomocą kilku wskaźników heterogeniczności i homogeniczności była wysoka. Indeks I<sub>2</sub> dla wszystkich linii komórek nowotworowych wynosił ponad 99%, także dla podgrup czasowych. Zmienność wyników nie jest więc spowodowana czynnikiem losowości, ani w podziale na czas hodowli ani bez tego podziału. Pomimo wyższych wartości IC<sub>50</sub> po 48h niż po 72 h, heterogeniczność nie różni się znacząco pomiędzy dwoma czasami hodowli. Więc czas nie jest głównym źródłem niejednorodności. Podsumowując, dostępne w literaturze dane są bardzo zróżnicowane i nieprzydatne jako punkt odniesienia. Możliwymi przyczynami niejednorodności IC<sub>50</sub> mogą być jakość linii komórkowej, walidacja protokołu badania, a także optymalny dobór technik.

## Bibliografia

[1] R. Paprocka, M. Wiese-Szadkowska, S. Janciauskiene, T. Kosmalski, M. Kulik, A. Helmin-Basa "Latest developments in metal complexes as anticancer agents", *Coordination Chemistry Reviews*, vol 452, 1 February 2022, 214307 <https://doi.org/10.1016/j.ccr.2021.214307>

\* e-mail: [mwiese@cm.umk.pl](mailto:mwiese@cm.umk.pl)

# Modelowanie efektywności rozpoznawania nowotworów fuzjami selekcji genów i łączeniem metod „*machine learning*” oraz poszukiwanie jej czynników

Małgorzata Ćwiklińska-Jurkowska<sup>\*1</sup>, Katarzyna Jurkowska<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Katedra Biostatystyki i Teorii Układów Biomedycznych, Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Bydgoszcz

<sup>2</sup> Szpital im. Mikołaja Kopernika Copernicus, Gdańsk

**Wprowadzenie:** W onkologii ważne jest doskonalenie skuteczności rozpoznań oraz terapia spersonalizowana, także w oparciu o dane genomyczne. Wiele wysiłków naukowców skierowanych jest zatem do zastosowań sztucznej inteligencji i bioinformatyki w celu znajdowania efektywnych metod wspomagania diagnostyki. Zbiory mikromacierzowe z ekspresją wielu genów są bardzo ważne w poszukiwaniu markerów, które mogą być wykorzystywane w diagnostyce, ale także medycynie precyzyjnej. Celem pracy jest znalezienie na podstawie danych genomicznych ważnych czynników dla jakości rozpoznawania nowotworów metodami skalania procedur „*machine learning*” oraz dla przewidywania jakości klasyfikatorów tworzonych metodami skalania.

**Materiały i Metody:** Wykorzystano zbiory ekspresji genów dla 10 chorób onkologicznych o wymiarze od 2 do 6 tysięcy. Na podstawie błędów rozpoznań skalanych wstępujących zbiorów metod „*machine learning*” (o różnym charakterze lub parametrach) opracowano modele uogólnionych równań estymujących (GEE). Analizowano 24 typy różnych modeli GEE- w tym różne potęgi czynników i interakcje między różnymi czynnikami. Dla każdego z tych typów modeli generowano tysiące modeli (dla najróżniejszych układów metod skalania selekcji oraz łączenia klasyfikatorów), które estymują poprawę klasyfikacji dla łączenia metod „*machine learning*” (w stosunku do średniej poprawności łączonych procedur). Modele oceniano adekwatnymi statystykami dopasowania jak np. AIC. Generalizowaną ważność badanego czynnika (parametru) w danym typie modelu oceniano poprzez średni poziom istotności.

**Dyskusja:** Łączenie metod “*machine learning*” ma potencjał poprawy skuteczności rozpoznawania nowotworów. Redukcja wymiaru problemu wzmocniona łączeniem wyników różnych metod redukcji umożliwi maksymalne, wszechstronne wykorzystanie danych. Zastosowanie wyników łączenia z uwzględnieniem poziomu ekspresji genów znalezionych podczas takich analiz może rozwinąć wiedzę diagnostyczną dotyczącą nowotworów. Selekcja kilkunastu genów spośród tysięcy daje możliwość klinicznego sprawdzenia wybranych genów jako markery nowotworowe. Otrzymane współczynniki modeli GEE dla badanych czynników dają możliwość oszacowania skuteczności łączenia klasyfikatorów.

