

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 #27

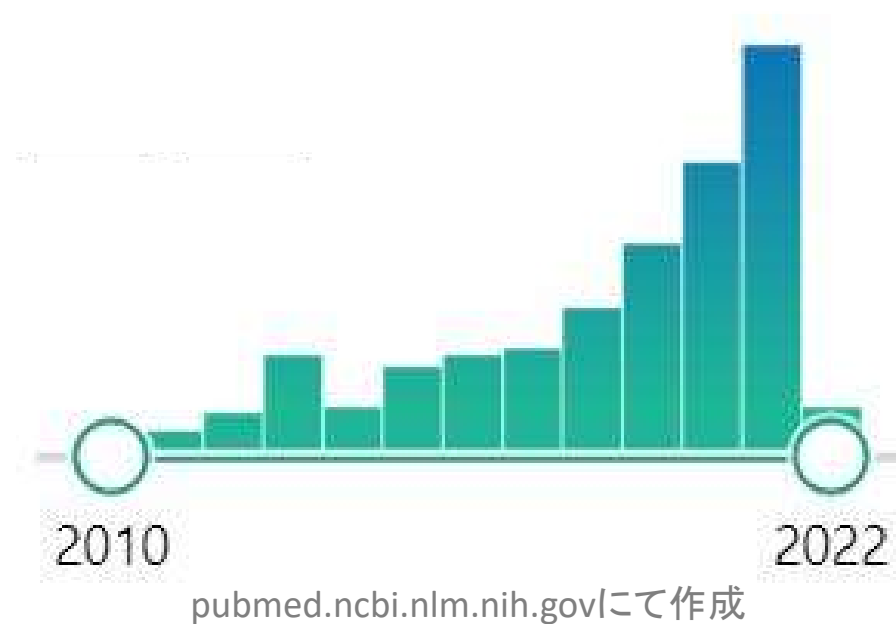
イブニングカンファレンス(第27回)

2022.2.25



OHDSI関連論文

Pubmedで“OHDSI or OMOP”を検索



全期間累計：1月232本→2月236本



PCORnet CDMをOMOP CDMに変換するツールを開発した
(この変換は今までなかったらしい)

> J Biomed Inform. 2022 Jan 22;127:104002. doi: 10.1016/j.jbi.2022.104002. Online ahead of print.

Developing an ETL tool for converting the PCORnet CDM into the OMOP CDM to facilitate the COVID-19 data integration

Yue Yu ¹, Nansu Zong ¹, Andrew Wen ¹, Sijia Liu ¹, Daniel J Stone ¹, David Knaack ¹,
Alanna M Chamberlain ¹, Emily Pfaff ², Davera Gabriel ³, Christopher G Chute ³, Nilay Shah ¹,
Guoqian Jiang ⁴

Affiliations – collapse

Affiliations

- 1 Mayo Clinic, Rochester, MN, USA.
- 2 University of North Carolina, Chapel Hill, NC, USA.
- 3 Johns Hopkins University, Baltimore, MD, USA.
- 4 Mayo Clinic, Rochester, MN, USA. Electronic address: Jiang.Guoqian@mayo.edu.

PMID: 35077901 PMCID: PMC8791245 DOI: 10.1016/j.jbi.2022.104002

Objective: The large-scale collection of observational data and digital technologies could help curb the COVID-19 pandemic. However, the coexistence of multiple Common Data Models (CDMs) and the lack of data extract, transform, and load (ETL) tool between different CDMs causes potential interoperability issue between different data systems. The objective of this study is to design, develop, and evaluate an ETL tool that transforms the PCORnet CDM format data into the OMOP CDM.

Methods: We developed an open-source ETL tool to facilitate the data conversion from the PCORnet CDM and the OMOP CDM. The ETL tool was evaluated using a dataset with 1000 patients randomly selected from the PCORnet CDM at Mayo Clinic. Information loss, data mapping accuracy, and gap analysis approaches were conducted to assess the performance of the ETL tool. We designed an experiment to conduct a real-world COVID-19 surveillance task to assess the feasibility of the ETL tool. We also assessed the capacity of the ETL tool for the COVID-19 data surveillance using data collection criteria of the MN EHR Consortium COVID-19 project.

