

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 #35

イブニング カンファレンス(第35回)

2022.10.31



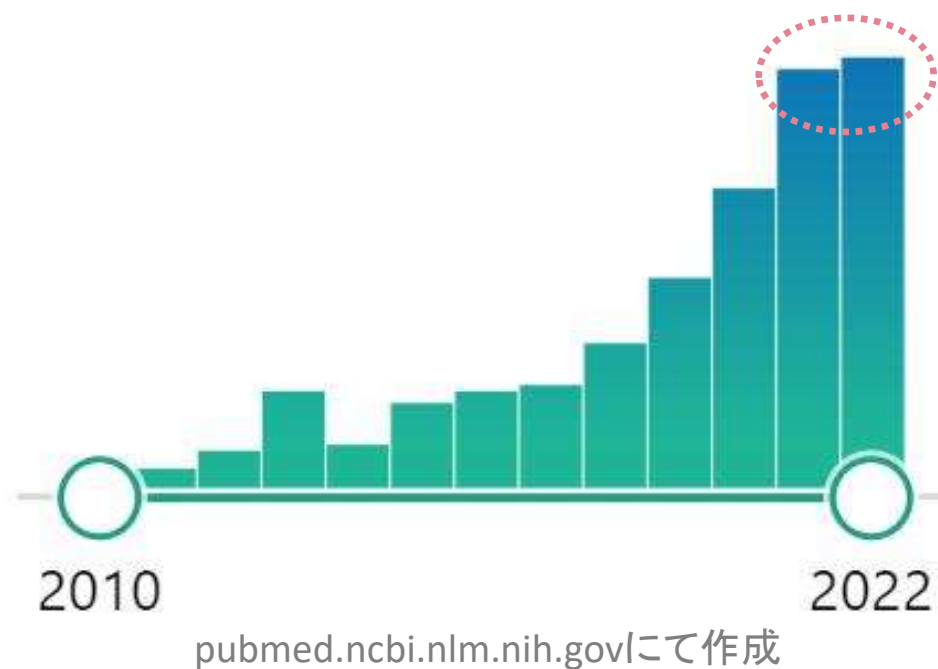
## 本日の内容

- OHDSI関連論文紹介
- 今月のOHDSI Community Call
- OHDSI シンポジウム(Global)



# OHDSI関連論文

Pubmedで“OHDSI or OMOP”を検索



全期間累計：9月288本→10月299本



## COVID-19用のCDMを作りました

➤ [Bioinformatics](#). 2022 Oct 27;btac651. doi: 10.1093/bioinformatics/btac651. Online ahead of print.

### Common data model for COVID-19 datasets

Philipp Wegner<sup>1</sup>, Geena Mariya Jose<sup>2</sup>, Vanessa Lage-Rupprecht<sup>1</sup>, Sepehr Golriz Khatami<sup>1</sup>,  
Bide Zhang<sup>1</sup>, Stephan Springstubbe<sup>1</sup>, Marc Jacobs<sup>1</sup>, Thomas Linden<sup>1</sup>, Cindy Ku<sup>1</sup>,  
Bruce Schultz<sup>1</sup>, Martin Hofmann-Apitius<sup>1 3</sup>, Alpha Tom Kodamullil<sup>1 2</sup>

Affiliations – collapse

#### Affiliations

- 1 Department of Bioinformatics, Fraunhofer Institute for Algorithms and Scientific Computing (SCAI), Sankt Augustin 53757, Germany.
- 2 Causality Biomodels, Kinfra Hi-Tech Park, Kalamassery, Cochin, Kerala 683503, India.
- 3 Bonn-Aachen International Center for IT (B-IT), Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, Bonn 53115, Germany.

PMID: 36303318 DOI: [10.1093/bioinformatics/btac651](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btac651)

## Abstract

**Motivation:** A global medical crisis like the COVID-19 pandemic requires interdisciplinary and highly collaborative research from all over the world. One of the key challenges for collaborative research is a lack of interoperability among various heterogeneous data sources. Interoperability, standardization and mapping of datasets is necessary for data analysis and applications in advanced algorithms such as developing personalized risk prediction modeling.

**Results:** To ensure the interoperability and compatibility among COVID-19 datasets, we present here a Common Data Model (CDM) which has been built from 11 different COVID-19 datasets from various geographical locations. The current version of the CDM holds 4639 data variables related to COVID-19 such as basic patient information (age, biological sex, and diagnosis) as well as disease-specific data variables, for example, Anosmia and Dispnea. Each of the data variables in the data model is associated with specific data types, variable mappings, value ranges, data units, and data encodings that could be used for standardizing any dataset. Moreover, the compatibility with established data standards like OMOP and FHIR makes the CDM a well-designed common data model for COVID-19 data interoperability.

**Availability:** The CDM is available in a public repo here: <https://github.com/Fraunhofer-SCAI-Applied-Semantics/COVID-19-Global-Model>.

## 概要

**動機:** COVID-19パンデミックのような世界的な医療危機には、世界中からの学際的で高度な共同研究が必要だ。共同研究の重要な課題の1つは、様々な異種データソース間の相互運用性の欠如である。データセットの相互運用性、標準化、マッピングは、パーソナライズされたリスク予測モデリングの開発などの高度なアルゴリズムにおけるデータ解析やアプリケーションに必要である。

**結果:** COVID-19データセット間の相互運用性と互換性を確保するために、我々は様々な地理的位置からの11種類のCOVID-19データセットから構築された共通データモデル (CDM) をここに提示する。CDMの現在のバージョンは、患者の基本情報 (年齢、生物学的性別、診断) および疾患固有のデータ変数 (例えば、AnosmiaやDispnea) など、COVID-19に関連する4639のデータ変数を保持している。データモデル内の各データ変数は、特定のデータ型、変数マッピング、値域、データ単位、およびデータエンコーディングと関連付けられており、あらゆるデータセットの標準化に使用することができる。さらに、OMOPやFHIRのような確立されたデータ標準との互換性により、CDMはCOVID-19データの相互運用のためのよく設計された共通データモデルとなっている。

**利用性:** CDMは、こちらの公開レポで入手可能です : <https://github.com/Fraunhofer-SCAI-Applied-Semantics/COVID-19-Global-Model>

OMOP/OHDSIと関係なかった。



臨床試験一覧の集計のための分類に  
オントロジー（SNOEMD）を使うとよさそう

> J Biomed Inform. 2022 Oct 22;104235. doi: 10.1016/j.jbi.2022.104235. Online ahead of print.

## Ontology-based Categorization of Clinical Studies by Their Conditions

Hao Liu <sup>1</sup>, Simona Carini <sup>2</sup>, Zhehuan Chen <sup>1</sup>, Spencer Phillips Hey <sup>3</sup>, Ida Sim <sup>2</sup>, Chunhua Weng <sup>4</sup>

Affiliations – collapse

### Affiliations

- 1 Department of Biomedical Informatics, Columbia University, New York, NY, US.
- 2 Department of Medicine, University of California, San Francisco, San Francisco, CA.
- 3 Prism Analytic Technologies, Boston, MA.
- 4 Department of Biomedical Informatics, Columbia University, New York, NY, US. Electronic address: cw2384@cumc.columbia.edu.

