

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 #61

イブニングカンファレンス(第61回)
2024.12.27



本日の内容

- OHDSI 論文の紹介
- OHDSI global/APAC から
 - OHDSI Global Symposium 2024参加者からの共有
- 話題
 - 2024年夏のイギリスOMOPトレーニングの様子

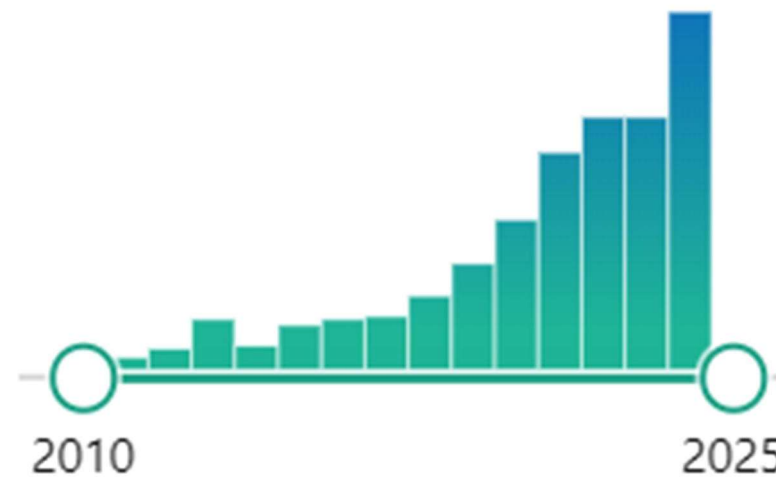


OHDSI 論文の紹介



OHDSI関連論文

- Pubmedで“OHDSI or OMOP”を検索



pubmed.ncbi.nlm.nih.govにて作成

- 全期間累計：11月497本→12月501本
- 年間では約100本ペース。



(前回積み残し)

1. Berman L, Ostchega Y, Giannini J, Anandan LP, Clark E, Spotnitz M, et al. Application of a Data Quality Framework to Ductal Carcinoma In Situ Using Electronic Health Record Data From the All of Us Research Program. *JCO Clin Cancer Inform.* 2024 Aug;8:e2400052.
2. French MA, Hartman P, Hayes HA, Ling L, Magel J, Thackeray A. Coverage of physical therapy assessments in the Observational Medical Outcomes Partnership Model common data model. *Appl Clin Inform.* 2024 Aug 22;
3. Hum R, Lane JC, Zhang G, Selles RW, Giladi AM. Observational Health Data Science and Informatics and Hand Surgery Research: Past, Present, and Future. *J Hand Surg Am.* 2024 Oct 17;S0363-5023(24)00433-7.
4. Králik M, Koš P, Markovič M, Lopatka P. Organic and Metal-Organic Polymer-Based Catalysts-Enfant Terrible Companions or Good Assistants? *Molecules.* 2024 Sep 29;29(19).
5. Mugotitsa B, Bhattacharjee T, Ochola M, Mailosi D, Amadi D, Andeso P, et al. Integrating longitudinal mental health data into a staging database: harnessing DDI-lifecycle and OMOP vocabularies within the INSPIRE Network Datahub. *Front Big Data.* 2024; 7:1435510.
5. Pasha A, Qiao S, Zhang J, Cai R, He B, Yang X, et al. The impact of the COVID-19 pandemic on mental health care utilization among people living with HIV: A real-world data study. *medRxiv : the preprint server for health sciences.* United States; 2024. p. 2024.09.26.24314443.
6. Yang B, Wang XJ, Bo-Ya L, Chen SJ, Li J, Deng YM, et al. Surgical treatment of hypospadias with lichen sclerosus: Long term outcomes from a single center. *Andrology.* 2024 Nov 17;
7. Xie J, López-Güell K, Dedman D, Duarte-Salles T, Kolde R, López-Blasco R, et al. Incidence of post-acute COVID-19 symptoms across healthcare settings in seven countries: an international retrospective cohort study using routinely-collected data. *EClinicalMedicine.* 2024 Nov;77:102903.
8. Tong J, Li L, Reys JM, Lorman V, Jing N, Edmondson M, et al. Advancing Interpretable Regression Analysis for Binary Data: A Novel Distributed Algorithm Approach. *Stat Med.* 2024 Dec 20;43(29):5573–82.
9. Quaye A, DiPalazzo J, Kostka K, Richard JM, Beers-Mulroy B, Peck M, et al. Identifying factors associated with persistent opioid use after total joint arthroplasty: A retrospective review. *Pain Med.* 2024 Nov 20;pnae120.
10. Lee H, Kim S, Moon HW, Lee HY, Kim K, Jung SY, et al. Hospital Length of Stay Prediction for Planned Admissions Using Observational Medical Outcomes Partnership Common Data Model: Retrospective Study. *J Med Internet Res.* 2024 Nov 22;26:e59260.
11. Kurtz M, Winter A, Löbe M. Suitability of the OMOP Common Data Model for Mapping Datasets of Medical Research Studies Using the Example of a Multicenter Registry. *Stud*

OMOP(違い)
oral mucosa
onlay
procedure
(OMOP)

著者の所属
としてOHDSI
が掲載だが、
内容は関連
せず。

Health Technol Inform. 2024 Nov 22;321:170–4.

12. Kimura E, Kawakami Y, Inoue S, Okajima A. Mapping Drug Terms via Integration of a Retrieval-Augmented Generation Algorithm with a Large Language Model. *Healthc Inform Res.* 2024 Oct;30(4):355–63.
13. Hong SW, Kang JH. Antinuclear Positivity and Malignant Transformation Potential of Oral Potentially Malignant Disorder. *Oral Dis.* 2024 Nov 25;
14. Ferrandiz-Espadin R, Rabasa G, Gasman S, McGinley B, Stovall R, Jafarzadeh SR, et al. Disparities in time to diagnosis of Radiographic Axial Spondyloarthritis. *J Rheumatol.* 2024 Nov 4;jrheum.2024-0574.
15. Eisman AS, Chen ES, Wu WC, Crowley KM, Aluthge DP, Brown K, et al. Learning health system linchpins: information exchange and a common data model. *J Am Med Inform Assoc.* 2024 Nov 13;ocae277.
16. Dernie F, Corby G, Robinson A, Bezer J, Mercade-Besora N, Griffier R, et al. Standardised and Reproducible Phenotyping Using Distributed Analytics and Tools in the Data Analysis and Real World Interrogation Network (DARWIN EU). *Pharmacoepidemiol Drug Saf.* 2024 Nov;33(11):e70042.
17. Datsis G, Zelko JS. Physiological signal analysis and open science using the Julia language and associated software. *Front Netw Physiol.* 2024;4:1478280.