Results: After the ETL process, all the records of 1000 patients from 18 PCORnet CDM tables were successfully transformed into 12 OMOP CDM tables. The information loss for all the concept mapping was less than 0.61%. The string mapping process for the unit concepts lost 2.84% records. Almost all the fields in the manual mapping process achieved 0% information loss, except the specialty concept mapping. Moreover, the mapping accuracy for all the fields were 100%. The COVID-19 surveillance task collected almost the same set of cases (99.3% overlaps) from the original PCORnet CDM and target OMOP CDM separately. Finally, all the data elements for MN EHR Consortium COVID-19 project could be captured from both the PCORnet CDM and the OMOP CDM.

Conclusion: We demonstrated that our ETL tool could satisfy the data conversion requirements between the PCORnet CDM and the OMOP CDM. The outcome of the work would facilitate the data retrieval, communication, sharing, and analysis between different institutions for not only COVID-19 related project, but also other real-world evidence-based observational studies.

目的: 大規模な観測データの収集とデジタル技術により、COVID-19の大流行を抑制することができる。しかし、共通データモデル（CDM）は複数共存し、異なるCDM間のデータ抽出・変換・ロード（ETL）ツールが存在しないため、異なるデータシステム間の相互運用性に問題が生じる可能性がある。本研究の目的は、PCORnet CDM形式のデータをOMOP CDMに変換するETLツールを設計・開発し、評価することである。

方法: PCORnet CDM と OMOP CDM とのデータ変換を容易にするために、N3Cと共同してオープンソースの ETL ツールを開発した。ETLツールは、Mayo ClinicのPCORnet CDMから無作為に抽出した1000例の患者を含むデータセットを用いて評価された。ETLツールの性能を評価するために、情報損失、データマッピング精度、ギャップ分析アプローチが実施された。ETLツールの実現可能性を評価するために、実世界のCOVID-19サーベイランスタスクを実施する実験を計画した。また、MN EHR Consortium COVID-19プロジェクトのデータ収集基準を用いて、COVID-19データサーベイランスのためのETLツールの能力を評価した。

結果: PCORnet CDMの18テーブルから1000人の患者記録をOMOP CDMの12テーブルに変換することに成功した。また、全ての概念のマッピングにおいて、情報損失は0.61%未満であった。単位概念の文字列マッピング処理では、2.84%のレコードが失われた。また、専門医のマッピングを除き、ほぼ全てのフィールドの情報損失は0%であった。さらに、すべてのフィールドのマッピング精度は100%であった。COVID-19監視タスクは、オリジナルのPCORnet CDMとターゲットのOMOP CDMから、ほぼ同じ症例セット（99.3%の重複）を別々に収集した。最終的に、MN EHRコンソーシアムCOVID-19プロジェクトのすべてのデータ要素は、PCORnet CDMとOMOP CDMの両方から取得することができました。

結論: 我々のETLツールは、PCORnet CDMとOMOP CDMの間のデータ変換要件を満たすことができることを実証しました。この成果は、COVID-19関連プロジェクトだけでなく、他の実世界のエビデンスに基づく観察研究についても、異なる機関間でのデータ検索、コミュニケーション、共有、分析を容易にするものである。