PMID: 36283581 DOI: [10.1016/j.jbi.2022.104235](https://doi.org/10.1016/j.jbi.2022.104235)

## Abstract

**Objective:** The free-text Condition data field in the ClinicalTrials.gov is not amenable to computational processes for retrieving, aggregating and visualizing clinical studies by condition categories. This paper contributes a method for automated ontology-based categorization of clinical studies by their conditions.

**Materials and methods:** Our method first maps text entries in ClinicalTrials.gov's Condition field to standard condition concepts in the OMOP Common Data Model by using SNOMED CT as a reference ontology and using Usagi for concept normalization, followed by hierarchical traversal of the SNOMED ontology for concept expansion, ontology-driven condition categorization, and visualization. We compared the accuracy of this method to that of the MeSH-based method.

**Results:** We reviewed the 4,506 studies on Vivli.org categorized by our method. Condition terms of 4,501 (99.89%) studies were successfully mapped to SNOMED CT concepts, and with a minimum concept mapping score threshold, 4,428 (98.27%) studies were categorized into 31 predefined categories. When validating with manual categorization results on a random sample of 300 studies, our method achieved an estimated categorization accuracy of 95.7%, while the MeSH-based method had an accuracy of 85.0%.

**Conclusion:** We showed that categorizing clinical studies using their Condition terms with referencing to SNOMED CT achieved a better accuracy and coverage than using MeSH terms. The proposed ontology-driven condition categorization was useful to create accurate clinical study categorization that enables clinical researchers to aggregate evidence from a large number of clinical studies.

## 概要

**目的:** ClinicalTrials.govのCondition(疾患)データフィールドはフリーテキストであり、Conditionカテゴリ別に臨床研究を検索、集計、可視化するための計算処理に適していない。本論文では、オントロジーに基づく臨床研究の疾患別分類の自動化手法を提案する。

**材料と方法:** 本手法は、まずClinicalTrials.govのConditionフィールドのテキストエントリーを、参照オントロジーとしてSNOMED CTを用い、概念の正規化にUsagiを用いてOMOP CDMの標準Condition概念にマッピングし、続いてSNOMEDオントロジーを階層的に横断して概念の拡張、オントロジー駆動型のCondition分類、および可視化を行った。この手法の精度をMeSHベースの手法と比較した。

**結果:** Vivli.orgに登録された4,506件の研究を本手法で分類し、レビューした。4,501件(99.89%)の研究の疾患はSNOMED CTの概念にうまくマッピングされ、概念マッピングスコアの最小値で4,428件(98.27%)があらかじめ定義された31のカテゴリに分類された。300件のランダムサンプルを用いて手作業で分類した結果、本手法の分類精度は95.7%、MeSHベース法の分類精度は85.0%と推定された。

**結論:** SNOMED CTを参照しながらCondition(疾患)用語を用いて臨床研究を分類することで、MeSH用語を用いるよりも高い分類精度とカバー率が得られることが示された。提案したオントロジー駆動型の疾患分類は、臨床研究者が多数の臨床研究からのエビデンスを集約するための正確な臨床研究分類を作成するのに有用であった。





ブラジル260万人とパキスタン830万人の  
COVIDデータをOMOP化しました。

➤ [J Am Med Inform Assoc. 2022 Oct 20;ocac180. doi: 10.1093/jamia/ocac180. Online ahead of print.](#)

## Integrating real-world data from Brazil and Pakistan into the OMOP common data model and standardized health analytics framework to characterize COVID-19 in the Global South

Elzo Pereira Pinto Junior <sup>1</sup>, Priscilla Normando <sup>1</sup>, Renzo Flores-Ortiz <sup>1</sup>, Muhammad Usman Afzal <sup>2</sup>, Muhammad Asaad Jamil <sup>2</sup>, Sergio Fernandez Bertolin <sup>3</sup>, Vinícius de Araújo Oliveira <sup>1</sup>, Valentina Martufi <sup>1</sup>, Fernanda de Sousa <sup>1</sup>, Amir Bashir <sup>2</sup>, Edward Burn <sup>4</sup>, Maria Yury Ichihara <sup>1</sup>, Maurício L Barreto <sup>1</sup>, Talita Duarte Salles <sup>3</sup>, Daniel Prieto-Alhambra <sup>4</sup>, Haroon Hafeez <sup>2</sup>, Sara Khalid <sup>4</sup>

Affiliations + expand

PMID: 36264262 DOI: 10.1093/jamia/ocac180



## Abstract

**Objectives:** The aim of this work is to demonstrate the use of a standardized health informatics framework to generate reliable and reproducible real-world evidence from Latin America and South Asia towards characterizing coronavirus disease 2019 (COVID-19) in the Global South.

**Materials and methods:** Patient-level COVID-19 records collected in a patient self-reported notification system, hospital in-patient and out-patient records, and community diagnostic labs were harmonized to the Observational Medical Outcomes Partnership common data model and analyzed using a federated network analytics framework. Clinical characteristics of individuals tested for, diagnosed with or tested positive for, hospitalized with, admitted to intensive care unit with, or dying with COVID-19 were estimated.

**Results:** Two COVID-19 databases covering 8.3 million people from Pakistan and 2.6 million people from Bahia, Brazil were analyzed. 109 504 (Pakistan) and 921 (Brazil) medical concepts were harmonized to Observational Medical Outcomes Partnership common data model. In total, 341 505 (4.1%) people in the Pakistan dataset and 1 312 832 (49.2%) people in the Brazilian dataset were tested for COVID-19 between January 1, 2020 and April 20, 2022, with a median [IQR] age of 36 [25, 76] and 38 (27, 50); 40.3% and 56.5% were female in Pakistan and Brazil, respectively. 1.2% percent individuals in the Pakistan dataset had Afghan ethnicity. In Brazil, 52.3% had mixed ethnicity. In agreement with international findings, COVID-19 outcomes were more severe in men, elderly, and those with underlying health conditions.

**Conclusions:** COVID-19 data from 2 large countries in the Global South were harmonized and analyzed using a standardized health informatics framework developed by an international community of health informaticians. This proof-of-concept study demonstrates a potential open science framework for global knowledge mobilization and clinical translation for timely response to healthcare needs in pandemics and beyond.

## 概要

**目的:** 本研究の目的は、Global Southにおけるコロナウイルス疾患2019（COVID-19）の特徴づけに向けて、ラテンアメリカと南アジアから信頼性と再現性のある実世界の証拠を生成するための標準化された健康情報学の枠組みの使用を実証することである。

**材料と方法:** 患者の自己申告による通知システム、病院の入院患者および外来患者の記録、地域の診断ラボで収集した患者レベルのCOVID-19記録をOMOP CDMに整合させ、ネットワーク分析フレームワークを用いて分析した。COVID-19の検査、診断、陽性、入院、集中治療室への入院、または死亡した個人の臨床的特徴を推定した。

**結果:** パキスタンの830万人とブラジルのバイーア州の260万人をカバーする2つのCOVID-19データベースを解析した。パキスタンでは109 504、ブラジルでは921の医学的概念をOMOP CDMに整合させた。合計で、パキスタンのデータセットでは341 505人（4.1%）、ブラジルのデータセットでは1 312 832人（49.2%）が、2020年1月1日から2022年4月20日までにCOVID-19の検査を受け、年齢の中央値 [IQR] は36 [25, 76] と38 (27, 50)、パキスタンおよびブラジルではそれぞれ40.3%と56.5%が女性であった。パキスタンのデータセットでは、1.2%の人がアフガニスタン民族であった。ブラジルは52.3%が混血であった。COVID-19は、男性、高齢者、基礎疾患を有する者で重症度が高いことが示された。

**結論:** 南半球に位置する2つの大きな国からのCOVID-19データは、医療情報専門家の国際コミュニティによって開発された標準的な医療情報学の枠組みを用いて調和され、分析された。この概念実証研究は、パンデミックやそれ以降の医療ニーズにタイムリーに対応するためのグローバルな知識集約と臨床応用のためのオープンサイエンスの枠組みの可能性を示している。



特徴抽出の標準的な記述方法を提案し、  
OMOP CDMを拡張した

> [JMIR Med Inform.](#) 2022 Oct 17;10(10):e38936. doi: [10.2196/38936](#).