(新出)

1. Zhang S, Cornet R, Benis N. Cross-Standard Health Data Harmonization using Semantics of Data Elements. *Sci Data.* 2024 Dec;11(1):1407.
2. Tran TC, Schlueter DJ, Zeng C, Mo H, Carroll RJ, Denny JC. PheWAS analysis on large-scale biobank data with PheTK. *Bioinformatics.* 2024 Dec;btac719.
3. Justesen TF, Orhan A, Rosen AW, Gögenur M, Gögenur I. Mismatch Repair Status and Surgical Outcomes in Localized Colorectal Cancer: A Nationwide Cohort Study. *Ann Surg Open.* 2024 Dec;5(4):e499.
4. Kang M, Alvarado-Guzman JA, Rasmussen LV, Starren JB. Evolution of a Graph Model for the OMOP Common Data Model. *Appl Clin Inform.* 2024 Oct;15(5):1056–65.

7か国の医療現場における急性期後のCOVID-19症状の発生率： 日常的に収集されたデータを用いた国際的なレトロスペクティブコホート研究

> *EClinicalMedicine*. 2024 Oct 30;77:102903. doi: 10.1016/j.eclinm.2024.102903. eCollection 2024 Nov.

Incidence of post-acute COVID-19 symptoms across healthcare settings in seven countries: an international retrospective cohort study using routinely-collected data

Junqing Xie¹, Kim López-Güell¹, Daniel Dedman², Talita Duarte-Salles^{3,4}, Raivo Kolde⁵, Raúl López-Blasco⁶, Álvaro Martínez⁷, Gregoire Mercier^{8,9}, Alicia Abellan³, Johnmary T Arinze⁴, Zara Cuccu², Antonella Delmestri¹, Dominique Delseny⁸, Sara Khalid¹, Chungsoo Kim¹⁰, Ji-Woo Kim¹¹, Kristin Kostka^{1,12}, Cora Lose^{13,14,15,16}, Lourdes Mateu^{13,17,14,15,16}, Miguel A Mayer¹⁸, Jaime Meléndez-Cardiel⁶, Núria Mercadé-Besora^{1,3}, Mees Mosseveld⁴, Akihito Nishimura¹⁹, Hedvig M E Nordeng^{20,21}, Jessie O Oyinlola², Laura Pérez-Crespo³, Marta Pineda-Moncusí¹, Juan Manuel Ramírez-Anguila¹⁸, Nhung T H Trinh²⁰, Anneli Uusküla²², Bernardo Valdivieso^{7,23}, Theresa Burkard¹, Edward Burn¹, Martí Català¹, Daniel Prieto-Alhambra^{1,4}, Roger Paredes^{13,24,25,17,15,16,26}, Annika M Jödicke¹

Affiliations

- Nuffield Department of Orthopaedics, Rheumatology and Musculoskeletal Sciences, University of Oxford, Oxford, UK.
- CPRD, Medicines and Healthcare Products Regulatory Agency, London, UK.
- Fundació Institut Universitari per a la recerca a l'Atenció Primària de Salut Jordi Gol i Gurina (IDIAPJGol), Barcelona, Spain.
- Department of Medical Informatics, Erasmus University Medical Center, Rotterdam, the Netherlands.
- Institute of Computer Science, University of Tartu, Tartu, Estonia.
- Biocomputing Unit, Aragon Health Sciences Institute (IACS), Zaragoza, Spain.
- The Health Research Institute Hospital La Fe, Avenida Fernando Abril Martorell, 106 Torre A 7a Planta, 46026, Valencia, Spain.
- Public Health Department, University Hospital of Montpellier, 34295 Montpellier, France.
- IDESP, Université de Montpellier, INSERM, 34000, Montpellier, France.
- Department of Biomedical Sciences, Ajou University Graduate School of Medicine, Suwon, Republic of Korea.
- Big Data Department, Health Insurance Review and Assessment Service, Wonju, Republic of Korea.
- The OHDSI Center at the Roux Institute, Northeastern University, Portland, ME, USA.
- Department of Infectious Diseases, Hospital Germans Trias i Pujol, Badalona, Catalonia, Spain.
- REICOP (Red de Investigación Covid Persistente), Madrid, Spain.
- Fundació Lluita Contra les Infeccions, Badalona, Catalonia, Spain.
- Universitat de Vic - UCC, Vic, Catalonia, Spain.
- Universitat Autònoma de Barcelona, Catalonia, Spain.
- Parc de Salut Mar, Hospital del Mar Medical Research Institute, Barcelona, Spain.
- Department of Biostatistics, Bloomberg School of Public Health, Johns Hopkins University, Baltimore, MD, USA.
- Pharmacoepidemiology and Drug Safety Research Group, Department of Pharmacy, Faculty of Mathematics and Natural Sciences, University of Oslo, Oslo, Norway.
- Department of Child Health and Development, Norwegian Institute of Public Health, Oslo, Norway.
- Institute of Family Medicine and Public Health, University of Tartu, Tartu, Estonia.
- The University and Polytechnic La Fe Hospital of Valencia, Avenida Fernando Abril Martorell, 106 Torre H 1a Planta, 46026, Valencia, Spain.
- Center for Global Health and Diseases, Department of Pathology, Case Western Reserve University School of Medicine, Cleveland, OH, USA.
- CIBER Infectious Diseases (CIBERINFEC), Institute of Health Carlos III (ISCIII), Madrid, Spain.
- IrsiCaixa AIDS Research Institute, Germans Trias i Pujol Research Institute (IGTP), Can Ruti Campus, Badalona, Catalonia, Spain.

7か国の医療現場における急性期後のCOVID-19症状の発生率： 日常的に収集されたデータを用いた国際的なレトロスペクティブコホート研究

Abstract: Background: The WHO has identified a range of symptomatic manifestations to aid in the clinical diagnosis of post-COVID conditions, herein referred to as post-acute COVID-19 symptoms. We conducted an international network cohort study to estimate the burden of these symptoms in North American, European, and Asian populations. **Methods:** A federated analysis was conducted including 10 databases from the United Kingdom, Netherlands, Norway, Estonia, Spain, France, South Korea, and the United States, between September 1st 2020 and latest data availability, covering primary and secondary care, nationwide registries, and claims data, all mapped to the OMOP CDM. We defined two cohorts for the main analyses: a SARS-CoV-2 infection cohort ... and a general population cohort. Individuals with less than 365 days of prior history or 120 days of follow-up were excluded. We estimated incidence rates (IRs) of the 25 WHO-proposed post-acute COVID-19 symptoms, considering symptoms that occurred ≥ 90 and ≤ 365 days after index date, excluding individuals with the respective symptoms 180 days prior to the index event. Stratified analyses were conducted by age and sex. Incidence rate ratios (IRRs) were calculated comparing rates in the infected cohort versus the general population. Results from the different databases were combined using random-effects meta-analyses. **Findings:** 3,019,408 individuals were included in the infection cohort. 1,585,160 of them were female and 1,434,248 of them male. 929,351,505 individuals were included in the general population group. 461,195,036 of them were female and 466,022,004 of them male. The 1-year IR of any post-acute COVID-19 symptom in the COVID-19 infection cohort varied significantly across databases, from 4.4 (95% CI 3.8-5.1) per 100 person-years to 103.9 (95% CI 103.2-104.7). The five most common symptoms were joint pain..., abdominal pain..., gastrointestinal issues..., cough..., and anxiety.... **Interpretation:** Post-acute COVID-19 symptoms, as listed by the WHO, were commonly observed following COVID-19 infection. However, even after standardising research methods, there was significant heterogeneity in the incidence rates from different healthcare settings and geographical locations. ...

