

Pasient-likhetsnettverk (PSN)

Momentliste P01–P08

ELMED219 / BMED365

Universitetet i Bergen

Våren 2026

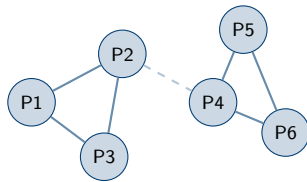
Oversikt

- 1 Grunnleggende om PSN
- 2 Likhetsberegning
- 3 Analyse av PSN
- 4 Avanserte temaer

P01: Forklare konseptet pasient-likhetsnettverk (PSN)

Hva er et pasient-likhetsnettverk?

- En **graf** der hver node representerer en pasient
- **Kanter** forbinder pasienter som ligner hverandre
- Likhet basert på kliniske variabler, biomarkører, genetikk



To pasientgrupper med sterk intern likhet

Hovedidé:

- Pasienter med lignende profiler grupperes sammen
- Avdekker naturlige subgrupper i pasientpopulasjonen
- Grunnlag for pasient-stratifisering

P02: Beskrive hvordan PSN kan støtte presisjonsmedisin

Presisjonsmedisin

Tilpasse behandling til den individuelle pasienten basert på deres unike profil – ikke “one size fits all”

PSN støtter presisjonsmedisin ved å:

- ➊ **Identifisere subgrupper** – Finne pasienter med lignende sykdomsmekanismer
- ➋ **Predikere behandlingsrespons** – “Pasienter som ligner deg responderte godt på X”
- ➌ **Oppdage ukjente sammenhenger** – Avdekke mønstre på tvers av datatyper
- ➍ **Integrere heterogene data** – Kombinere klinikk, omikk, avbildning

Eksempel: IBS-studien

I Lab 1 bruker vi PSN på IBS-pasienter for å undersøke sammenhenger mellom tarmsymptomer, hjerneavbildning (MRI) og kognitive funksjoner.

P03: Beregne likhet mellom pasienter

Vanlige avstandsmål:

Euklidsk avstand:

$$d_E = \sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i - y_i)^2}$$

- Rett linje mellom punkter
- Følsom for skala
- God for kontinuerlige data

Manhattan avstand:

$$d_M = \sum_{i=1}^n |x_i - y_i|$$

Gower-avstand:

$$d_G = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n d_i(x_i, y_i)$$

- Håndterer **blandede datatyper**
- Numeriske, kategoriske, binære
- Normaliserer automatisk
- Ideell for kliniske data!

Konvertering

likhet = 1 – avstand
(når avstand er normalisert til [0,1])

P04: Konstruere et PSN fra en pasient-feature-matrise

Steg-for-steg prosess:

- 1 Organiser data: Pasient \times Feature-matrise

Pasient	Alder	BMI	Symptom-score
P1	45	24.5	7
P2	42	25.1	8
P3	67	31.2	3

- 2 Normaliser/standardiser: Gjør variabler sammenlignbare
- 3 Beregn likhetsmatrise: Alle par av pasienter
- 4 Velg terskelverdi: Bestem når to pasienter er "like nok"
- 5 Opprett kanter: Forbind pasienter med likhet $>$ terskel
- 6 Bygg graf: Bruk NetworkX for å lage nettverket

Python-kode (konseptuelt)

```
G = nx.Graph()
for i, j: if similarity[i,j] > threshold: G.add_edge(i,j)
```

P05: Velge terskelverdi for kantoppretting i PSN

Utfordringen:

- For lav terskel \rightarrow For mange kanter, alle pasienter koblet
- For høy terskel \rightarrow For få kanter, isolerte noder

Strategier for terskelvalg:

- 1 Persentilbasert: Behold topp 5–10% av kantene
- 2 k-nærmeste naboer (k-NN): Hver node kobles til k nærmeste
- 3 Statistisk terskel: $\mu + 1.5\sigma$ av likhetsfordelingen
- 4 Visuell inspeksjon: Prøv ulike verdier og visualiser

For mange kanter

Mister subgruppestruktur, vanskelig å tolke

For få kanter

Mister informasjon, fragmentert nettverk

P06: Identifisere pasientsubgrupper via community detection

Community detection i PSN:

- Finner naturlige grupperinger av pasienter
- Pasienter i samme gruppe ligner hverandre mer enn de ligner andre

Louvain-algoritmen (fra N09):

- 1 Optimaliserer **modularitet** – intern tetthet vs. eksterne koblinger
- 2 Hierarkisk: Finner grupper på flere nivåer
- 3 Rask og skalerbar

Klinisk tolkning:

- Hver community = potensiell pasientsubtype
- Undersøk karakteristika for hver gruppe
- Sammenlign utfall og behandlingsrespons

NetworkX/python-louvain

```
import community
partition = community.best_partition(G)
```


P07: Fordeler og begrensninger ved PSN-tilnærmingen

Fordeler:

- ✓ Intuitivt og visuelt
- ✓ Integrasjon av ulike datatyper
- ✓ Ingen antakelse om underliggende fordelinger
- ✓ Oppdager ikke-lineære sammenhenger
- ✓ Nettverksanalyse-verktøy kan anvendes
- ✓ Pasient-sentrert perspektiv

Begrensninger:

- ✗ Valg av likhetsmål og terskel er kritisk
- ✗ Skalerer dårlig til store datasett
- ✗ Manglende data kan være problematisk
- ✗ Tolkningsutfordringer
- ✗ Ikke alltid replikerbart
- ✗ Krever domeneekspertise

Oppsummering

PSN er et kraftig verktøy for eksplorativ analyse og hypotesegenerering, men resultater bør valideres med uavhengige data og metoder.

P08: Multimodal PSN (integrering av ulike datatyper)

Multimodal PSN:

- Kombinerer data fra **flere kilder/modaliteter**
- Eksempler: Klinikk + Genetikk + Avbildning

Integrasjonsstrategier:

- 1 **Tidlig fusjon:** Kombiner alle features før likhetsberegning
- 2 **Sen fusjon:** Lag separate PSN, kombiner etterpå
- 3 **Mellomliggende fusjon:** Vektet kombinasjon av likhetsmatriser

Eksempel fra Lab 1 (IBS-studie):

- **Kliniske data:** Symptomscorer, demografi
- **MRI-data:** Hjerneavbildning (konnektivitet, volum)
- **Kognitive data:** Testresultater
- → Integrert PSN for helhetlig pasientprofilering

Verdi av multimodal PSN

Fanger opp kompleksiteten i pasientpopulasjoner som ikke synes i enkeltmodaliteter alene.

Oppsummering: PSN

Nøkkelpunkter:

- P01: PSN = Graf der noder er pasienter, kanter er likhet
- P02: Støtter presisjonsmedisin via subgruppeidentifikasjon
- P03: Likhetsmål: Euklidsk, Manhattan, Gower
- P04: Konstruksjon: Feature-matrise \rightarrow Likhet \rightarrow Graf
- P05: Terskelvalg er kritisk for nettverksstruktur
- P06: Community detection (Louvain) for subgrupper
- P07: Fordeler vs. begrensninger må avveies
- P08: Multimodal PSN integrerer heterogene data

Lab 1 – Praktisk erfaring

Konstruer og analyser PSN med ekte kliniske data (IRIS, IBS, WAIS-IV) ved hjelp av Python og NetworkX.