## Standardized Description of the Feature Extraction Process to Transform Raw Data Into Meaningful Information for Enhancing Data Reuse: Consensus Study

Antoine Lamer <sup>1 2 3</sup>, Mathilde Fruchart <sup>1</sup>, Nicolas Paris <sup>3</sup>, Benjamin Popoff <sup>4</sup>, Anaïs Payen <sup>1</sup>,  
Thibaut Balcaen <sup>5</sup>, William Gacquer <sup>6</sup>, Guillaume Bouzillé <sup>7</sup>, Marc Cuggia <sup>7</sup>,  
Matthieu Doutreligne <sup>8 9</sup>, Emmanuel Chazard <sup>1</sup>

Affiliations [+ expand](#)

PMID: [36251369](#) DOI: [10.2196/38936](#)

## Abstract

**Background:** Despite the many opportunities data reuse offers, its implementation presents many difficulties, and raw data cannot be reused directly. Information is not always directly available in the source database and needs to be computed afterwards with raw data for defining an algorithm.

**Objective:** The main purpose of this article is to present a standardized description of the steps and transformations required during the feature extraction process when conducting retrospective observational studies. A secondary objective is to identify how the features could be stored in the schema of a data warehouse.

**Methods:** This study involved the following 3 main steps: (1) the collection of relevant study cases related to feature extraction and based on the automatic and secondary use of data; (2) the standardized description of raw data, steps, and transformations, which were common to the study cases; and (3) the identification of an appropriate table to store the features in the Observation Medical Outcomes Partnership (OMOP) common data model (CDM).

**Results:** We interviewed 10 researchers from 3 French university hospitals and a national institution, who were involved in 8 retrospective and observational studies. Based on these studies, 2 states (track and feature) and 2 transformations (track definition and track aggregation) emerged. "Track" is a time-dependent signal or period of interest, defined by a statistical unit, a value, and 2 milestones (a start event and an end event). "Feature" is time-independent high-level information with dimensionality identical to the statistical unit of the study, defined by a label and a value. The time dimension has become implicit in the value or name of the variable. We propose the 2 tables "TRACK" and "FEATURE" to store variables obtained in feature extraction and extend the OMOP CDM.

**Conclusions:** We propose a standardized description of the feature extraction process. The process combined the 2 steps of track definition and track aggregation. By dividing the feature extraction into these 2 steps, difficulty was managed during track definition. The standardization of tracks requires great expertise with regard to the data, but allows the application of an infinite number of complex transformations. On the contrary, track aggregation is a very simple operation with a finite number of possibilities. A complete description of these steps could enhance the reproducibility of retrospective studies.

## 概要

**背景:** データの再利用は多くの機会を提供するにもかかわらず、その実装には多くの困難があり、生データを直接再利用することはできない。情報は常にソースデータベースで直接利用できるわけではなく、アルゴリズムを定義するために生データで後から計算する必要がある。

**目的:** 本稿の主目的は、レトロスペクティブ観察研究を実施する際に、特徴抽出プロセスで必要となるステップと変換の標準的な記述を提示することである。第二の目的は、データウェアハウスのスキーマにどのように特徴を格納できるかを確認することである。

**方法:** 本研究では、以下の3つの主要なステップを実施した。(1) 特徴抽出に関連し、データの自動利用や二次利用に基づく関連研究事例の収集 (2) 研究事例に共通する生データ、ステップ、変換の標準的な記述 (3) OMOP CDM における特徴を格納するための適切なテーブルの特定。

**結果:** (1) フランスの3つの大学病院と国立機関から、8つのレトロスペクティブ観察研究に携わった10名の研究者にインタビューを行った。(2) これらの研究に基づいて、2つの状態 (trackとfeature) と2つの変換 (track definitionとtrack aggregation) が浮かび上がった。「Track」とは、統計単位、値、2つのマイルストーン (開始イベントと終了イベント) により定義される時間依存の信号または関心期間である。「Feature」は、ラベルと値で定義される、統計単位と同じ次元を持つ、時間に依存しない高レベルの情報である。時間次元は、変数の値または名前に暗黙的に含まれています。(3) 特徴抽出で得られた変数を格納するために、「TRACK」と「FEATURE」という2つのテーブルを提案し、OMOP CDMを拡張した。

**結論:** 特徴抽出の標準的な記述方法を提案した。このプロセスは、track定義とtrack集計の2つのステップを組み合わせたものである。特徴抽出をこの2つのステップに分けることで、track定義時の難易度を管理することができた。trackの標準化は、データに関する専門知識が必要であるが、複雑な変換を無限に適用することが可能である。逆に、trackの集約は非常にシンプルな操作であり、可能性は有限である。これらのステップを完全に記述することで、レトロスペクティブ研究の再現性を高めることができる。



## OMOPでCancerとAI、の現状まとめ

Review > Int J Mol Sci. 2022 Oct 5;23(19):11834. doi: 10.3390/ijms231911834.

# OMOP CDM Can Facilitate Data-Driven Studies for Cancer Prediction: A Systematic Review

Najia Ahmadi<sup>1</sup>, Yuan Peng<sup>1</sup>, Markus Wolfien<sup>1</sup>, Michéle Zoch<sup>1</sup>, Martin Sedlmayr<sup>1</sup>

Affiliations – collapse

### Affiliation

1. Institute for Medical Informatics and Biometry, Carl Gustav Carus Faculty of Medicine, Technische Universität Dresden, Fetscherstraße 74, 01307 Dresden, Germany.

PMID: 36233137 PMCID: PMC9569469 DOI: 10.3390/ijms231911834

## Abstract

The current generation of sequencing technologies has led to significant advances in identifying novel disease-associated mutations and generated large amounts of data in a high-throughput manner. Such data in conjunction with clinical routine data are proven to be highly useful in deriving population-level and patient-level predictions, especially in the field of cancer precision medicine. However, data harmonization across multiple national and international clinical sites is an essential step for the assessment of events and outcomes associated with patients, which is currently not adequately addressed. The Observational Medical Outcomes Partnership (OMOP) Common Data Model (CDM) is an internationally established research data repository introduced by the Observational Health Data Science and Informatics (OHDSI) community to overcome this issue. To address the needs of cancer research, the genomic vocabulary extension was introduced in 2020 to support the standardization of subsequent data analysis. In this review, we evaluate the current potential of the OMOP CDM to be applicable in cancer prediction and how comprehensively the genomic vocabulary extension of the OMOP can serve current needs of AI-based predictions. For this, we systematically screened the literature for articles that use the OMOP CDM in predictive analyses in cancer and investigated the underlying predictive models/tools. Interestingly, we found 248 articles, of which most use the OMOP for harmonizing their data, but only 5 make use of predictive algorithms on OMOP-based data and fulfill our criteria. The studies present multicentric investigations, in which the OMOP played an essential role in discovering and optimizing machine learning (ML)-based models. Ultimately, the use of the OMOP CDM leads to standardized data-driven studies for multiple clinical sites and enables a more solid basis utilizing, e.g., ML models that can be reused and combined in early prediction, diagnosis, and improvement of personalized cancer care and biomarker discovery.