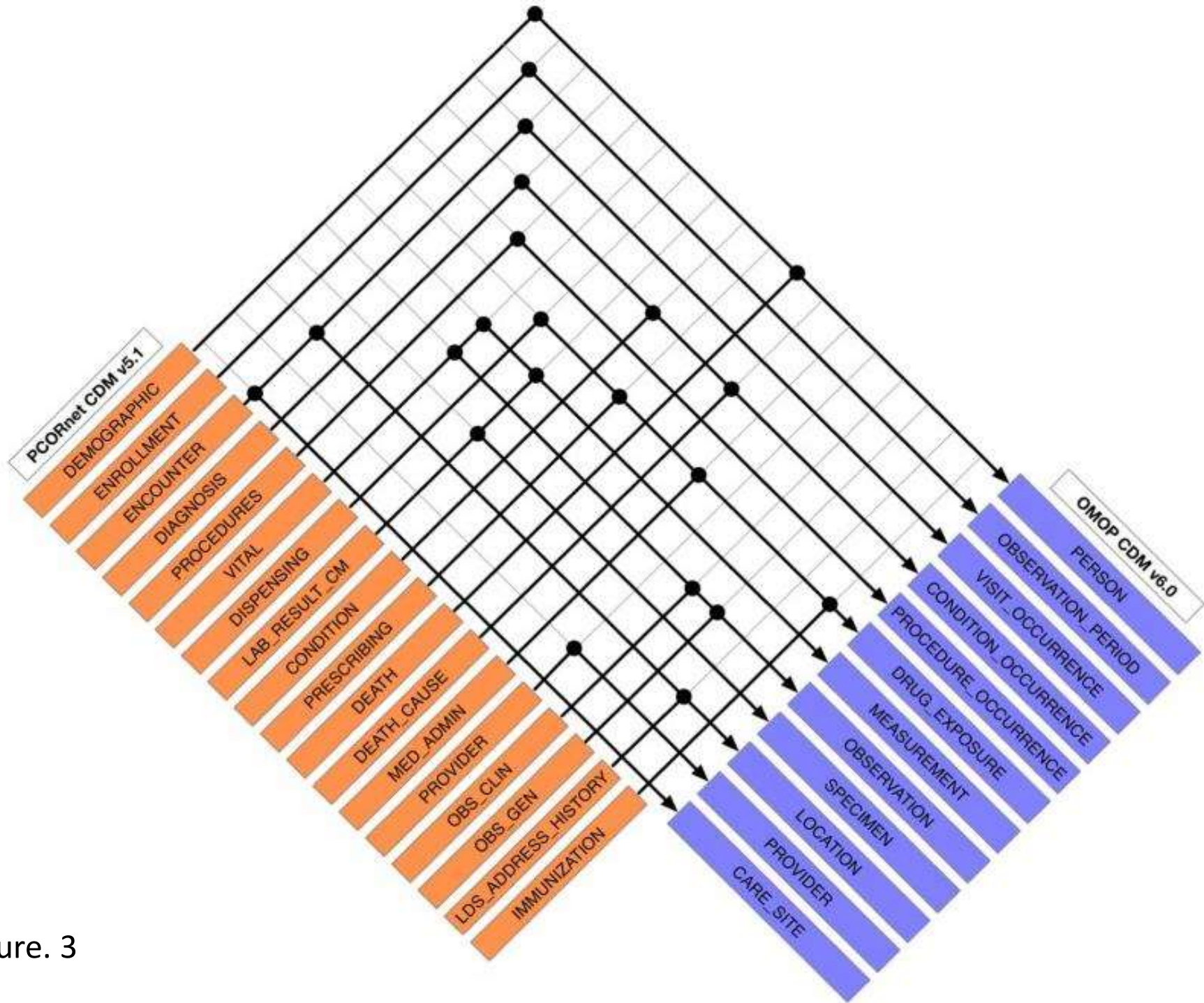


Figure. 3



> BMC Med Res Methodol. 2022 Jan 30;22(1):35. doi: 10.1186/s12874-022-01505-z.