要約

背景：WHOは、ポストコロナ状態の臨床診断を支援する一連の症状を特定しており、ここでは急性期後COVID-19症状と呼ぶ。我々は、北米、ヨーロッパ、アジアにおけるこれらの症状の負担を推定するために、国際的なネットワークコホート研究を実施した

方法：2020年9月1日から最新データが利用可能の期間に、英国、オランダ、ノルウェー、エストニア、スペイン、フランス、韓国、米国の10のデータベースを対象に、統合分析を実施した。プライマリケアおよび二次医療、全国レジストリ、請求データが対象で、すべてOMOP CDMにマッピングされている。主な解析のために2つのコホートを定義した：SARS-CoV-2感染コホート…と一般人口コホート。365日未満の遡った履歴または120日未満の追跡調査期間の対象は除外した。WHOが提案した急性期後の25のCOVID-19症状の発症率（IR）について、インデックス日後90日以上365日以内に発症した症状（ただし、その症状がインデックス日の180日前に発症している対象を除く）により推定した。年齢と性別で層別解析した。感染コホートと一般人口の発生率から発生率比（IRR）を算出した。異なるデータベースからの結果は、ランダム効果メタアナリシスを用いて統合した。

結果：感染コホートには3,019,408人が含まれ…一般人口コホートには929,351,505人が含まれていた…感染コホートにおける急性期後COVID-19症状の1年発生率は、データベースによって大きく異なり、100人年あたり4.4（95%CI 3.8-5.1）から103.9（95%CI 103.2-104.7）であった。最も一般的な症状は、関節痛…、腹痛…、胃腸障害…、咳…、不安…であった。…

解釈：WHOが列挙した急性期後のCOVID-19症状は、COVID-19感染後に一般的に観察された。しかし、研究方法を標準化しても、異なる医療環境や地理的位置による発生率には著しい異質性が認められた。…

人工関節全置換術後の持続的オピオイド使用に関連する因子を特定する： レトロスペクティブ・レビュー

> Pain Med. 2024 Nov 20;pnae120. doi: 10.1093/pm/pnae120. Online ahead of print.

Identifying factors associated with persistent opioid use after total joint arthroplasty: A retrospective review

Aurora Quaye^{1 2 3}, John DiPalazzo⁴, Kristin Kostka^{5 6}, Janelle M Richard¹,
Blaire Beers-Mulroy¹, Meredith Peck¹, Robert Krulee⁷, Yi Zhang⁸

Affiliations — collapse

Affiliations

- 1 Department of Anesthesiology and Perioperative Medicine, Maine Medical Center, Portland, ME, United States.
- 2 Spectrum Healthcare Partners, Portland, ME.
- 3 Tufts University School of Medicine, Boston, MA, United States.
- 4 Center for Interdisciplinary Population & Health Research, Maine Health Institute for Research, Scarborough, ME.
- 5 OHDSI Center at the Roux Institute, Northeastern University, Portland, ME.
- 6 Nuffield Department of Orthopaedics, Rheumatology, and Musculoskeletal Sciences, University of Oxford, OX3 7LD, United Kingdom.
- 7 University of New England College of Osteopathic Medicine, Portland, ME.
- 8 Department of Anesthesia, Critical Care, and Pain Medicine, Massachusetts General Hospital, Boston, MA.

PMID: 39565915 DOI: 10.1093/pm/pnae120

人工関節全置換術後の持続的オピオイド使用に関連する因子を特定する： レトロスペクティブ・レビュー

Abstract:

Objective: To identify predictors of persistent opioid use in opioid-naïve individuals undergoing total joint arthroplasty.

Design: Retrospective cohort study.

Setting: Maine Health System.

Subjects: Opioid-naïve patients who underwent at least one total joint arthroplasty (knee, hip, or shoulder) between 2015 and 2020.

Methods: Least Absolute Shrinkage and Selection Operator (LASSO) logistic regression was used to create a predictive model for persistent opioid use after surgery from a US Electronic Health Record dataset in the Observational Medical Outcomes Partnership (OMOP) Common Data Model (CDM) format. 75% of the data was used to build the LASSO model using 10-fold cross-validation and 25% of the data was used to determine the optimal probability threshold for predicting the binary outcome.

Results: Out of 6432 patients, 12.3% (792) were identified as having persistent opioid use across combined total joint arthroplasties defined as at least one opioid prescription between 90 days and one year after surgery. Patients with persistent opioid use were more likely to be current smokers (OR 1.65), use antidepressants (OR 1.76), or have a diagnosis of post-traumatic stress disorder (OR 2.07), or a substance related disorder (OR 1.69). Other factors associated with persistent opioid use included back pain (OR 1.43), dementia (OR 1.65), and BMI over 40 (OR 2.50). The probability of persistent opioid use was not associated with age, sex, or ethnicity.

Conclusions: This predictive model for persistent opioid use after total joint arthroplasty shows promise as an evidence-based, validated, and standardized tool for identifying high-risk patients before surgery in order to target strategies and interventions to reduce the reliance on opioids for post-operative pain control.

要旨:

目的： 人工関節全置換術を受けるオピオイド未使用者におけるオピオイド持続使用の予測因子を同定すること

デザイン： レトロスペクティブコホート研究

設定： メイン医療システム

対象： 2015年から2020年の間に少なくとも1回の人工関節全置換術（膝、股関節、肩）を受けたオピオイド未投与患者

方法： LASSOロジスティック回帰を用いて、OMOP-CDM形式の米国電子カルテデータセットから、手術後の持続的なオピオイド使用の予測モデルを作成した。データの75%は、10倍のクロスバリデーションを用いてLASSOモデルを構築するために使用され、データの25%は、バイナリ結果を予測するための最適な確率閾値を決定するために使用された。

結果： 6432人の患者のうち、12.3%（792人）が、手術後90日から1年の間に少なくとも1回のオピオイド処方を受けたことで定義される人工関節全置換術後の持続的オピオイド使用有りと同定された。持続的オピオイド使用のある患者は、現在喫煙者（OR 1.65）、抗うつ薬の使用（OR 1.76）、心的外傷後ストレス障害（OR 2.07）、物質関連障害（OR 1.69）の診断を受けている可能性が高かった。持続的なオピオイド使用と関連するその他の因子には、背部痛（OR 1.43）、認知症（OR 1.65）、BMI 40以上（OR 2.50）があった。オピオイド持続使用の確率は、年齢、性別、民族性とは関連していなかった。

結論： 人工関節全置換術後の持続的オピオイド使用に関するこの予測モデルは、術後の疼痛コントロールにおけるオピオイドへの依存を軽減するための戦略や介入に的を絞るために、術前に高リスク患者を同定するための、エビデンスに基づき、検証され、標準化されたツールとして有望である。

OMOP-CDM用いた計画入院の在院日数予測：レトロスペクティブ研究

> [J Med Internet Res. 2024 Nov 22;26:e59260. doi: 10.2196/59260.](#)

Hospital Length of Stay Prediction for Planned Admissions Using Observational Medical Outcomes Partnership Common Data Model: Retrospective Study

Haeun Lee ^{1 2}, Seok Kim ², Hui-Woun Moon ², Ho-Young Lee ², Kwangsoo Kim ³,
Se Young Jung ^{# 4}, Sooyoung Yoo ^{# 2}

Affiliations – collapse

Affiliations

- 1 Department of Biomedical Informatics and Data Science, Johns Hopkins School of Medicine, Johns Hopkins University, Baltimore, MD, United States.
 - 2 Office of eHealth Research and Businesses, Seoul National University Bundang Hospital, Seongnam-si, Republic of Korea.
 - 3 Department of Transdisciplinary Medicine, Seoul National University Hospital, Seoul, Republic of Korea.
 - 4 Department of Family Medicine, Seoul National University Bundang Hospital, Seongnam-si, Republic of Korea.
- # Contributed equally.