Różne struktury macierzy korelacji dla zmiennych longitudinalnych w modelach GEE dały podobne wyniki. Istotności badanych czynników, uśrednione z tysięcy modeli, nieco się różnią dla poszczególnych zbiorów danych genomicznych, jednak wśród czynników o średniej istotności poniżej 0.05 powtarzają się czynniki, które choć otrzymane obliczeniowo dla rzeczywistych danych genomicznych, znajdują uzasadnienie w publikacjach teoretycznych z upraszczającymi rzeczywistość założeniami.

## Bibliografia

- [1] Bian Y., Chen H., When Does Diversity Help Generalization in Classification Ensembles?, in IEEE Transactions on Cybernetics, vol. 52, no. 9, pp. 9059-9075, Sept. 2022, doi: 10.1109/TCYB.2021.3053165.
- [2] Brown G., Kuncheva L. IMCS 2010: Multiple Classifier Systems pp 124–133. "Good" and "Bad" Diversity in Majority Vote Ensembles.
- [3] Dankwa-Mullan I. Dilhan Weeraratne D. Artificial Intelligence and Machine Learning Technologies in Cancer Care: Addressing Disparities, Bias, and Data Diversity. Cancer Discov (2022) 12 (6): 1423–1427.

\* e-mail: [mjurkowska@cm.umk.pl](mailto:mjurkowska@cm.umk.pl)

# PCA, ASCA i PLS-DA w analizie danych lipido- i metabolomicznych

Bogumiła Kupcewicz<sup>\*1</sup>, Joanna Bogusiewicz<sup>2</sup>, Katarzyna Burlikowska<sup>2</sup>, Barbara Bojko<sup>2</sup>

1 Katedra Chemii Nieorganicznej i Analitycznej, Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy  
Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Bydgoszcz

2 Katedra Farmakodynamiki i Farmakologii Molekularnej, Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy  
Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Bydgoszcz

**Wprowadzenie:** Chemometria oferuje szereg technik niezbędnych do wyodrębnienia analitycznie istotnych informacji z wielowymiarowych danych i jest powszechnie stosowana w metabolomice czy lipidomice, szczególnie w analizie niecelowanej. Jednak w przypadku wieloczynnikowych projektów eksperymentów metody te nie są w stanie odpowiedzieć na wszystkie pytania stawiane w tego typu badaniach, wymagające wprowadzenia relacji pomiędzy różnymi grupami obserwacji. Rozwiązaniem jest zastosowanie (w zamian lub jako uzupełnienie) metod analizy danych wielowymiarowych uwzględniających indukowaną i skorelowaną strukturę danych uzyskanych w trakcie planowanego eksperymentu.

**Materiały i Metody:** Eksperyment 1: wykorzystano próbki czterech narządów (mózg, wątroba, nerki i mięśnie uda) pobranych od 15 dorosłych samców myszy (w wieku 12 tygodni) – po pięć z trzech szczepów: BALB/c, C57BL/6 i CD1. Zwierzęta trzymano w kontrolowanym środowisku: temp.  $22 \pm 2^\circ\text{C}$ , 12-godzinny cykl światło-ciemność, wilgotność  $55 \pm 10\%$ , ze standardową karmą dla myszy i wodą dostępną *ad libitum*. Próbki do analizy chromatograficznej pobierano techniką mikroekstrakcji do fazy stałej (SPME). Eksperyment 2: wykorzystano próbki pobrane przy użyciu włókien do SPME z dwóch typów histologicznie różnych guzów mózgu (siedmiu oponiaków i siedmiu glejaków). Pobieranie próbek przeprowadzono w dwukrotnie, pierwszy raz bezpośrednio po usunięciu guza, a drugi po 12 miesiącach przechowywania guzów w temperaturze  $-30^\circ\text{C}$ . Próbki analizowano metodą LC-HRMS z wykorzystaniem ultrawysokosprawnego chromatografu cieczowego sprzężonym ze spektrometrem mas Q-Exactive Focus Orbitrap. Profile metabolomiczne i lipidomiczne były następnie poddane analizie chemometrycznej z wykorzystaniem technik PCA i PLS-DA oraz statystyczno-chemometrycznej metodą ASCA. Obliczenia wykonano z wykorzystaniem programów PLS-Toolbox 7.5 i Matlab R2022b.