Seek COVER: using a disease proxy to rapidly develop and validate a personalized risk calculator for COVID-19 outcomes in an international network

Ross D Williams ^{# 1}, Aniek F Markus ^{# 1}, Cynthia Yang ¹, Talita Duarte-Salles ², Scott L DuVall ³, Thomas Falconer ⁴, Jitendra Jonnagaddala ⁵, Chungsoo Kim ⁶, Yeunsook Rho ⁷, Andrew E Williams ⁸, Amanda Alberga Machado ⁹, Min Ho An ¹⁰, María Aragón ², Carlos Areia ¹¹, Edward Burn ^{2 12}, Young Hwa Choi ¹³, Iannis Drakos ¹⁴, Maria Tereza Fernandes Abrahão ¹⁵, Sergio Fernández-Bertolín ², George Hripcsak ⁴, Benjamin Skov Kaas-Hansen ^{16 17}, Prasanna L Kandukuri ¹⁸, Jan A Kors ¹, Kristin Kostka ¹⁹, Siaw-Teng Liaw ⁵, Kristine E Lynch ³, Gerardo Machnicki ²⁰, Michael E Matheny ^{21 22}, Daniel Morales ²³, Fredrik Nyberg ²⁴, Rae Woong Park ²⁵, Albert Prats-Uribe ¹², Nicole Pratt ²⁶, Gowtham Rao ²⁷, Christian G Reich ¹⁹, Marcela Rivera ²⁸, Tom Seinen ¹, Azza Shoaibi ²⁷, Matthew E Spotnitz ⁴, Ewout W Steyerberg ^{29 30}, Marc A Suchard ³¹, Seng Chan You ²⁵, Lin Zhang ^{32 33}, Lili Zhou ¹⁸, Patrick B Ryan ²⁷, Daniel Prieto-Alhambra ¹², Jenna M Reps ^{# 27}, Peter R Rijnbeek ^{# 34}

Affiliations [+](#) expand

PMID: 35094685 PMCID: PMC8801189 DOI: 10.1186/s12874-022-01505-z

Background: We investigated whether we could use influenza data to develop prediction models for COVID-19 to increase the speed at which prediction models can reliably be developed and validated early in a pandemic. We developed COVID-19 Estimated Risk (COVER) scores that quantify a patient's risk of hospital admission with pneumonia (COVER-H), hospitalization with pneumonia requiring intensive services or death (COVER-I), or fatality (COVER-F) in the 30-days following COVID-19 diagnosis using historical data from patients with influenza or flu-like symptoms and tested this in COVID-19 patients.

Methods: We analyzed a federated network of electronic medical records and administrative claims data from 14 data sources and 6 countries containing data collected on or before 4/27/2020. We used a 2-step process to develop 3 scores using historical data from patients with influenza or flu-like symptoms any time prior to 2020. The first step was to create a data-driven model using LASSO regularized logistic regression, the covariates of which were used to develop aggregate covariates for the second step where the COVER scores were developed using a smaller set of features. These 3 COVER scores were then externally validated on patients with 1) influenza or flu-like symptoms and 2) confirmed or suspected COVID-19 diagnosis across 5 databases from South Korea, Spain, and the United States. Outcomes included i) hospitalization with pneumonia, ii) hospitalization with pneumonia requiring intensive services or death, and iii) death in the 30 days after index date.

Results: Overall, 44,507 COVID-19 patients were included for model validation. We identified 7 predictors (history of cancer, chronic obstructive pulmonary disease, diabetes, heart disease, hypertension, hyperlipidemia, kidney disease) which combined with age and sex discriminated which patients would experience any of our three outcomes. The models achieved good performance in influenza and COVID-19 cohorts. For COVID-19 the AUC ranges were, COVER-H: 0.69-0.81, COVER-I: 0.73-0.91, and COVER-F: 0.72-0.90. Calibration varied across the validations with some of the COVID-19 validations being less well calibrated than the influenza validations.

Conclusions: This research demonstrated the utility of using a proxy disease to develop a prediction model. The 3 COVER models with 9-predictors that were developed using influenza data perform well for COVID-19 patients for predicting hospitalization, intensive services, and fatality. The scores showed good discriminatory performance which transferred well to the COVID-19 population. There was some miscalibration in the COVID-19 validations, which is potentially due to the difference in symptom severity between the two diseases. A possible solution for this is to recalibrate the models in each location before use.