PMID: 39576284 PMCID: [PMC11624451](#) DOI: [10.2196/59260](#)

OMOP-CDM用いた計画入院の在院日数予測：レトロスペクティブ研究

Abstract: Background: Accurate hospital length of stay (LoS) prediction enables efficient resource management. Conventional LoS prediction models with limited covariates and nonstandardized data have limited reproducibility when applied to the general population.

Objective: In this study, we developed and validated a machine learning (ML)-based LoS prediction model for planned admissions using the OMOP CDM.

Methods: Retrospective patient-level prediction models used EHR data converted to the OMOP CDM (version 5.3) from Seoul National University Bundang Hospital (SNUBH) in South Korea. The study included 137,437 hospital admission episodes between January 2016 and December 2020. Covariates from the patient, condition occurrence, medication, observation, measurement, procedure, and visit occurrence tables were included in the analysis. To perform feature selection, we applied Lasso regularization in the logistic regression. The primary outcome was an LoS of 7 days or longer, while the secondary outcome was an LoS of 3 days or longer. The prediction models were developed using 6 ML algorithms, with the training and test set split in a 7:3 ratio. The performance of each model was evaluated based on the area under the receiver operating characteristic curve (AUROC) and the area under the precision-recall curve (AUPRC). SHAP analysis measured feature importance, while calibration plots assessed the reliability of the prediction models. External validation of the developed models occurred at an independent institution, the Seoul National University Hospital.

Results: The final sample included 129,938 patient entry events in the planned admissions. The Extreme Gradient Boosting (XGB) model achieved the best performance in binary classification for predicting an LoS of 7 days or longer, with an AUROC of 0.891 (95% CI 0.887-0.894) and an AUPRC of 0.819 (95% CI 0.813-0.826) on the internal test set. The Light Gradient Boosting (LGB) model performed the best in the multiclassification for predicting an LoS of 3 days or more, with an AUROC of 0.901 (95% CI 0.898-0.904) and an AUPRC of 0.770 (95% CI 0.762-0.779). The most important features contributing to the models were the operation performed, frequency of previous outpatient visits, patient admission department, age, and day of admission. The RF model showed robust performance in the external validation set, achieving an AUROC of 0.804 (95% CI 0.802-0.807).

Conclusions: The use of the OMOP CDM in predicting hospital LoS for planned admissions demonstrates promising predictive capabilities for stays of varying durations. It underscores the advantage of standardized data in achieving reproducible results. This approach should serve as a model for enhancing operational efficiency and patient care coordination across health care settings.

要旨:

背景 正確な在院日数 (LoS) 予測は、効率的な資源管理を可能にする。限られた共変量と非標準化データを用いた従来のLoS予測モデルは、一般集団に適用した場合、再現性に限界がある。

目的 本研究では、OMOP CDMを用いて、機械学習 (ML) に基づく計画入院のLoS予測モデルを開発し検証した。

方法 韓国のソウル大学盆唐病院 (SNUBH) のOMOP CDM (バージョン5.3) に変換されたEHRデータを用いて、患者レベルのレトロスペクティブ予測モデルを作成した。本研究では、2016年1月から2020年12月までの入院エピソード137,437件を対象とした。患者、病態発生、投薬、観察、測定、処置、および来院発生表からの共変量が分析に含まれた。特徴選択を行うために、ロジスティック回帰でLasso正則化を適用した。主要アウトカムは7日以上のLoSとし、副次的アウトカムは3日以上のLoSとした。予測モデルは6つのMLアルゴリズムを用いて開発され、トレーニングセットとテストセットは7:3の割合で分割された。各モデルの性能は、受信者動作特性曲線下面積 (AUROC) と精度-再現曲線下面積 (AUPRC) に基づいて評価された。SHAP分析では特徴の重要性を測定し、キャリブレーションプロットでは予測モデルの信頼性を評価した。開発されたモデルの外部検証は、独立機関であるソウル大学病院で行われた。

結果 最終サンプルには、計画された入院における129,938件の患者入室イベントが含まれた。Extreme Gradient Boosting (XGB) モデルは、…Light Gradient Boosting (LGB) モデルは、AUROC 0.901 (95%CI 0.898-0.904)、AUPRC 0.770 (95%CI 0.762-0.779) と、3日以上のLoSを予測する多クラス分類において最も良い結果を示した。モデルに寄与する最も重要な特徴は、実施された手術、過去の外来受診頻度、患者の入院科、年齢、入院日であった。RFモデルは…。

結論 OMOP CDMを計画入院のLoS予測に使用することで、様々な期間の入院に対して有望な予測能力が示された。再現性のある結果を得るためには、標準化されたデータが有利であることが強調された。このアプローチは、医療現場全体の業務効率と患者ケアの連携を強化するためのモデルとして役立つはずである。

多施設レジストリを例とした医学研究データセットのマッピングにおける OMOP CDMの適合性

› [Stud Health Technol Inform.](#) 2024 Nov 22:321:170-174. doi: 10.3233/SHTI241086.

Suitability of the OMOP Common Data Model for Mapping Datasets of Medical Research Studies Using the Example of a Multicenter Registry

[Milla Kurtz](#)¹, [Alfred Winter](#)¹, [Matthias Löbe](#)¹

Affiliations – collapse

Affiliation

¹ Institute for Medical Informatics, Statistics and Epidemiology (IMISE), University of Leipzig,
Leipzig, Germany.

PMID: 39575802 DOI: [10.3233/SHTI241086](#)



多施設レジストリを例とした医学研究データセットのマッピングにおける OMOP CDMの適合性

Abstract Common Data Models (CDM) are developed to solve integration problems that arise in the secondary use of health data. The OMOP CDM is such a model that is mainly used for healthcare data, so this paper examines whether it is also suitable for mapping research data. An exemplary research dataset is mapped to the model and the model is tested for suitability. For this purpose, an ETL process is first designed with the OHDSI tools and finally implemented with Talend Open Studio for Data Integration. The data quality is checked, and the mapping and the model, together with the tools, are evaluated. Overall, all but three data fields from the source dataset could be mapped to the OMOP model, so that the model's suitability for research data can be confirmed.