**Dyskusja:** Praca ma na celu pokazanie holistycznego podejścia do analizy wielowymiarowych danych lipidomicznych i metabolomicznych jakie zapewnia zastosowanie zarówno metod eksploracyjnych, nienadzorowanych jak analiza czynników głównych (PCA), metod dyskryminacyjnych jak PLS-DA oraz metody wieloparametrowej łączącej w sobie statystyczne zalety analizy wariancji (ANOVA) i jednoczesnej analizy czynnikowej (SCA) czyli metody ASCA. Metoda ASCA znajduje zastosowanie szczególnie gdy przedmiotem zainteresowania jest obserwacja efektów kilku wzajemnie oddziałujących na siebie czynników eksperymentalnych w wieloczynnikowych projektach „omicznych”. Wykorzystano przykłady danych z dwóch eksperymentów o różnym układzie grup i czynników.

\* e-mail: [kupcewicz@cm.umk.pl](mailto:kupcewicz@cm.umk.pl)

# Modelowanie zależności typu QSPR na przykładzie współczynnika podziału oktanol-woda pochodnych stilbenu

Natalia Piekus-Słomka, Mariusz Zapadka, Małgorzata Wieczorek, Pascal Poznański  
oraz Bogumiła Kupcewicz

Katedra Chemii Nieorganicznej i Analitycznej, Collegium Medicum im. Ludwika Rydygiera w Bydgoszczy  
Uniwersytet Mikołaja Kopernika w Toruniu, Bydgoszcz

**Wprowadzenie:** Współczynnik podziału ( $\log P$ ), wyznaczany najczęściej w układzie oktanol-woda, jest parametrem fizykochemicznym określającym lipofilowość związku. Jego znajomość pozwala przewidywać m.in. losy leku w ustroju, możliwe oddziaływania z receptorem oraz los środowiskowy czy toksyczność związków chemicznych. Celem pracy była analiza wpływu struktury pochodnych *trans*-stilbenu i *cis*-stilbenu na wartość współczynnika podziału oktanol-woda wyznaczonego eksperymentalnie metodą chromatograficzną.

**Materiały i Metody:** W celu realizacji zamierzonego celu przeprowadzono chromatograficzne wyznaczenie  $\log k_w$  (współczynnik podziału między fazą stacjonarną kolumny – C18, a fazą ruchomą składającą się w 100% z wody) dla nowo otrzymanych pochodnych *cis*-stilbenu (10 związków) oraz metoksyowych pochodnych *trans*-stilbenu (16 związków)<sup>†</sup>. Na podstawie wyznaczonej krzywej kalibracyjnej zależności  $\log P$  od  $\log k_w$  obliczono wartości współczynników  $\log P$  badanych związków. Uzyskane wyniki wykorzystano jako zmienną zależną do budowy modeli ilościowych zależności struktura-właściwości (QSPR) umożliwiających ocenę wpływu struktury związków na wartość  $\log P$ . Analizę QSPR przeprowadzono wykorzystując regresję cząstkowych najmniejszych kwadratów (PLSR) oraz wielokrotną regresję liniową (MLR). Obliczenia wykonano z wykorzystaniem programu PLS-Toolbox 7.5 w oprogramowaniu Matlab w wersji R2020a. W programie alvaDesc v2.0.10 obliczono deskryptory molekularne dla badanych związków, których struktura przestrzenna została zoptymalizowana w pakiecie Gaussian 09, w infrastrukturze PL-Grid.

**Dyskusja:** W pierwszym etapie analizy QSPR skonstruowano model metodą PLSR w oparciu o 3 ukryte zmienne (obliczone na podstawie 47 zmiennych niezależnych). W kolejnym kroku zbudowano model MLR wykorzystując zmienne wprowadzone do modelu PLSR. Ostatecznie do równania wprowadzono 3 zmienne niezależne. Oba opracowane modele charakteryzowały się bardzo dobrymi parametrami walidacyjnymi. Model wykorzystujący algorytm MLR miał jednak prostszą budowę i łatwiejszą możliwość interpretacji, ze względu na jedynie 3 zmienne objaśniające. Najbardziej istotny deskryptor – minsCH3, należący do grupy deskryptorów typu E-state opisuje charakter elektronowy i środowisko topologiczne atomu w cząsteczce. Wnikliwa interpretacja pozostałych dwóch deskryptorów należących do grupy 3D-MoRSE polegała na znalezieniu par atomowych między którymi zachodzą interakcje. Uzyskane modele zależności wartości  $\log P$  od struktury pochodnych stilbenu jednoznacznie wskazują na wpływ struktury trójwymiarowej na lipofilowość tej grupy związków. Dodatkowym tego potwierdzeniem były wysokie błędy współczynników  $\log P$  wyznaczonych metodami obliczeniowymi, nieuwzględniającymi struktury przestrzennej związków.