## 概要

現世代のシーケンサー技術により、新規の疾患関連変異の同定が著しく進歩し、ハイスループットで大量のデータが生成されるようになりました。このようなデータは、臨床ルーチンデータと合わせて、特にがんの精密医療の分野において、集団レベルおよび患者レベルの予測を導き出すのに非常に有用であることが証明されています。しかし、患者に関連するイベントやアウトカムを評価するためには、国内外の複数の臨床現場におけるデータの調和が不可欠であり、現状では十分な対応がなされているとは言えません。OMOP CDMは、この問題を克服するためにOHDSIコミュニティによって導入された国際的に確立された研究データリポジトリです。

がん研究のニーズに対応するため、2020年にゲノム語彙拡張が導入され、その後のデータ解析の標準化をサポートするようになった。このレビューでは、OMOP CDMががん予測に適用できる現在の可能性と、OMOPのゲノム語彙拡張がAIベースの予測の現在のニーズにどれだけ包括的に応えることができるかを評価する。このため、がん予測解析にOMOP CDMを使用している文献を系統的にスクリーニングし、基礎となる予測モデル/ツールを調査した。

興味深いことに、248の論文が見つかり、そのほとんどがデータの調和にOMOPを使用していますが、OMOPベースのデータで予測アルゴリズムを使用し、我々の基準を満たしたのは5つだけでした。これらの研究では、機械学習（ML）ベースのモデルを発見し最適化する上でOMOPが重要な役割を果たした多施設共同研究が紹介されています。

最終的に、OMOP CDMの使用は、複数の臨床現場におけるデータ駆動型研究の標準化につながり、例えば、早期予測、診断、個別化がん治療の改善やバイオマーカー探索に再利用し組み合わせることができるMLモデルの活用など、より強固な基盤を可能にするものである。

この目的のための最初の試みは、次世代シーケンス (NGS) データを保存するために 2019 年に提案されたゲノム共通データ モデル (G-CDM) でした。G-CDM は OMOP CDM に 4 つの拡張テーブルを導入しました。標準化された OHDSI ツールのいずれかを、この形式を使用して保存されたデータのデータ分析または予測の目的で使用するには、OMOP に厳密に従っているツールでの採用が必要になります。重要なツールの 1 つに ATLAS という名前があります (OHDSI ツールの統合インターフェイス)。これは、OMOP CDM の患者レベル予測 (PLP) などの分析モジュールを構成するためのオープンソースの Web ベースのインターフェイスです。特に、PLP は、使いやすいグラフィカル ユーザー インターフェイスを使用して、事前に定義された患者コホートに対して人工知能 (AI) ベースの分析を定義するために使用できます。

しかし、構造を変更せずに OMOP CDM で腫瘍学データを有効にするという課題に取り組むために、OHDSI コミュニティは、2020 年に OMOP CDM でゲノムデータを提示するための一連の新しい語彙の最初のバージョンを公開しました。これらの新しい語彙は、ClinVar、Clinical Interpretation of Variants in Cancer (CIVic)、Precision Oncology Knowledge Base (OncoKB) などのさまざまな遺伝子データベースに基づいて構築されています。新しい語彙を使用することで、さらなる拡張を必要とせずにデータを OMOP CDM で表すことができます。

さらに、2021 年に導入された OMOP 腫瘍学モジュールは、OMOP CDM とその用語を拡張して、がんの状態、治療、および疾患の抽象化に関する調和の取れた文書化をサポートします。このモジュールでは、既存の 7 つの基準、すなわち国際腫瘍分類 (ICD-O-3)、血液腫瘍学 (HemOnc)、北米中央がん登録協会 (NAACCR)、米国病理学者協会 CAP、ネブラスカ辞書、国立がん研究所 (NCI)、および解剖学的治療化学 (ATC) 分類 の概念を使用します。

さらに、2021 年には Digital Imaging Communications in Medicine (DICOM) の標準化のための Radiology Common Data Model (R-CDM) が公開されました。R-CDM は、75,000 の放射線用語を含む RadLex 用語集を使用して、DICOM 画像データを OMOP CDM 上の 2 つの拡張テーブル、放射線発生および放射線画像に調和させます。





CCTA検査のCVD発症に対するリスク低減効果

> [JMIR Med Inform. 2022 Oct 13;10\(10\):e41503. doi: 10.2196/41503.](#)

## Coronary Artery Computed Tomography Angiography for Preventing Cardio-Cerebrovascular Disease: Observational Cohort Study Using the Observational Health Data Sciences and Informatics' Common Data Model

Woo Kyung Bae <sup># 1</sup>, Jihoon Cho <sup># 2</sup>, Seok Kim <sup>2</sup>, Borham Kim <sup>2</sup>, Hyunyoung Baek <sup>2</sup>,  
Wongeun Song <sup>2</sup>, Sooyoung Yoo <sup>2</sup>

Affiliations [+](#) expand

PMID: 36227638 DOI: [10.2196/41503](#)

## Abstract

**Background:** Cardio-cerebrovascular diseases (CVDs) result in 17.5 million deaths annually worldwide, accounting for 46.2% of noncommunicable causes of death, and are the leading cause of death, followed by cancer, respiratory disease, and diabetes mellitus. Coronary artery computed tomography angiography (CCTA), which detects calcification in the coronary arteries, can be used to detect asymptomatic but serious vascular disease. It allows for noninvasive and quick testing despite involving radiation exposure.

**Objective:** The objective of our study was to investigate the effectiveness of CCTA screening on CVD outcomes by using the Observational Health Data Sciences and Informatics' Observational Medical Outcomes Partnership Common Data Model (OMOP-CDM) data and the population-level estimation method.

**Methods:** Using electronic health record-based OMOP-CDM data, including health questionnaire responses, adults (aged 30-74 years) without a history of CVD were selected, and 5-year CVD outcomes were compared between patients undergoing CCTA (target group) and a comparison group via 1:1 propensity score matching. Participants were stratified into low-risk and high-risk groups based on the American College of Cardiology/American Heart Association atherosclerotic cardiovascular disease (ASCVD) risk score and Framingham risk score (FRS) for subgroup analyses.

**Results:** The 2-year and 5-year risk scores were compared as secondary outcomes between the two groups. In total, 8787 participants were included in both the target group and comparison group. No significant differences (calibration  $P=.37$ ) were found between the hazard ratios of the groups at 5 years. The subgroup analysis also revealed no significant differences between the ASCVD risk scores and FRSs of the groups at 5 years (ASCVD risk score:  $P=.97$ ; FRS:  $P=.85$ ). However, the CCTA group showed a significantly lower increase in risk scores at 2 years (ASCVD risk score:  $P=.03$ ; FRS:  $P=.02$ ).