要約:

共通データモデル（CDM）は、健康データの二次利用で生じる統合問題を解決するために開発されている。OMOP CDMは主にヘルスケアデータに使用されるこのようなモデルであるため、本稿では研究データのマッピングにも適しているかどうかを検証する。模範的な研究データセットをこのモデルにマッピングし、モデルの適合性を検証する。この目的のために、まずOHDSIツールでETLプロセスを設計し、最終的にTalend Open Studio for Data Integrationで実装する。データ品質がチェックされ、マッピングとモデルがツールとともに評価される。全体として、ソースデータセットから3つのデータフィールドを除くすべてのデータフィールドをOMOPモデルにマッピングすることができ、研究データに対するモデルの適合性を確認することができた。

多施設レジストリを例とした医学研究データセットのマッピングにおける OMOP CDMの適合性

結果

構造マッピングの結果

- 14のOMOP表とモデルのフィールドの51.9%（177から92）を埋めることができた。
- 「人種」と「民族」を除き、すべての必須フィールドを埋めることができた。両方とも0（「一致する概念がない」）にマップされた。
- OBSERVATIONテーブルが非臨床観察に使用され、'eventsupplementary'フィールドがいくつかのソースフィールドに使用された。
- 3つのデータフィールドは、データ保護の理由からマッピングできなかった： 姓名とクリニックの内部ID

コンテンツマッピングの結果

- 61.6%の値が一意的な概念に割り当てられ、3%の値については「uphill マッピング」が行われ、11.5%の値は0（「一致する概念がない」）にマッピングされた。
- 3.9%の値は、OMOPではイベントの非存在を保存できないため、マッピングできなかった。
- 併存疾患のようなフリーテキストの手作業によるマッピングは時間がかかりすぎるため、これらも0にマッピングされた。場合によっては、フィールドが文字制限されているため、文字列を短くする必要があった。

定性的結果

- データ品質ダッシュボードで定義された総合的なデータ品質指標は98%を達成した。
- 主に医学知識不足に起因するマッピングの「失敗」も示された。例えば、plausibility（妥当性）については、芽球測定のコセプトが単位と一致しないために「失敗」となった。この誤りは筆者の医学知識不足によるものであるが、修正可能である。

口腔潜在性悪性疾患に関する抗核抗体陽性と悪性転化の可能性

› [Oral Dis.](#) 2024 Nov 25. doi: 10.1111/odi.15208. Online ahead of print.

Antinuclear Positivity and Malignant Transformation Potential of Oral Potentially Malignant Disorder

Seok Woo Hong¹, Jeong-Hyun Kang^{2,3}

Affiliations — collapse

Affiliations

- 1 Department of Orthopedic Surgery, Kangbuk Samsung Hospital, Sungkyunkwan University School of Medicine, Seoul, Korea.
- 2 Samsung Advanced Institute for Health Sciences & Technology, Sungkyunkwan University, Seoul, Korea.
- 3 Clinic of Oral Medicine and Orofacial Pain, Institute of Oral Health Science, Ajou University School of Medicine, Suwon, Gyeonggi-do, Korea.

PMID: 39587821 DOI: [10.1111/odi.15208](#)

口腔潜在性悪性疾患に関する抗核抗体陽性と悪性転化の可能性

Abstract:

Objective: This multicenter cohort study aimed to investigate the impact of antinuclear antibody (ANA) positivity on the malignant transformation potential of oral potentially malignant disorders (OPMDs) using the Observational Health Sciences and Informatics network tools for the Observational Medical Outcomes Partnership (OMOP) Common Data Model (CDM).

Materials and methods: Retrospective cohort data from five medical centers were analyzed. Cox regression and 1:4 propensity score matching followed by aggregated meta-analysis were used to evaluate association between ANA positivity and the risk of oral squamous cell carcinoma (OSCC). The index date was defined as the first day of diagnosis of OPMD. The target and comparator cohorts comprised patients who tested positive and negative for ANA within 180 days before or after the index date, respectively.

Results: Among 27,984 OPMD patients, 1302 patients (4.65%) confirmed malignant transformation. Among these, 3035 patients had ANA laboratory data. After 1:4 PS matching, 523 and 1598 patients with positive and negative for ANA were analyzed. Meta-analysis of the hazard ratios demonstrated that ANA positivity significantly increased the risk of malignant transformation compared to ANA negativity.

Conclusions: ANA positivity is a significant prognostic marker for predicting malignant transformation in patients with OPMD.

要約:

目的 この多施設コホート研究は、OMOP CDMのためのOHDSIネットワークツールを用いて、抗核抗体（ANA）陽性が口腔潜在性悪性疾患（OPMD）の悪性転化の可能性に及ぼす影響を調査することを目的とした。

方法 5施設のレトロスペクティブコホートデータを解析した。ANA陽性と口腔扁平上皮がん（OSCC）リスクとの関連を評価するために、Cox回帰と1：4傾向スコアマッチング、それに続く集計メタ解析が用いられた。指標日は、OPMDと診断された最初の日と定義した。対象コホートと比較対象コホートは、それぞれ指標日の前後180日以内にANA検査で陽性と判定された患者と陰性と判定された患者で構成された。

結果 27,984例のOPMD患者のうち、1,302例（4.65%）で悪性転化が確認された。このうち3035例がANA検査データを有していた。1:4のPSマッチング後、ANA陽性患者523例と陰性患者1598例を解析した。ハザード比のメタアナリシスにより、ANA陽性は陰性に比べて悪性転化のリスクを有意に増加させることが示された。

結論 ANA陽性はOPMD患者の悪性転化を予測する重要な予後マーカーである。

放射線学的軸性脊椎関節炎の診断までの時間における格差

> J Rheumatol. 2024 Dec 1;jrheum.2024-0574. doi: 10.3899/jrheum.2024-0574. Online ahead of print.

Disparities in Time to Diagnosis of Radiographic Axial Spondyloarthritis

Renato Ferrandiz-Espadin¹, Gabriela Rabasa², Sarah Gasman³, Brooke McGinley⁴,
Rachael Stovall⁵, S Reza Jafarzadeh⁶, Jean W Liew⁷, Maureen Dubreuil⁸

Affiliations

- 1 R. Ferrandiz-Espadin, MD, MHA, Department of Internal Medicine, North Alabama Medical Center, Florence, Alabama.
- 2 G. Rabasa, MS, Section of Rheumatology, Boston University Chobanian and Avedisian School of Medicine, Boston, Massachusetts.
- 3 S. Gasman, MSc, Department of Pediatrics, Boston Medical Center, Boston, Massachusetts.
- 4 B. McGinley, BS, BA, School of Public Health, Boston University, Boston, Massachusetts.
- 5 R. Stovall, MD, MAS, Division of Rheumatology, University of Washington, Seattle, Washington.
- 6 S.R. Jafarzadeh, DVM, MPVM, PhD, School of Public Health, Boston University, Boston, Massachusetts.
- 7 J.W. Liew, MD, MS, Section of Rheumatology, Boston University Chobanian and Avedisian School of Medicine, Boston, Massachusetts.
- 8 M. Dubreuil, MD, MSc, Section of Rheumatology, Boston University Chobanian & Avedisian School of Medicine, Boston, Massachusetts, and Division of Rheumatology, University of Washington, Seattle, Washington, USA.