<sup>†</sup> metoksyłowe pochodne *trans*-stilbenu otrzymano dzięki uprzejmości dr hab. n. farm. Marcina Wierchowskiego z Katedry i Zakładu Technologii Chemicznej Środków Leczniczych Uniwersytetu Medycznego im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu.

e-mail: [natalia.piekus@cm.umk.pl](mailto:natalia.piekus@cm.umk.pl)

# Wpływ parametrów meteorologicznych i zmian sezonowych na zgłaszalność pacjentów z wybranymi chorobami układu sercowo-naczyniowego do szpitalnych oddziałów ratunkowych – badanie pilotażowe

Paweł Kotecki<sup>\*1</sup>, Barbara Więckowska<sup>2</sup>, Barbara Stawińska-Witoszyńska<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Zakład Epidemiologii i Higieny, Uniwersytet Medyczny im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, 60-806 Poznań.

<sup>2</sup> Zakład Informatyki i Statystyki Uniwersytetu Medycznego im. Karola Marcinkowskiego w Poznaniu, ul. Rokietnicka 7 (I piętro), 60-806 Poznań.

**Wprowadzenie:** Dotychczasowe wyniki badań potwierdzają związek pomiędzy stresem ciepła i zimna, wahaniami ciśnienia atmosferycznego i wysoką wilgotnością względną powietrza a gorszym samopoczuciem chorych na tzw. choroby „pogodozależne” czy nawet zgonem. Celem pracy było określenie parametrów meteorologicznych, ich interakcji oraz zmian sezonowych o największym znaczeniu w predykcji liczby zgłaszających się na Izbach Przyjęć oraz na SOR w Poznaniu w 2019 roku (Polska, klimat umiarkowany przejściowy). W analizie uwzględniono parametry meteorologiczne oraz dane 3606 pacjentów z rozpoznaniem: nadciśnienie tętnicze samoistne lub z powikłaniami, zawał serca, przewlekła choroba niedokrwienna serca, udar mózgu niedokrwienny czy nieokreślony, zgodnym z ICD-10.

**Materialy i Metody:** W analizie uwzględniono parametry meteorologiczne oraz dane dotyczące 3606 pacjentów, u których rozpoznano samoistne lub powikłane nadciśnienie tętnicze, zawał mięśnia sercowego, przewlekłą chorobę niedokrwienną serca oraz udar niedokrwienny lub nieokreślony (ICD-10). Dane meteorologiczne (dni w tygodniu i dane sezonowe) posłużyły do zbudowania modelu regresji liniowej do oceny zmian w dziennej liczbie zgłaszających się pacjentów. Dane wejściowe do finalnego modelu zostały wybrane na podstawie analizy głównych składowych (PCA) i zbudowane dla każdego opóźnienia i przyspieszenia (raportowanie do 3 dni przed zmianą lub do 3 dni po zmianie parametru meteorologicznego).

**Dyskusja:** Istotnie mniejszą liczbę zgłoszeń odnotowano w weekendy w porównaniu do dni roboczych (standaryzowane  $b = -0.254$ , wartość  $p < 0.0001$ ) oraz na trzy dni przed maksymalną dobową temperaturą powietrza w okresie wiosenno-letnim (standaryzowane  $b = -0.748$ , wartość  $p < 0,0001$ ), zaś dwa dni po wzroście amplitudy dobowej ciśnienia atmosferycznego (standaryzowane  $b = 0.116$ , wartość  $p = 0.0267$ ), a także w dniu wystąpienia niekorzystnej zmiany temperatury powietrza w ciągu doby odnotowano wzrost liczby chorych (standaryzowane  $b = 0.115$ , wartość  $p = 0.0186$ ). Zmiany dwóch ostatnich parametrów były nieistotne statystycznie. Na podstawie uzyskanych wyników określono negatywny wpływ zmian warunków meteorologicznych na liczbę zgłoszeń do SOR w Poznaniu.

Pełna treść badania została opublikowana: Kotecki P, Więckowska B, Stawińska-Witoszyńska B. The Impact of Meteorological Parameters and Seasonal Changes on Reporting Patients with Selected Cardiovascular Diseases to Hospital Emergency Departments: A Pilot Study. *Int J Environ Res Public Health*. 2023 Mar 9;20(6):4838. doi: 10.3390/ijerph20064838. PMID: 36981745; PMCID: PMC10049493.

\* e-mail: [pawel.kotecki92pl@gmail.com](mailto:pawel.kotecki92pl@gmail.com)



# Patroni



## StatSoft Polska