**Conclusions:** Although we could not confirm a significant difference in the preventive effects of CCTA screening for CVDs over a long period of 5 years, it may have a beneficial effect on risk score management over 2 years.

## 概要

**背景:** 心臓・脳血管疾患（CVD）は、世界で年間1750万人の死亡をもたらし、非感染性死因の46.2%を占め、がん、呼吸器疾患、糖尿病に次ぐ死因となっています。冠動脈の石灰化を検出する冠動脈CTアンギオグラフィ（CCTA）は、無症状でも重篤な血管疾患を発見することができます。CCTAは、放射線被曝を伴うにもかかわらず、非侵襲的かつ迅速な検査が可能である。

**目的:** 本研究の目的は、OHDSIのOMOP-CDMデータと集団レベルの推定法を用いて、CCTAスクリーニングがCVDアウトカムに及ぼす効果を検討することである。

**方法:** 電子カルテベースのOMOP-CDMデータを用い、健康質問票の回答を含め、CVDの既往のない成人（30～74歳）を抽出し、CCTAを受けた患者（対象群）と比較群の5年CVDアウトカムを1：1傾向スコアマッチングにより比較した。サブグループ解析のため、米国心臓病学会／米国心臓病協会の動脈硬化性心疾患（ASCVD）リスクスコアおよびフラミンガムリスクスコア（FRS）に基づき、参加者を低リスク群と高リスク群に層別化した。

**結果:** 2年リスクスコアと5年リスクスコアを2群間で副次的転帰として比較した。対象群、比較群ともに合計8787名が対象となった。5年後のハザード比は両群間に有意差（校正 $P=.37$ ）を認めなかった。サブグループ解析でも、5年後の各群のASCVDリスクスコアとFRSの間に有意差は認められなかった（ASCVDリスクスコア： $P=.97$ 、FRS： $P=.85$ ）。しかし、CCTA群では2年後のリスクスコアの上昇は有意に低かった（ASCVDリスクスコア： $P=.03$ 、FRS： $P=.02$ ）。

**結論:** CCTAによるCVDスクリーニングの5年間という長期間の予防効果に有意差は確認できなかったが、2年間のリスクスコア管理には有益な効果がある可能性がある。



## UK BiobankのデータをOMOP CDMに変換した

> [J Am Med Inform Assoc. 2022 Oct 13;ocac203. doi: 10.1093/jamia/ocac203. Online ahead of print.](#)

# Transforming and evaluating the UK Biobank to the OMOP Common Data Model for COVID-19 research and beyond

Vaclav Papez <sup>1 2</sup>, Maxim Moinat <sup>3 4</sup>, Erica A Voss <sup>5</sup>, Sofia Bazakou <sup>3 3</sup>, Anne Van Winzum <sup>3</sup>,  
Alessia Peviani <sup>3</sup>, Stefan Payralbe <sup>3</sup>, Michael Kallfelz <sup>6</sup>, Folkert W Asselbergs <sup>1 7</sup>,  
Daniel Prieto-Alhambra <sup>8</sup>, Richard J B Dobson <sup>1 2 9</sup>, Spiros Denaxas <sup>1 2 10 11</sup>

Affiliations [+ expand](#)

PMID: 36227072 DOI: [10.1093/jamia/ocac203](#)

## Abstract

**Objective:** The COVID-19 pandemic has demonstrated the value of real-world data for public health research. International federated analyses are crucial for informing policy makers. Common data models (CDM) are critical for enabling these studies to be performed efficiently. Our objective was to convert the UK Biobank, a study of 500,000 participants with rich genetic and phenotypic data to the Observational Medical Outcomes Partnership (OMOP) CDM.

**Materials and methods:** We converted UK Biobank data to OMOP CDM v. 5.3. We transformed participant research data on diseases collected at recruitment and electronic health records (EHR) from primary care, hospitalizations, cancer registrations, and mortality from providers in England, Scotland, and Wales. We performed syntactic and semantic validations and compared comorbidities and risk factors between source and transformed data.

**Results:** We identified 502,505 participants (3,086 with COVID-19) and transformed 690 fields (1,373,239,555 rows) to the OMOP CDM using eight different controlled clinical terminologies and bespoke mappings. Specifically, we transformed self-reported non-cancer illnesses 946,053 (83.91% of all source entries), cancers 37,802 (70.81%), medications 1,218,935 (88.25%), and prescriptions 864,788 (86.96%). In EHR, we transformed 1,3028,182 (99.95%) hospital diagnoses, 6,465,399 (89.2%) procedures, 337,896,333 primary care diagnoses (CTV3, SNOMED-CT), 139,966,587 (98.74%) prescriptions (dm+d) and 77,127 (99.95%) deaths (ICD-10). We observed good concordance across demographic, risk factor, and comorbidity factors between source and transformed data.

**Discussion and conclusion:** Our study demonstrated that the OMOP CDM can be successfully leveraged to harmonize complex large-scale biobanked studies combining rich multimodal phenotypic data. Our study uncovered several challenges when transforming data from questionnaires to the OMOP CDM which require further research. The transformed UK Biobank resource is a valuable tool that can enable federated research, like COVID-19 studies.

## 概要

**目的:** COVID-19パンデミックは、公衆衛生研究において実世界のデータの価値を実証している。政策決定者に情報を提供するためには、国際的に連携した分析が不可欠である。共通データモデル（CDM）は、これらの研究を効率的に実施するために不可欠である。我々の目的は、豊富な遺伝学的・表現型データを持つ50万人規模の研究であるUK BiobankをOMOP CDMに変換することであった。

**材料と方法:** UK BiobankのデータをOMOP CDM v.5.3へ変換した。イングランド、スコットランド、ウェールズのプロバイダーから、募集時に収集した疾患に関する研究参加者のデータ、およびプライマリーケアからの電子健康記録（EHR）、入院、がん登録、死亡率などを変換した。構文的小および意味的な検証を行い、原データと変換後のデータの併存疾患や危険因子を比較した。

**結果:** 502,505人（COVID-19は3,086人）を同定し、8種類の管理臨床用語と独自のマッピングを用いて、690フィールド（1,373,239,555行）をOMOP CDMに変換した。具体的には、自己申告のがん以外の病気946,053件（全出典項目の83.91%）、がん37,802件（70.81%）、薬1,218,935件（88.25%）、処方箋864,788件（86.96%）の変換を実施した。EHRでは、1,3028,182（99.95%）の病院診断、6,465,399（89.2%）の処置、337,896,333の一次医療診断（CTV3, SNOMED-CT）、139,966,587（98.74%）の処方（dm+d）、77,127（99.95%）の死亡（ICD-10）に対して変換が行われた。また、人口統計学的因子、危険因子、併存疾患因子について、変換元データと変換後のデータの間的良好な一致がみられた。

**考察と結論:** 本研究は、OMOP CDM を活用することで、豊富なマルチモーダル表現型データを含む複雑な大規模バイオバンク研究を調和させることができることを実証した。本研究では、質問票から OMOP CDM にデータを変換する際にいくつかの課題が明らかになり、さらなる研究が必要であることがわかった。変換されたUKバイオバンク・リソースは、COVID-19研究のような連携研究を可能にする貴重なツールである。



小児の長期人工呼吸器 使用データを  
OMOPと統合するフレームワークを作った

> [Pediatr Pulmonol. 2022 Oct 13. doi: 10.1002/ppul.26204. Online ahead of print.](#)

## Standardizing electronic health record ventilation data in the pediatric long-term mechanical ventilator-dependent population

Lara J Kanbar <sup>1 2</sup>, Judith W Dexheimer <sup>3</sup>, Janet Zahner <sup>4</sup>, Evanette K Burrows <sup>5</sup>, Robert Chatburn <sup>6</sup>, Amanda Messinger <sup>7</sup>, Christopher D Baker <sup>7</sup>, Christine L Schuler <sup>1 8 9</sup>, Dan Benscoter <sup>1 3</sup>, Raouf Amin <sup>1 9</sup>, Nathan Pajor <sup>1 2 9</sup>

Affiliations [+](#) expand

PMID: 36226360 DOI: 10.1002/ppul.26204



## Abstract

**Background:** Sharing data across institutions is critical to improving care for children who are using long-term mechanical ventilation (LTMV). Mechanical ventilation data are complex and poorly standardized. This lack of data standardization is a major barrier to data sharing.