PMID: 39486857 DOI: 10.3899/jrheum.2024-0574

放射線学的軸性脊椎関節炎の診断までの時間における格差

Abstract:

Objective: Radiographic axial spondyloarthritis (r-axSpA) has a 7-year average diagnostic delay. Although the effects of sex or gender on time to diagnosis have been evaluated, the role of social determinants of health remains understudied. We assessed whether time from initial clinical documentation of r-axSpA symptoms to r-axSpA diagnosis (diagnostic delay) varies based on sex, race, ethnicity, and/or the presence of social needs.

Methods: We studied patients with r-axSpA from a tertiary center from 2000 to 2022. The cohort was built with the Observational Health Data Sciences and Informatics (OHDSI) network. For the primary analysis, we assessed the time from back pain and/or spinal pain to r-axSpA diagnosis and, secondarily, the time to r-axSpA from any other r-axSpA-related condition. To estimate differences in diagnostic delay, we employed an accelerated failure time parametric survival model.

Results: We included 404 patients (mean age 49 years; 38.6% female), with 25.5% identifying as Black, 31.1% as other or unknown race, and 14.1% as Hispanic. Patients with a documented social need had a 21% increase in time from back pain to r-axSpA diagnosis (95% CI 0.93-1.56). In patients with any r-axSpA-related condition, time to diagnosis similarly increased by 21% (95% CI 0.92-1.57). Considering that there is an average time to diagnosis of 34 months, a social need increased time to diagnosis by 7 months.

Conclusion: This study reveals a trend toward diagnostic delay in r-axSpA related to social need, sex, race, and ethnicity. Future studies should focus on referral strategies to enable prompt diagnosis and optimize care.

要約:

目的 放射線性軸性脊椎関節炎 (r-axSpA) の診断遅延は平均7年である。診断までの時間に対する性差の影響は評価されているが、健康の社会的決定要因の役割についてはまだ十分な研究がなされていない。r-axSpAの症状が最初に臨床記録されてからr-axSpAと診断されるまでの時間 (診断遅延) が、性別、人種、民族、および/または社会的ニーズの有無によって異なるかどうかを評価した。

方法 2000年から2022年まで、ある3次施設のr-axSpA患者を調査した。コホートはOHDSIネットワークを用いて構築した。一次解析では、背部痛および/または脊椎痛からr-axSpAと診断されるまでの時間を評価し、二次解析では、他のr-axSpA関連疾患からr-axSpAと診断されるまでの時間を評価した。診断遅延の差を推定するために、加速パラメトリック生存モデルを採用した。

結果 404名の患者 (平均年齢49歳、女性38.6%) を対象とし、25.5%が黒人、31.1%がその他または人種不明、14.1%がヒスパニックであった。社会的ニーズがある患者では、背部痛からr-axSpAと診断されるまでの期間が21%増加した (95%CI 0.93-1.56)。r-axSpAに関連する疾患を有する患者においても、診断までの時間は同様に21%増加した (95%CI 0.92-1.57)。診断までの平均期間が34ヵ月であることを考慮すると、社会的ニーズが診断までの期間を7ヵ月延長させた。

結論 本研究により、r-axSpAにおける診断遅延の傾向が、社会的ニーズ、性別、人種、民族に関連していることが明らかになった。今後の研究では、迅速な診断を可能にし、治療を最適化するための紹介戦略に焦点を当てるべきである。

LHSのかなめ：情報交換と共通データモデル

› [J Am Med Inform Assoc. 2025 Jan 1;32\(1\):9-19. doi: 10.1093/jamia/ocae277.](#)

Learning health system linchpins: information exchange and a common data model

Aaron S Eisman^{1 2 3}, Elizabeth S Chen^{1 2 4}, Wen-Chih Wu^{2 4 5}, Karen M Crowley¹, Dilum P Aluthge^{1 2}, Katherine Brown^{1 2}, Indra Neil Sarkar^{1 2 4 6}

Affiliations – collapse

Affiliations

- 1 Center for Biomedical Informatics, Brown University, Providence, RI 02912, United States.
- 2 The Warren Alpert Medical School, Brown University, Providence, RI 02912, United States.
- 3 Yale School of Medicine, New Haven, CT 06510, United States.
- 4 School of Public Health, Brown University, Providence, RI 02912, United States.
- 5 Division of Cardiology, VA Providence Health Care, Providence, RI 02912, United States.
- 6 Rhode Island Quality Institute, Providence, RI 02912, United States.

PMID: 39538369 PMCID: PMC11648737 (available on 2025-11-13) DOI: [10.1093/jamia/ocae277](#)

LHSのかなめ：情報交換と共通データモデル

Abstract:

Objective: To demonstrate the potential for a centrally managed health information exchange standardized to a common data model (HIE-CDM) to facilitate semantic data flow needed to support a learning health system (LHS).

Materials and methods: The Rhode Island Quality Institute operates the Rhode Island (RI) statewide HIE, which aggregates RI health data for more than half of the state's population from 47 data partners. We standardized HIE data to the Observational Medical Outcomes Partnership (OMOP) CDM. Atherosclerotic cardiovascular disease (ASCVD) risk and primary prevention practices were selected to demonstrate LHS semantic data flow from 2013 to 2023.

Results: We calculated longitudinal 10-year ASCVD risk on 62,999 individuals. Nearly two-thirds had ASCVD risk factors from more than one data partner. This enabled granular tracking of individual ASCVD risk, primary prevention (ie, statin therapy), and incident disease. The population was on statins for fewer than half of the guideline-recommended days. We also found that individuals receiving care at Federally Qualified Health Centers were more likely to have unfavorable ASCVD risk profiles and more likely to be on statins. CDM transformation reduced data heterogeneity through a unified health record that adheres to defined terminologies per OMOP domain.

Discussion: We demonstrated the potential for an HIE-CDM to enable observational population health research. We also showed how to leverage existing health information technology infrastructure and health data best practices to break down LHS barriers.

Conclusion: HIE-CDM facilitates knowledge curation and health system intervention development at the individual, health system, and population levels.