背景: パンデミックの初期に予測モデルを確実に開発・検証する速度を上げるために、インフルエンザデータを用いてCOVID-19の予測モデルを開発できないか検討した。インフルエンザまたはインフルエンザ様症状を呈した患者の過去のデータを用いて、COVID-19診断後30日間の肺炎による入院 (COVER-H), 集中サービスを要する肺炎による入院または死亡 (COVER-I), 死亡 (COVER-F) のリスクを定量化するCOVID-19推定リスク (COVER) スコアを開発し、COVID-19患者でこれを検証した。

方法: 2020年4月27日以前に収集されたデータを含む、6か国、14のデータソースからの電子カルテおよび行政請求データの連携ネットワークを解析した。2020年以前にインフルエンザまたはインフルエンザ様症状を呈した患者の過去のデータを用いて、2段階のプロセスを用いて3つのスコアを作成した。最初のステップでは、LASSO正則化ロジスティック回帰を使用してデータ駆動型モデルを作成し、その共変量は、より少ない特徴量のセットを使用してCOVERスコアを開発する第2ステップの集約共変量を開発するために使用された。これらの3つのCOVERスコアは、韓国、スペイン、米国の5つのデータベースにおいて、1) インフルエンザまたはインフルエンザ様症状を有し、2) COVID-19の診断が確定または疑われる患者を対象に、外部で検証された。転帰は、i) 肺炎による入院、ii) 集中治療を要する肺炎による入院または死亡、iii) 指標日後30日以内の死亡、であった。

結果: 全体として、44,507人のCOVID-19患者がモデル検証の対象となった。7つの予測因子 (がん、慢性閉塞性肺疾患、糖尿病、心臓病、高血圧、高脂血症、腎臓病) を特定し、年齢と性別と組み合わせ、どの患者が3つのアウトカムのいずれかを経験するかを識別することができるようになった。このモデルは、インフルエンザと COVID-19 のコホートで良好な性能を示した。COVID-19のAUC範囲は、COVER-H: 0.69-0.81, COVER-I: 0.73-0.91, COVER-F: 0.72-0.90であった。COVID-19のバリデーションはインフルエンザのバリデーションよりも較正が甘いものがあり、バリデーションによって較正にばらつきがあった。

結論: 本研究は、予測モデルを開発するために代理疾患を用いることの有用性を示した。インフルエンザのデータを用いて開発した9予測因子からなる3つのCOVERモデルは、COVID-19患者に対して、入院、集中治療、死亡の予測に有効であった。このスコアは、COVID-19集団に対して良好な識別性能を示し、良好に移行した。COVID-19の検証では、両疾患の症状の重さの違いに起因すると思われる誤算があった。この解決策としては、使用前に各場所でモデルを再キャリブレーションすることが考えられます。



ある薬物有害事象シグナル検出法(TPD)
をOMOP DBで再現できるかやってみた

➤ [BMC Med Inform Decis Mak. 2022 Feb 3;22\(1\):31. doi: 10.1186/s12911-022-01765-1.](#)

Evaluating the performance of temporal pattern discovery: new application using statins and rhabdomyolysis in OMOP databases

M Lavallee ^{1 2 3}, T Yu ⁴, L Evans ⁴, M Van Hemelrijck ⁵, C Bosco ⁵, A Golozar ⁶, A Asiiimwe ⁷

Affiliations

Affiliations

- 1 Former Bayer Healthcare Pharmaceutical Inc, Whippany, NJ, USA. lavalleema@vcu.edu.
- 2 Virginia Commonwealth University, Richmond, VA, USA. lavalleema@vcu.edu.
- 3 LTS Computing LLC, West Chester, PA, USA. lavalleema@vcu.edu.
- 4 LTS Computing LLC, West Chester, PA, USA.
- 5 Translational Oncology & Urology Research (TOUR), King's College London, London, UK.
- 6 Former Bayer Healthcare Pharmaceutical Inc, Whippany, NJ, USA.
- 7 Bayer AG, Berlin, Germany.