**Objective:** We aimed to describe current ventilator data in the electronic health record (EHR) and propose a framework for standardizing these data using a common data model (CDM) across multiple populations and sites.

**Methods:** We focused on a cohort of patients with LTMV dependence who were weaned from mechanical ventilation (MV). We extracted and described relevant EHR ventilation data. We identified the minimum necessary components, termed "Clinical Ideas," to describe MV from time of initiation to liberation. We then utilized existing resources and partnered with informatics collaborators to develop a framework for incorporating Clinical Ideas into the PEDSnet CDM based on the Observational Medical Outcomes Partnership (OMOP).

**Results:** We identified 78 children with LTMV dependence who were weaned from ventilator support. There were 25 unique device names and 28 unique ventilation mode names used in the cohort. We identified multiple Clinical Ideas necessary to describe ventilator support over time: device, interface, ventilation mode, settings, measurements, and duration of ventilation usage per day. We used Concepts from the SNOMED-CT vocabulary and integrated an existing ventilator mode taxonomy to create a framework for CDM and OMOP integration.

**Conclusion:** The proposed framework standardizes mechanical ventilation terminology and may facilitate efficient data exchange in a multisite network. Rapid data sharing is necessary to improve research and clinical care for children with LTMV dependence.

## 概要

**背景:** 長期人工呼吸器（LTMV）を使用している小児のケアを改善するためには、施設間でデータを共有することが重要である。人工呼吸のデータは複雑で、標準化も進んでいない。このデータの標準化の欠如は、データ共有の大きな障害となっている。

**目的:** 電子カルテ（EHR）における現在の人工呼吸器データを説明し、複数の集団や施設で共通のデータモデル（CDM）を用いてこれらのデータを標準化するための枠組みを提案することを目的とした。

**方法:** 人工呼吸器（MV）から離脱したLTMV依存症患者コホートに着目した。関連するEHR換気データを抽出し、記述した。人工呼吸を開始してから離脱するまでを記述するために最低限必要な要素（「臨床的な考え方」と呼ぶ）を特定した。次に、既存のリソースを活用し、情報科学の協力者と連携して、OMOPに基づくPEDSnet CDMにClinical Ideasを取り入れるためのフレームワークを開発した。

**結果:** LTMV依存症で人工呼吸器のサポートから離脱した78人の小児を特定した。このコホートで使用されたデバイス名は25種類、換気モード名は28種類であった。人工呼吸器によるサポートを説明するために必要な複数の臨床的概念（デバイス、インターフェイス、換気モード、設定、測定、1日あたりの換気使用時間）を特定した。SNOMED-CT語彙の概念を使用し、既存の人工呼吸器モード分類法を統合して、CDMとOMOPの統合のためのフレームワークを作成した。

**結論:** 提案したフレームワークは人工呼吸の用語を標準化し、多施設間ネットワークにおける効率的なデータ交換を促進する可能性がある。LTMV依存症の子どもの研究と臨床ケアを改善するためには、迅速なデータ共有が必要である。





複数のマッピングアルゴリズムのバリデーション  
(不一致とそれによる影響の度合い)

> BMC Med Inform Decis Mak. 2022 Oct 7;22(1):261. doi: 10.1186/s12911-022-02006-1.

## Adaptation and validation of a coding algorithm for the Charlson Comorbidity Index in administrative claims data using the SNOMED CT standardized vocabulary

Stephen P Fortin <sup>1</sup>, Jenna Reps <sup>2</sup>, Patrick Ryan <sup>2</sup>

Affiliations – collapse

### Affiliations

- 1 Janssen Research & Development, LLC, Observational Health Data Analytics, 920 U.S. Highway 202, Raritan, NJ, 08869, USA. sfortin1@its.jnj.com.
- 2 Janssen Research & Development, LLC, Observational Health Data Analytics, 920 U.S. Highway 202, Raritan, NJ, 08869, USA.

PMID: 36207711 PMCID: PMC9541054 DOI: 10.1186/s12911-022-02006-1

## Abstract

**Objectives:** The Charlson comorbidity index (CCI), the most ubiquitous comorbid risk score, predicts one-year mortality among hospitalized patients and provides a single aggregate measure of patient comorbidity. The Quan adaptation of the CCI revised the CCI coding algorithm for applications to administrative claims data using the International Classification of Diseases (ICD). The purpose of the current study is to adapt and validate a coding algorithm for the CCI using the SNOMED CT standardized vocabulary, one of the most commonly used vocabularies for data collection in healthcare databases in the U.S.

**Methods:** The SNOMED CT coding algorithm for the CCI was adapted through the direct translation of the Quan coding algorithms followed by manual curation by clinical experts. The performance of the SNOMED CT and Quan coding algorithms were compared in the context of a retrospective cohort study of inpatient visits occurring during the calendar years of 2013 and 2018 contained in two U.S. administrative claims databases. Differences in the CCI or frequency of individual comorbid conditions were assessed using standardized mean differences (SMD). Performance in predicting one-year mortality among hospitalized patients was measured based on the c-statistic of logistic regression models.

**Results:** For each database and calendar year combination, no significant differences in the CCI or frequency of individual comorbid conditions were observed between vocabularies ( $SMD \leq 0.10$ ). Specifically, the difference in CCI measured using the SNOMED CT vs. Quan coding algorithms was highest in MDCCD in 2013 (3.75 vs. 3.6;  $SMD = 0.03$ ) and lowest in DOD in 2018 (3.93 vs. 3.86;  $SMD = 0.02$ ). Similarly, as indicated by the c-statistic, there was no evidence of a difference in the performance between coding algorithms in predicting one-year mortality (SNOMED CT vs. Quan coding algorithms, range: 0.725-0.789 vs. 0.723-0.787, respectively). A total of 700 of 5,348 (13.1%) ICD code mappings were inconsistent between coding algorithms. The most common cause of discrepant codes was multiple ICD codes mapping to a SNOMED CT code ( $n = 560$ ) of which 213 were deemed clinically relevant thereby leading to information gain.

**Conclusion:** The current study repurposed an important tool for conducting observational research to use the SNOMED CT standardized vocabulary.