要旨:

目的 学習型医療システム（LHS）をサポートするために必要なセマンティックなデータフローを促進するため、共通データモデル(CDM)に標準化された一元管理型医療情報交換（HIE: health information exchange）(HIE-CDM) の可能性を実証する。

方法 Rhode Island Quality Instituteはロードアイランド（RI）州全体のHIEを運営しており、47のデータパートナーから州人口の半分以上のRIヘルスデータを集約している。HIEのデータをOMOPのCDMに標準化した。2013年から2023年までのLHSセマンティックデータフローを実証するために、動脈硬化性心血管疾患（ASCVD）リスクと一次予防の診療を選択した。

結果 62,999人の10年間のASCVDリスクを経時的に計算した。3分の2近くが複数のデータパートナーからASCVDリスク因子を得ていた。これにより、個人のASCVDリスク、一次予防（すなわちスタチン治療）、発症疾患のきめ細かな追跡が可能となった。この集団はスタチンの投与期間がガイドラインで推奨されている日数の半分以下であった。また、連邦政府管轄の保健センターで治療を受けている人は、ASCVDリスクプロファイルが悪く、スタチン治療を受けている可能性が高いことがわかった。CDM変換は、OMOPドメインごとに定義された用語に準拠した統一されたヘルスデータにより、データの異質性を減少させた。

考察 我々は、HIE-CDMが集団の観察的研究を可能にする可能性を示した。また、LHS実施への障壁を取り除くために、既存の医療情報技術インフラと医療データのベストプラクティスを活用する方法を示した。

結論 HIE-CDMは、個人、医療システム、集団レベルでの知識キュレーションと医療システム介入開発を促進する。

DARWIN EUにおける分散解析とツールを用いて標準化され再現可能な表現型解析

> *Pharmacoepidemiol Drug Saf.* 2024 Nov;33(11):e70042. doi: 10.1002/pds.70042.

Standardised and Reproducible Phenotyping Using Distributed Analytics and Tools in the Data Analysis and Real World Interrogation Network (DARWIN EU)

Francesco Dernie^{1 2}, George Corby^{1 2}, Abigail Robinson^{1 2}, James Bezer^{1 2}, Nuria Mercade-Besora², Romain Griffier³, Guillaume Verdy³, Angela Leis⁴, Juan Manuel Ramirez-Anguita⁵, Miguel A Mayer^{4 5}, James T Brash⁶, Sarah Seager⁶, Rowan Parry⁷, Annika Jodicke², Talita Duarte-Salles^{7 8}, Peter R Rijnbeek⁷, Katia Verhamme⁷, Alexandra Pacurariu⁹, Daniel Morales^{9 10}, Luis Pinheiro⁹, Daniel Prieto-Alhambra^{2 7}, Albert Prats-Urbe²

Affiliations

- 1 Medical Sciences Division, University of Oxford, Oxford, UK.
- 2 Pharmaco- and Device Epidemiology, Centre for Statistics in Medicines, Nuffield Department of Orthopaedics, Rheumatology and Musculoskeletal Sciences, University of Oxford, Oxford, UK.
- 3 Public Health Department, Medical Information Service, Medical Informatics and Archiving Unit (IAM), University Hospital of Bordeaux, Bordeaux, France.
- 4 Research Programme on Biomedical Informatics (GRIB), Hospital del Mar Research Institute, Barcelona, Spain.
- 5 Management and Control Department, Consorci Mar Parc de Salut de Barcelona, Barcelona, Spain.
- 6 Real World Solutions, IQVIA, Brighton, UK.
- 7 Department of Medical Informatics, Erasmus University Medical Centre, Rotterdam, The Netherlands.
- 8 Fundació Institut Universitari per a la Recerca a l'Atenció Primària de Salut Jordi Gol i Gurina (IDIAPJGol), Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona, Spain.
- 9 Real World Evidence Workstream, European Medicines Agency, Amsterdam, The Netherlands.
- 10 Division of Population Health and Genomics, University of Dundee, Dundee, UK.

PMID: 39532529 DOI: 10.1002/pds.70042

DARWIN EUにおける分散解析とツールを用いて標準化され再現可能な表現型解析



Abstract Purpose: The generation of representative disease phenotypes is important for ensuring the reliability of the findings of observational studies. The aim of this manuscript is to outline a reproducible framework for reliable and traceable phenotype generation based on real world data for use in the Data Analysis and Real-World Interrogation Network (DARWIN EU). We illustrate the use of this framework by generating phenotypes for two diseases: pancreatic cancer and systemic lupus erythematosus (SLE). Methods: The phenotyping process involves a 14-steps process based on a standard operating procedure co-created by the DARWIN EU Coordination Centre in collaboration with the European Medicines Agency. A number of bespoke R packages were utilised to generate and review codelists for two phenotypes based on real world data mapped to the OMOP Common Data Model. Results: Codelists were generated for both pancreatic cancer and SLE, and cohorts were generated in six OMOP-mapped databases. Diagnostic checks were performed, which showed these cohorts had broadly similar incidence and prevalence figures to previously published literature, despite significant inter-database variability. Co-occurrent symptoms, conditions, and medication use were in keeping with pre-specified clinical descriptions based on previous knowledge.

Conclusions: Our detailed phenotyping process makes use of bespoke tools and allows for comprehensive codelist generation and review, as well as large-scale exploration of the characteristics of the resulting cohorts. Wider use of structured and reproducible phenotyping methods will be important in ensuring the reliability of observational studies for regulatory purposes.

要約 :

目的 : 代表的な疾患表現型の作成は、観察研究の知見の信頼性を確保するために重要である。本論文の目的は、DARWIN EUで使用される、RWDに基づいた信頼性が高く追跡可能な表現型生成のための再現可能なフレームワークの概要を示すことである。膵臓がんと全身性エリテマトーデス (SLE) という2つの疾患について表現型を生成することで、このフレームワークの使用法を説明する。

方法 フェノタイピングのプロセスは、DARWIN EU Coordination CentreがEMA (欧州医薬品庁) と共同で作成した標準操作手順書に基づいた14のステップからなる。OMOP CDMにマッピングされた実データに基づき、2つの表現型のコードリストを作成し、レビューするために、多くのカスタムRパッケージが利用された。

結果 膵臓がんとSLEについてコードリストが作成され、OMOPにマッピングされた6つのデータベースでコホートが作成された。ダイアグノスティックを行った結果、データベース間のばらつきは大きかったものの、これらのコホートは過去に発表された文献とほぼ同様の罹患率および有病率を示した。併発する症状、病態、薬剤の使用は、過去の知見に基づいて事前に規定された臨床的記述と一致していた。

結論 われわれの詳細な表現型分類プロセスは、カスタムツールを利用し、包括的なコードリストの作成とレビュー、さらに得られたコホートの特徴の大規模な調査を可能にしている。構造化された再現性のある表現型分類法を広く用いることは、規制目的の観察研究の信頼性を確保する上で重要であろう。



Julia言語と関連ソフトウェアを用いた生理学的シグナル解析とオープンサイエンス

Review > [Front Netw Physiol. 2024 Nov 6:4:1478280. doi: 10.3389/fnetp.2024.1478280.](#)

eCollection 2024.

Physiological signal analysis and open science using the Julia language and associated software

George Datsaris ¹, Jacob S Zelko ^{2 3}

Affiliations – collapse

Affiliations


- 1 Department of Mathematics and Statistics, University of Exeter, Exeter, United Kingdom.
- 2 Department of Mathematics, Northeastern University, Boston, MA, United States.
- 3 OHDSI Center, Roux Institute, Northeastern University, Portland, ME, United States.

