

Analiza zbioru danych "Patient-level dataset to study the effect of COVID-19 in people with Multiple Sclerosis" z wykorzystaniem nadzorowanego algorytmu uczenia maszynowego One-Class SVM(Support Vector Machines)

Anna Mrozek, Bartosz Panek i Przemysław Jura

ARTICLE INFO

Keywords:
One-Class SVM
COVID-19

STRESZCZENIE

Artykuł analizuje zbiór danych pacjentów ze stwardnieniem rozsianym (SM), którzy przeszli COVID-19, przy użyciu nadzorowanego algorytmu One-Class SVM. Celem jest identyfikacja przypadków o zwiększonym ryzyku ciężkiego przebiegu infekcji. Umożliwi to zidentyfikowanie charakterystycznych cech pacjentów bardziej narażonych na powikłania.

1. Wprowadzenie

Pandemia COVID-19 miała znaczący wpływ na osoby z chorobami przewlekłymi, w tym na pacjentów ze stwardnieniem rozsianym (SM). SM jest przewlekłą chorobą autoimmunologiczną, która wpływa na układ nerwowy i może prowadzić do trwałego uszkodzenia neuronów oraz ograniczenia funkcji motorycznych oraz poznawczych.[1][2] Ze względu na charakter choroby i stosowane terapie immunosupresyjne, pacjenci z SM mogą być bardziej narażeni na cięższy przebieg infekcji wirusowych, w tym COVID-19.[3][4] Analiza danych od pacjentów z SM, którzy przeszli COVID-19, może dostarczyć ważnych informacji na temat ryzyka powikłań i zidentyfikować czynniki przyczyniające się do poważniejszych objawów, co ostatecznie może pomóc w lepszym monitorowaniu i opiece nad tą grupą pacjentów.

2. Cel

Celem badania jest wykorzystanie nadzorowanego algorytmu One-Class SVM do analizy zbioru danych pacjentów ze stwardnieniem rozsianym, którzy przeszli COVID-19, w celu zidentyfikowania cech pacjentów o zwiększonym ryzyku ciężkiej infekcji. Oczekuje się, że wyniki analizy dostarczą wskazówek do opracowania bardziej ukierunkowanych strategii opieki i środków zapobiegawczych dla pacjentów ze stwardnieniem rozsianym w kontekście potencjalnych przyszłych pandemii lub innych zagrożeń wirusowych.

3. Przegląd literatury

W literaturze medycznej i naukowej, od początku pandemii COVID-19, wiele badań skupiało się na analizie wpływu wirusa SARS-CoV-2 na osoby cierpiące na choroby przewlekłe i autoimmunologiczne, takie jak stwardnienie rozsiane (SM). Wyniki tych badań sugerują, że pacjenci z SM, zwłaszcza ci stosujący terapie immunosupresyjne,

mogą być bardziej narażeni na cięższy przebieg COVID-19 oraz związane z nim powikłania[5][6]. U pacjentów z SM często obserwuje się obniżoną odporność oraz większą podatność na infekcje, co wynika zarówno z samej choroby, jak i z efektów leków tłumiących układ odpornościowy[7]. Dodatkowo w badaniach zwraca się uwagę na takie czynniki ryzyka jak wiek, płeć, rodzaj stosowanego leczenia oraz inne choroby towarzyszące, które mogą zwiększać ryzyko ciężkiego przebiegu infekcji u tej grupy pacjentów.

W ostatnich latach coraz większą popularność zyskuje zastosowanie algorytmów uczenia maszynowego, takich jak Support Vector Machines (SVM), do analizy danych medycznych. Algorytmy te pozwalają na wykrywanie wzorców i anomalii w dużych, zróżnicowanych zbiorach danych[8]. W szczególności algorytm One-Class SVM, używany do wykrywania anomalii, jest przydatny do identyfikacji przypadków wysokiego ryzyka w danych medycznych, gdzie przypadki nietypowe (np. pacjenci bardziej narażeni na ciężki przebieg COVID-19) występują rzadko. Badania pokazują, że One-Class SVM dobrze sprawdza się w analizie populacji pacjentów, gdy dostęp do dużych zbiorów danych o przypadkach zdrowych jest ograniczony, co często stanowi wyzwanie w analizie medycznej[9].

W kontekście badań nad COVID-19 i SM, algorytmy nadzorowanego uczenia maszynowego, takie jak SVM, umożliwiają dokładniejszą analizę czynników ryzyka oraz lepsze prognozowanie ciężkiego przebiegu choroby. Wyniki takich analiz mogą być przydatne nie tylko dla lekarzy, ale także dla decydentów zajmujących się zdrowiem publicznym, ponieważ pozwalają na opracowanie bardziej ukierunkowanych strategii opieki dla osób z SM, które są bardziej narażone na zagrożenia związane z wirusami, takimi jak COVID-19.

4. Metodologia

W badaniu zastosowano algorytm nadzorowanego uczenia maszynowego One-Class SVM w celu identyfikacji pacjentów z podwyższonym ryzykiem ciężkiego przebiegu COVID-19 w grupie osób ze stwardnieniem rozsianym.

Analiza obejmowa a cechy kliniczne pacjent w, takie jak wiek, p e , typ leczenia oraz choroby w sp listniej ce, aby zidentyfikowa  wzorce zwi zane z wi ksz  podatno ci  na powik ania.