## 概要

**目的:** Charlson comorbidity index (CCI) は、最も一般的な合併症リスクスコアであり、入院患者の1年死亡率を予測し、患者の合併症を総合的に評価する指標である。CCIのQuan版では、国際疾病分類 (ICD) を用いた保険請求データに適用するためにCCIコーディングアルゴリズムが改訂された。本研究の目的は、米国の医療データベースでデータ収集に最もよく使用されている語彙の一つであるSNOMED CT標準化語彙を用いて、CCI用のコーディングアルゴリズムを適応・検証することである。

**方法:** CCIのためのSNOMED CTコーディングアルゴリズムは、Quanコーディングアルゴリズムを直接翻訳し、臨床専門家による手動キュレーションを経て適応された。SNOMED CTとQuanコーディングアルゴリズムの性能を、米国の2つの保険請求データベースに含まれる2013年と2018年の暦年中に発生した入院患者のレトロスペクティブコホート研究の文脈で比較した。CCIまたは個々の併存状態の頻度の差は、標準化平均差 (SMD) を用いて評価した。入院患者における1年死亡率の予測性能は、ロジスティック回帰モデルのc統計量に基づいて測定した。

**結果:** 各データベースと暦年の組み合わせにおいて、CCIや個々の併存疾患の頻度に語彙間の有意差は認められなかった ( $SMD \leq 0.10$ )。特に、SNOMED CT vs. Quanコーディングアルゴリズムを使用して測定したCCIの差は、2013年のMDCCDで最も高く (3.75 vs. 3.6;  $SMD = 0.03$ )、2018年のDODで最も低かった (3.93 vs. 3.86;  $SMD = 0.02$ )。同様に、c統計量によって示されるように、1年死亡率の予測におけるコーディングアルゴリズム間の性能に差は認められなかった (SNOMED CT vs. Quanコーディングアルゴリズム、範囲: 0.725-0.789)。0.725-0.789 vs. 0.723-0.787, それぞれ)。5,348件中700件 (13.1%) のICDコードマッピングは、コーディングアルゴリズム間で不一致であった。最も一般的な不一致の原因は、SNOMED CTコードにマッピングされた複数のICDコード ( $n = 560$ ) であり、そのうち213コードは臨床的に適切であると判断されたため、情報収集につながった。

**結論:** 本研究は、観察研究を行うための重要なツールをSNOMED CTの標準語彙を使用して再利用したものである。



PPIの長期使用で虚血性血管イベント  
のリスクは上がるか？

➤ [Int J Stroke](#). 2022 Oct 27;17474930221133219. doi: 10.1177/17474930221133219.  
Online ahead of print.

**Risks of long-term use of proton pump inhibitor on  
ischemic vascular events: A distributed network  
analysis of 5 real-world observational Korean  
databases using a common data model**

Yerim Kim <sup>1</sup>, Seung In Seo <sup>2</sup>, Kyung Joo Lee <sup>3</sup>, Jinseob Kim <sup>4</sup>, Jong Jin Yoo <sup>2</sup>, Won-Woo Seo <sup>2</sup>,  
Woon Geon Shin <sup>2</sup>

Affiliations + expand

PMID: 36190338 DOI: 10.1177/17474930221133219

## Abstract

**Background:** Proton pump inhibitors (PPIs) are frequently prescribed drugs. However, it has been suggested that they are associated with an increased risk of ischemic vascular events (IVE) including stroke, although the data are inconsistent.

**Aims:** We investigated the association between PPIs use and IVE in five observational Korean databases using a common data model (CDM).

**Methods:** This study included patient-based retrospective, observational cohort data of subjects aged over 18 years between January 1, 2004, and December 31, 2020, from five medical centers as part of the Observational Medical Outcomes Partnership (OMOP) CDM. Subjects who were included in both cohorts or had a previous history of ischemic stroke were excluded. After propensity matching, 8007 propensity-matched pairs between the PPIs and H<sub>2</sub> receptor antagonist (H<sub>2</sub>RA) users were included in this study.

**Results:** In the 1:1 propensity score matching with 8007 in each group, long-term PPIs use ( $\geq 365$  days) was not associated with ischemic stroke (odds ratio (OR) = 1.05, 95% confidence interval (CI) 0.71-1.56;  $I^2 = 57\%$ ), ischemic stroke and transient ischemic attack (OR = 1.02, 95% CI 0.71-1.48;  $I^2 = 53\%$ ), and net adverse clinical events (OR = 1.08, 95% CI 0.83-1.40;  $I^2 = 47\%$ ) compared with H<sub>2</sub>RAs users.

**Conclusions:** Our analysis in a large dataset found no evidence that long-term use of PPIs was associated with an increased risk of ischemic stroke.

## 概要

**背景:** プロトンポンプ阻害薬 (PPI) は、頻繁に処方される薬剤である。しかし、データは一致していないが、脳卒中を含む虚血性血管イベント (IVE) のリスク上昇と関連することが示唆されている。

**目的:** 韓国の5つの観察データベースにおいて、共通データモデル (CDM) を用いてPPI使用とIVEとの関連性を検討した。

**方法:** 本研究では、OMOP CDMの一部として、5つの医療機関から2004年1月1日から2020年12月31日の間に18歳以上の被験者の患者ベースの後ろ向き観察型コホートデータを収集した。両コホートに含まれる被験者や虚血性脳卒中の既往がある被験者は除外した。傾向マッチングの結果、PPIとH<sub>2</sub>受容体拮抗薬 (H<sub>2</sub>RA) 使用者の間で傾向マッチングされた8007組が本研究に含まれた。

**結果:** 各群8007人による1 : 1の傾向スコアマッチングでは、PPIの長期使用 (365日) は虚血性脳卒中と関連しなかった (オッズ比 (OR) = 1.05、95%信頼区間 (CI) 0.71-1.56;  $I^2 = 57\%$ ) , 虚血性脳卒中および一過性脳虚血発作 (OR = 1.02, 95% CI 0.71-1.48;  $I^2 = 53\%$ ) , 臨床的有害事象 (OR = 1.08, 95% CI 0.83-1.40;  $I^2 = 47\%$ ) とH<sub>2</sub>RAsユーザーと比較し、相関が認められなかった。

**結論:** 大規模なデータセットによる解析の結果、PPIの長期使用は虚血性脳卒中のリスク上昇と関連することを示す証拠は得られなかった。





前立腺肥大症患者のCOVIDにおける  
α1ブロッカーと代替薬とのリスク比較

➤ [Front Pharmacol. 2022 Sep 14;13:945592. doi: 10.3389/fphar.2022.945592. eCollection 2022.](#)

## International cohort study indicates no association between alpha-1 blockers and susceptibility to COVID-19 in benign prostatic hyperplasia patients

Akihiko Nishimura <sup>1</sup>, Junqing Xie <sup>2</sup>, Kristin Kostka <sup>3 4</sup>, Talita Duarte-Salles <sup>5</sup>, Sergio Fernández Bertolín <sup>5</sup>, María Aragón <sup>5</sup>, Clair Blacketer <sup>6</sup>, Azza Shoaibi <sup>6</sup>, Scott L DuVall <sup>7 8</sup>, Kristine Lynch <sup>7 8</sup>, Michael E Matheny <sup>9 10</sup>, Thomas Falconer <sup>11</sup>, Daniel R Morales <sup>12 13</sup>, Mitchell M Conover <sup>6</sup>, Seng Chan You <sup>14</sup>, Nicole Pratt <sup>15</sup>, James Weaver <sup>6</sup>, Anthony G Sena <sup>6 16</sup>, Martijn J Schuemie <sup>6 17</sup>, Jenna Reps <sup>6</sup>, Christian Reich <sup>3</sup>, Peter R Rijnbeek <sup>16</sup>, Patrick B Ryan <sup>6</sup>, George Hripcsak <sup>11</sup>, Daniel Prieto-Alhambra <sup>2</sup>, Marc A Suchard <sup>17 18 19</sup>