Background: Temporal pattern discovery (TPD) is a method of signal detection using electronic healthcare databases, serving as an alternative to spontaneous reporting of adverse drug events. Here, we aimed to replicate and optimise a TPD approach previously used to assess temporal signals of statins with rhabdomyolysis (in The Health Improvement Network (THIN) database) by using the OHDSI tools designed for OMOP data sources.

Methods: We used data from the Truven MarketScan US Commercial Claims and the Commercial Claims and Encounters (CCAЕ). Using an extension of the OHDSI ICTemporalPatternDiscovery package, we ran positive and negative controls through four analytical settings and calculated sensitivity, specificity, bias and AUC to assess performance.

Results: Similar to previous findings, we noted an increase in the Information Component (IC) for simvastatin and rhabdomyolysis following initial exposure and throughout the surveillance window. For example, the change in IC was 0.266 for the surveillance period of 1-30 days as compared to the control period of -180 to -1 days. Our modification of the existing OHDSI software allowed for faster queries and more efficient generation of chronographs.

Conclusion: Our OMOP replication matched the we can account for we can account for of the original THIN study, only simvastatin had a signal. The TPD method is a useful signal detection tool that provides a single statistic on temporal association and a graphical depiction of the temporal pattern of the drug outcome combination. It remains unclear if the method works well for rare adverse events, but it has been shown to be a useful risk identification tool for longitudinal observational databases. Future work should compare the performance of TPD with other pharmacoepidemiology methods and mining techniques of signal detection. In addition, it would be worth investigating the relative TPD performance characteristics using a variety of observational data sources.

背景: Temporal Pattern Discovery (TPD) は、医療用電子データベースを用いたシグナル検出法であり、薬物有害事象の自発的な報告に代わる方法である。ここでは、以前に横紋筋融解症を伴うスタチンの時間的シグナルを評価するために使用したTPDアプローチ (The Health Improvement Network (THIN) データベース内) を、OMOPデータソース用に設計されたOHDSIツールで再現し最適化することを目的としています。

方法: Truven MarketScan US Commercial ClaimsとCommercial Claims and Encounters (CCAЕ)のデータを使用した。OHDSI ICTemporalPatternDiscoveryパッケージの拡張機能を用いて、陽性対照と陰性対照を4つの分析設定で実行し、感度、特異度、バイアス、AUCを算出して性能を評価した。

結果: これまでの知見と同様に、シンバスタチンと横紋筋融解症に関する情報成分 (IC) は、最初の曝露後および監視期間を通じて増加することが確認された。例えば、ICの変化は、-180日から-1日の対照期間と比較して、1日から30日の監視期間で0.266であった。既存のOHDSIソフトを改良することで、より速いクエリーとより効率的なクロノグラフの作成が可能になりました。

結論: 我々のOMOP再現試験は、オリジナルのTHIN試験のwe can account for we can account forと一致し、シンバスタチンだけがシグナルを有していた。TPD法は、時間的関連性に関する単一の統計量と、薬物結果の組み合わせの時間的パターンのグラフ描写を提供する有用なシグナル検出ツールである。この方法が稀な有害事象に対してうまく機能するかどうかはまだ不明であるが、縦断的観察データベースにおいて有用なリスク識別ツールであることが示されている。今後の課題としては、TPDの性能を他の薬剤疫学手法やシグナル検出のマイニング技術と比較することである。さらに、様々な観察データソースを用いて、相対的なTPDの性能特性を調査する価値があると思われる。



COVIDワクチンで懸念されている「血小板減少症候群を伴う血栓症」について、ワクチン以前の背景発症率を調べた

> [Pharmacoepidemiol Drug Saf. 2022 Feb 22. doi: 10.1002/pds.5419. Online ahead of print.](#)

Background rates of five thrombosis with thrombocytopenia syndromes of special interest for COVID-19 vaccine safety surveillance: incidence between 2017 and 2019 and patient profiles from 38.6 million people in six European countries