PMID: 39569020 PMCID: [PMC11577965](#) DOI: [10.3389/fnetp.2024.1478280](#)

Julia言語と関連ソフトウェアを用いた生理学的シグナル解析とオープンサイエンス

Abstract: In this mini review, we propose the use of the Julia programming language and its software as a strong candidate for reproducible, efficient, and sustainable physiological signal analysis. First, we highlight available software and Julia communities that provide top-of-the-class algorithms for all aspects of physiological signal processing despite the language's relatively young age. Julia can significantly accelerate both research and software development due to its high-level interactive language and high-performance code generation. It is also particularly suited for open and reproducible science. Openness is supported and welcomed because the overwhelming majority of Julia software programs are open source and developed openly on public platforms, primarily through individual contributions. Such an environment increases the likelihood that an individual not (originally) associated with a software program would still be willing to contribute their code, further promoting code sharing and reuse. On the other hand, Julia's exceptionally strong package manager and surrounding ecosystem make it easy to create self-contained, reproducible projects that can be instantly installed and run, irrespective of processor architecture or operating system.

要約: このミニレビューでは、Juliaプログラミング言語とそのソフトウェアの使用を、再現可能で効率的かつ持続可能な生理学的シグナル解析の有力な候補として提案する。まず、Juliaが比較的若い言語であるにもかかわらず、生理学的シグナル処理のあらゆる側面に対してトップクラスのアルゴリズムを提供する、利用可能なソフトウェアとJuliaコミュニティに焦点を当てる。Juliaは、その高レベルの対話型言語と高性能なコード生成により、研究とソフトウェア開発の両方を大幅に加速することができる。また、オープンで再現可能な科学に特に適している。圧倒的多数のJuliaソフトウェア・プログラムがオープンソースであり、主に個人の貢献によって公開プラットフォーム上でオープンに開発されているため、オープン性は支持され歓迎されている。このような環境は、ソフトウェア・プログラムに（もともと）関係のない個人がコードを提供する可能性を高め、コードの共有と再利用をさらに促進する。一方、Juliaの非常に強力なパッケージ・マネージャとそれを取り巻くエコシステムは、プロセッサのアーキテクチャやオペレーティング・システムに関係なく、即座にインストールして実行できる自己完結型の再現可能なプロジェクトを簡単に作成できる。



データ要素のセマンティクスを利用した 標準規格間の医療データハーモナイゼーション

› [Sci Data](#). 2024 Dec 19;11(1):1407. doi: 10.1038/s41597-024-04168-1.

Cross-Standard Health Data Harmonization using Semantics of Data Elements


Shuxin Zhang ^{1 2}, Ronald Cornet ^{3 4}, Nirupama Benis ^{3 4}

Affiliations – collapse

Affiliations

- 1 Amsterdam UMC location University of Amsterdam, Department of Medical Informatics, Amsterdam, 1105, AZ, The Netherlands. s.x.zhang@amsterdamumc.nl.
- 2 Amsterdam Public Health, Digital Health & Methodology, Amsterdam, 1105, AZ, The Netherlands. s.x.zhang@amsterdamumc.nl.
- 3 Amsterdam UMC location University of Amsterdam, Department of Medical Informatics, Amsterdam, 1105, AZ, The Netherlands.
- 4 Amsterdam Public Health, Digital Health & Methodology, Amsterdam, 1105, AZ, The Netherlands.

PMID: 39702578 PMCID: [PMC11659470](#) DOI: [10.1038/s41597-024-04168-1](#)



データ要素のセマンティクスを利用した 標準規格間の医療データハーモナイゼーション

Abstract: Faced with heterogeneity of healthcare data, we propose a novel approach for harmonizing data elements (i.e., attributes) across health data standards. This approach focuses on the implicit concept that is represented by a data element. The process includes the following steps: identifying concepts, clustering similar concepts and constructing mappings between the clusters using the Simple Standard for Sharing Ontological Mappings (SSSOM) and Resource Description Framework (RDF), and enabling the creation of reusable mappings. As proof-of-concept, we applied the approach to five common health data standards - HL7 FHIR, OMOP, CDISC, Phenopackets, and openEHR, across four domains, such as demographics and diagnoses, and nine topics within those domains, such as gender and vital status. These domains and topics are selected to represent the broader range of topics in the health field. For each topic, data elements were found in the health data standards after a thorough search, resulting in the analysis of 64 data elements, identification of their underlying concepts, and development of mappings. Three use cases were implemented to demonstrate the role of data element concepts in data harmonization and data querying at varying levels of granularity. The approach helps overcome the limitations of context-dependent mappings and provides valuable insight for mapping practice within the health domain.

要約:

医療データの異質性に直面し、医療データ標準間でデータ要素（すなわち属性）を調和させるための新しいアプローチを提案する。このアプローチは、データ要素によって表現される暗黙の概念に焦点を当てる。このプロセスには以下のステップが含まれる：概念の特定、類似概念のクラスタリング、SSSOM（Simple Standard for Sharing Ontological Mappings）とRDF（Resource Description Framework）を用いたクラスタ間のマッピングの構築、再利用可能なマッピングの作成。概念実証として、HL7 FHIR、OMOP、CDISC、Phenopackets、openEHRの5つの一般的な健康データ標準に、人口統計や診断のような4つのドメインと、性別や生存状況のようなこれらのドメイン内の9つのトピックにわたって、このアプローチを適用した。これらのドメインとトピックは、健康分野におけるより広範なトピックを代表するように選択されている。各トピックについて、徹底的な検索を行った結果、健康データ標準の中にデータ要素が見つかり、64のデータ要素の分析、その基礎となる概念の特定、マッピングの開発が行われた。3つのユースケースが実施され、様々な粒度のデータ調和とデータ照会におけるデータ要素概念の役割を実証した。このアプローチは、コンテキスト依存のマッピングの限界を克服するのに役立ち、健康領域におけるマッピングの実践に貴重な洞察を提供する。



Global/APACの動き



12月の OHDSI Global/APAC

● Global Community Call テーマ

Dec. 3 Recent OMOP/OHDSI Publications (Fruchart, Prats-Uribe, Eisman, Tong)

- Transforming Primary Care Data Into the Observational Medical Outcomes Partnership Common Data Model: Development and Usability Study
- Standardised and Reproducible Phenotyping Using Distributed Analytics and Tools in the Data Analysis and Real World Interrogation Network (DARWIN EU)
- Learning health system linchpins: information exchange and a common data model
- Advancing Interpretable Regression Analysis for Binary Data: A Novel Distributed Algorithm Approach

Dec. 10 How did OHDSI do in 2024 (Ryan)

Dec. 17 Holiday-Themed Goodbye to 2024:

- The OHDSI Europe Symposium, 5-7 July 2025 in Hasselt, Belgium.
- CBER BEST Seminar Series will be Jan. 15, 2025 at 11 am ET, by Sonia Hernández-Díaz, MD, DrPH, Professor of Epidemiology, Harvard T.H. Chan School of Public Health, on “Emulation of Target Trial on Vaccinations During Pregnancy.” <https://www.ohdsi.org/cber-best-seminar-series/>.

● APAC Call テーマ

Dec. 19 A recap of the APAC symposium and a wrap-up of the year (Evelyn, Keiko, Krit, Mui)