Affiliations [+](#) expand

PMID: 36188566 PMCID: PMC9518954 DOI: 10.3389/fphar.2022.945592

## Abstract

**Purpose:** Alpha-1 blockers, often used to treat benign prostatic hyperplasia (BPH), have been hypothesized to prevent COVID-19 complications by minimising cytokine storm release. The proposed treatment based on this hypothesis currently lacks support from reliable real-world evidence, however. We leverage an international network of large-scale healthcare databases to generate comprehensive evidence in a transparent and reproducible manner. **Methods:** In this international cohort study, we deployed electronic health records from Spain (SIDIAPI) and the United States (Department of Veterans Affairs, Columbia University Irving Medical Center, IQVIA OpenClaims, Optum DOD, Optum EHR). We assessed association between alpha-1 blocker use and risks of three COVID-19 outcomes—diagnosis, hospitalization, and hospitalization requiring intensive services—using a prevalent-user active-comparator design. We estimated hazard ratios using state-of-the-art techniques to minimize potential confounding, including large-scale propensity score matching/stratification and negative control calibration. We pooled database-specific estimates through random effects meta-analysis. **Results:** Our study overall included 2.6 and 0.46 million users of alpha-1 blockers and of alternative BPH medications. We observed no significant difference in their risks for any of the COVID-19 outcomes, with our meta-analytic HR estimates being 1.02 (95% CI: 0.92-1.13) for diagnosis, 1.00 (95% CI: 0.89-1.13) for hospitalization, and 1.15 (95% CI: 0.71-1.88) for hospitalization requiring intensive services. **Conclusion:** We found no evidence of the hypothesized reduction in risks of the COVID-19 outcomes from the prevalent-use of alpha-1 blockers—further research is needed to identify effective therapies for this novel disease.

## 概要

**目的:** 前立腺肥大症（BPH）の治療にしばしば用いられる $\alpha$ 1ブロッカーは、サイトカインストームの放出を最小限に抑えることにより、COVID-19合併症を予防するという仮説が立てられてきた。しかし、この仮説に基づいて提案された治療法は、現在、信頼できる実世界のエビデンスによる裏付けを欠いています。我々は、大規模なヘルスケアデータベースの国際的なネットワークを活用し、透明で再現性のある方法で包括的なエビデンスを生成する。

**方法:** この国際コホート研究では、スペイン（SIDIAPI）および米国（退役軍人省、コロンビア大学アービング医療センター、IQVIA OpenClaims、Optum DOD、Optum EHR）の電子カルテを導入した。COVID-19の3つのアウトカム（診断、入院、集中治療を要する入院）のリスクと $\alpha$ 1ブロッカーの使用との関連を、有病率、アクティブコンパレータデザインを用いて評価した。潜在的な交絡を最小化するために、大規模な傾向スコアマッチング/層別化、陰性コントロールキャリブレーションなどの最新の技術を用いてハザード比を推定した。ランダム効果メタ解析により、データベース固有の推定値をプールした。

**結果:** 本研究では、全体で260万人と46万人の $\alpha$ 1ブロッカーと代替のBPH治療薬のユーザーを対象とした。COVID-19のいずれのアウトカムにおいても、両者のリスクに有意差は認められず、メタ解析によるHR推定値は、診断が1.02（95%CI：0.92-1.13）、入院が1.00（95%CI：0.89-1.13）、集中サービスを要する入院が1.15（95%CI：0.71-1.88）であった。

**結論:** この新しい疾患に対する効果的な治療法を特定するためにさらなる研究が必要である。





# OHDSI シンポジウム

## ■ OHDSI Global Symposium

- 10月14-16日

Oct. 14 – Main Conference

Oct. 15 – Tutorial

Oct. 15-16 – Workgroup Activities

## ■ OHDSI APAC Symposium

- 11月12-13日に台北で。

12日 プレ日 チュートリアルday

13日 本開催 9:00-17:00

- 会場

臺北醫學大學 綜合醫學大樓 4F

General Medicine Building 4F, Taipei Medical University

<https://goo.gl/maps/hBzhfiQmp5TYPPwe9>

# OHDSI APAC Symposium

ここから参加登録できます。Virtual & In-person.  
<https://ohdsi.org/2022-apac-ohdsi-symposium/>

Publications

Support & Sponsorship ▾

2022 OHDSI Symposium ▾

2022 APAC Symposium

Newsletters ▾

Follow OHDSI on Social ▾

## 2022 APAC OHDSI Symposium

Nov. 12 - 13 • Taipei Medical University



We are excited to announce that registration and collaborator showcase submissions for the 2022 OHDSI APAC Symposium, which will be held Nov. 12-13, is now open! This two-day event will take place in Taipei, Taiwan at the Taipei Medical University and also be broadcasted virtually for those who are not able to participate in person.

# OHDSI APAC Symposium

11月12日 土曜日

08:30-09:00 Registration  
09:00-12:00 OHDSI Intro - CDM & Vocab  
12:00-13:00 Lunch & Poster session  
13:00-17:00 ETL & DQ / Phenotype Development

11月13日 日曜日

08:00-09:00 Registration & Light breakfast  
09:00-09:20 Welcome session  
09:20-09:40 Group Photo

## **Session 1: Envisioning of OHDSI Global & EU**

09:40-10:00 Key note - OHDSI Global Presentation  
10:00-10:20 DARWIN EU  
10:20-10:30 Break

## **Session 2: The Challenges of Research in OHDSI APAC**

10:30-10:50 OHDSI APAC Introduction  
10:50-11:30 Researches in OHDSI APAC  
11:30-11:45 Researches using Taiwan national data  
11:45-12:00 Researches using TMUCRD data

12:00-13:00 Lunch & Poster Presentation

## **Session 3: The Implication Experiences in OHDSI Region**

13:00-14:00 Panel - Standardization & common data models  
14:00-15:00 Panel - APAC Regional adaption to standardization  
15:00-15:15 Break

15:15-16:15 Poster session / Network Session  
16:15-17:00 Closing remarks



# 今月のCommunity Call

## ● APAC Community Call テーマ

Sept. 22 EU & Latin America Chapter Sharing Session  
(Finland, Ukraine, Latin America)

Oct. 6 India Chapter Intro & Clinical Registry Efforts

Oct. 20 Global Symposium Recap

## ● Global Community Call テーマ

Oct. 4 OHDSI Debates

Oct. 11 #OHDSI2022 Mad Minutes (2022 Collaborator Showcase)

Oct. 18 Welcome to OHDSI

Oct. 25 Future Directions of OHDSI





# 2022 OHDSI Symposium

Oct. 14-16 • Bethesda North Marriott Hotel & Conference Center



最後に、日本からの発表の紹介をいただきました。

[DPM360: New Additions to Advanced Disease Progression Modeling](#)

オープンソースのツールです。ポスターへのリンクがあります。