Edward Burn^{1 2}, Xintong Li², Kristin Kostka^{3 4}, Henry Morgan Stewart³, Christian Reich³, Sarah Seager³, Talita Duarte-Salles¹, Sergio Fernandez-Bertolin¹, María Aragón¹, Carlen Reyes¹, Eugenia Martinez-Hernandez⁵, Edelmira Marti⁶, Antonella Delmestri², Katia Verhamme⁷, Peter Rijnbeek⁷, Scott Horban⁸, Daniel R Morales⁸, Daniel Prieto-Alhambra^{2 7}

Affiliations [+](#) expand

PMID: 35191114 DOI: 10.1002/pds.5419

Background: Thrombosis with thrombocytopenia syndrome (TTS) has been reported among individuals vaccinated with adenovirus-vectored COVID-19 vaccines. In this study we describe the background incidence of non-vaccine induced TTS in 6 European countries.

Methods: Electronic medical records from France, the Netherlands, Italy, Germany, Spain, and the United Kingdom informed the study. Incidence rates of cerebral venous sinus thrombosis (CVST), splanchnic vein thrombosis (SVT), deep vein thrombosis (DVT), pulmonary embolism (PE), and myocardial infarction or ischemic stroke, all with concurrent thrombocytopenia, were estimated among the general population of persons in a database between 2017 to 2019. A range of additional potential adverse events of special interest for COVID-19 vaccinations were also studied in a similar manner.

Findings: A total of 38,611,617 individuals were included. Background rates ranged from 1.0 (95% CI: 0.7 to 1.4) to 8.5 (7.4 to 9.9) per 100,000 person-years for DVT with thrombocytopenia, from 0.5 (0.3 to 0.6) to 20.8 (18.9 to 22.8) for PE with thrombocytopenia, from 0.1 (0.0 to 0.1) to 2.5 (2.2 to 2.7) for SVT with thrombocytopenia, and from 1.0 (0.8 to 1.2) to 43.4 (40.7 to 46.3) for myocardial infarction or ischemic stroke with thrombocytopenia. CVST with thrombocytopenia was only identified in one database, with incidence rate of 0.1 (0.1 to 0.2) per 100,000 person-years. The incidence of non-vaccine induced TTS increased with age, and is typically greater among those with more comorbidities and greater medication use than the general population. It was also more often seen in men than women. A large proportion of those affected were seen to have been taking antithrombotic and anticoagulant therapies prior to their event.

Interpretation: Although rates vary across databases, non-vaccine induced TTS has consistently been seen to be a very rare event among the general population. While still remaining very rare, rates were typically higher among older individuals, and those affected were also seen to generally be male and have more comorbidities and greater medication use than the general population. This article is protected by copyright. All rights reserved.

背景 アデノウイルスベクターのCOVID-19ワクチン接種者において、血小板減少症候群を伴う血栓症（TTS）が報告されている。本研究では、欧州6カ国におけるワクチン以外のワクチンによるTTSの背景的な発生率について述べる。

方法 フランス、オランダ、イタリア、ドイツ、スペイン、イギリスの電子カルテを調査対象とした。血小板減少症を併発した脳静脈洞血栓症（CVST）、脾静脈血栓症（SVT）、深部静脈血栓症（DVT）、肺塞栓症（PE）、心筋梗塞または虚血性脳卒中の発症率は、2017年から2019年の間にデータベース内の一般集団の人たちの中で推定されました。また、COVID-19の予防接種で特に関心の高いさまざまな潜在的有害事象についても、同様の方法で調査した。

知見 合計 38,611,617 名を対象とした。背景率は、血小板減少症を伴うDVTでは10万人年あたり1.0（95%CI：0.7～1.4）から8.5（7.4～9.9）、血小板減少症を伴うPEでは0.5（0.3～0.6）から20.8（18.9～22.8）、0.5から10万年で、血小板減少を伴わないPEでは、10万人年あたり1.0（95%CI：0.7）から1.4（0.4）であった。1（0.0～0.1）から2.5（2.2～2.7）、心筋梗塞または虚血性脳卒中の血小板減少症では1.0（0.8～1.2）から43.4（40.7～46.3）であった。血小板減少を伴うCVSTは1つのデータベースでのみ確認され、発生率は10万人年あたり0.1（0.1～0.2）であった。非ワクチンによるTTSの発生率は年齢とともに増加し、一般集団よりも合併症が多く、薬の使用量が多い人の間で典型的に多くなっています。また、女性よりも男性に多くみられました。発症者の多くは、発症前に抗血栓療法や抗凝固療法を受けていたことが確認されました。

解釈 データベースによって発生率は異なりますが、ワクチンによるものではないTTSは、一般集団の中では非常にまれな事象であることが一貫して確認されています。また、一般集団に比べ、男性で、合併症が多く、薬剤の使用量が多いことがわかりました。



APAC Study

Study #	Study Title	Study Owners	Study Liaisons
1	Characterization of non-communicable disease across the pre- and post- COVID-19 era	Seng Chan You	Yizhi Dong, <u>Eri Matsuki</u> , Yongjae Lee, <u>Satoshi Ueno</u>
2	Comparison of mortality, morbidities & healthcare resources utilisation between patients with and without a diagnosis of COVID-19	Celine Chui, Shirley Li, Eric Wan	Yucheng Ruan, Jingyu Du, Changran Wang
3	Real world safety of treatments for multiple sclerosis	Nicole Pratt	Dinuja Willigoda, <u>Akira Koseki</u> , Chi-Tsun (Benson) Cheng
4	Quality assessment of CDM databases across the OHDSI-AP network	Chungsoo Kim	Hongzheng Zhang, Dinuja Willigoda, Alex PA Nguyen, Blanca Gallego, <u>Hasegawa Hiromi</u> , <u>Yoshihiro Aoyagi</u>



最近のGlobal OHDSIから

28 Days, 28 Phenotypes

Phenotype Phebruary

February 2022: Every day, a new phenotype will be developed and evaluated following OHDSI best practices

Monday	Tuesday	Wednesday	Thursday	Friday	Saturday	Sunday
	1 Type 2 Diabetes Mellitus	2 Type 1 Diabetes Mellitus	3 Atrial Fibrillation	4 Multiple myeloma	5 Alzheimer's disease	6 Hemorrhagic events
7 Neutropenia	8 Kidney Stones	9 Delirium Azza Shoaibi	10 Systemic lupus erythematosus Joel Swerdel	11 Suicidal thoughts Azza Shoaibi	12 Parkinson's Disease Allan Wu	13 Attention deficit hyperactivity disorder
14 Hypertension Gowtham Rao	15 Acute myocardial infarction Gowtham Rao	16 Heart failure Gowtham Rao	17 Cardiomyopathy Gowtham Rao	18 Multiple sclerosis Azza Shoaibi	19 Triple Negative Breast cancer Adam Black	20 Pulmonary Hypertension Evan Minty
21 Prostate cancer Asieh Golozar	22 HIV Rupa Makadia	23 Hydrodenitis suppurativa Jill Hardin	24 Depression Judit Kumuthini	25 COVID-19 subtypes Tiffany Callahan, Joan Banda	26 Non-small-cell lung cancer Asieh Golozar	27 Drug-induced liver injury Anna Ostropelets
28 Developmental disabilities Claudia Pulgarin						



Extracting OMOP Concepts from Clinical Narratives to Empower Clinical Research

From presentation at OHDCI Community Call on Jan. 25, 2022.

- N3C Overview
- Open Health Natural Language Processing (OHNLP)
 - Ethical AI framework
 - Scientific rigor
 - OHNLP Toolkits
 - PASC NLP algorithms
- Join the journey for NLP-empowered RECOVER
 - Contribute to the development effort
 - Implement the N3C NLP Infrastructure
 - Augment data with NLP for N3C
 - Collaboration and Partnership

https://www.ohdsi.org/wp-content/uploads/2022/01/N3CNLP_OHDSI_01252022.pdf