4.1. Dataset

Stwardnienie rozsiane (MS) to przewlek a choroba autoimmunologiczna, kt ra wywo uje stan zapalny w obr bie o rodkowego uk adu nerwowego. Choroba prowadzi do r żnych stopni utraty funkcji przez uszkodzenia mieliny oraz w  kien nerwowych [10]. Osoby z MS s  bardziej podatne na infekcje z powodu z o zonego dzia ania samej choroby, jej leczenia i naturalnego przebiegu [11]. Z inicjatywy COVID-19 and MS Global Data Sharing Initiative (GDSI) zbadano, jak leki immunosupresyjne lub immunomoduluj ce wp ywaj  na COVID-19 i jego przebieg u os b z MS. GDSI mia a na celu zwi kszenie skali zbierania danych dotycz cych COVID-19 i dostarczenie spo eczno ci zwi zanej z MS informacji opartych na danych podczas pandemii [12]. W ramach GDSI wybrano kluczowe zmienne obejmuj ce informacje o COVID-19, stopniu jego ci  sko ci, leczeniu, dane demograficzne, historię i nasilenie MS, stosowanie lekw modyfikuj cych przebieg choroby (DMT), choroby w sp listniej ce i wybrane zachowania zwi zane ze stylem  ycia, takie jak palenie tytoniu. Globalna spo eczno   MS w sp pracowa a, przekazuj c dokumentacj  statusu COVID-19 u os b z MS za po rednictwem centralnej platformy udost pnionej przez QMENTA [13].

Ten zbi r danych zosta  zebrany za pomoc  nar dzia do szybkiego wprowadzania danych, kt re umo liwia o klinicystom, osobom ze stwardnieniem rozsianym (PwMS) lub ich przedstawicielom bezpo rednie wprowadzanie informacji do centralnej platformy GDSI. Nar dzie to zawiera o kwestionariusz oparty na wcze niej ustalonych zmiennych i nie gromadzi o bezpo rednich danych osobowych, aby chroni c prywatno   u ytkownik w. Nar dzie zosta  wy  czone 3 lutego 2022 roku.

Zbi r danych obejmuje informacje o 1141 osobach ze stwardnieniem rozsianym (PwMS). Aby zapewni c zgodno   danych z wytycznymi HIPAA, przeprowadzono proces deidentyfikacji. Po zebraniu danych dokonano oceny ryzyka zwi zanego z ma ymi kom rkami (SCRA), klasyfikuj c zmienne na trzy kategorie: bezpo rednie identyfikatory, zmienne wra liwe i identyfikatory po rednie. Bezpo rednie identyfikatory to zmienne, kt re mog  jednoznacznie zidentyfikowa  osob , zmienne wra liwe to te, kt re respondent mo e chcie  zachowa  w tajemnicy, natomiast identyfikatory po rednie mog  zidentyfikowa  osob , je li s  po  czone z danymi z innych zbior w.

Poniewa  w danych nie zbierano imion pacjent w, deidentyfikacja skupi a si  na datach i wieku pacjent w. Daty w kolumnie „stop-or-end-date-combined” zosta  przesuni te o losow  liczb  dni (mi dzy -15 a 15), aby uniemo liwi c identyfikacj  na podstawie dat. Wiek pacjent w sklasyfikowano w cztery grupy: 0 dla os b w wieku 0–17 lat, 1 dla os b mi dzy 18 a 50 lat, 2 dla os b mi dzy 51 a 70 lat, oraz 3 dla os b powy żej 71 lat. Dzi ki temu  adne dok adne

warto ci wieku powy żej 90 lat nie zosta  ujawnione. Po klasyfikacji zmiennych i wdro eniu odpowiednich  rodk w ostro no ci dane zosta  zdeidentyfikowane i spe niaj  standardy HIPAA, zachowuj c jednocze nie warto   badawcz . Ponadto, aby zapewni c ochron  prywatno ci, zastosowano techniki takie jak K-anonimizacja oraz r żnorodno  .

Zbi r danych obejmuje zestaw z g ry okre lonych zmiennych ($n=47$), takich jak p e , kategoria wiekowa, typ MS, wynik EDSS, status palenia oraz kategoria BMI. Te zmienne dostarczaj  informacji o demografii pacjent w, ich stanie klinicznym oraz symptomach zwi zanych z COVID-19. Szczeg owy opis typ w zmiennych i ich statystyki znajduje si  w sekcji „Opis Danych”.

4.2. Opis metody

Jednoklasowy SVM (One-Class Support Vector Machine, OCSVM) to algorytm przeznaczony do wykrywania anomalii w zbiorze danych. Zamiast klasyfikowa  dane do dw ch lub wi cej klas, jak w klasycznym SVM, OCSVM koncentruje si  wy  cznie na danych normalnych.[14][15] Jego celem jest zbudowanie granicy wok   wi kszo ci przypadkw normalnych, tworz c „stref  normalno ci”, kt ra odr bnia standardowe przypadki od anomalii.

G wna zasada dzia ania OCSVM opiera si  na maksymalizacji marginesu mi dzy przypadkami normalnymi a granic , kt ra oddziela norm  od anomalii. Dzi ki temu model lepiej rozpoznaje dane odstaj ce, kt re znajduj  si  poza wyznaczon  stref . W algorytmie znajduje si  hiperparametr „nu”, kt ry pozwala kontrolowa  czu   modelu – decyduje on o maksymalnym odsetku b d w marginesowych oraz liczbie wektor w no nych, wp ywaj c na balans mi dzy surowo ci  a tolerancj  modelu.[16][17]

Kluczowym elementem dzia ania OCSVM jest funkcja decyzyjna oparta na hiperp aszczy nie, kt ra oddziela dane od pocz tku uk adu w sp r znych. Wz r na hiperp aszczy n  wyra any jest jako:

$$f(x) = \mathbf{w} \cdot \mathbf{x} - \rho \quad (1)$$

gdzie:

- \mathbf{w} – wektor normalny do hiperp aszczy zny, wyznaczony podczas procesu uczenia,
- \mathbf{x} – pr bka danych,
- ρ – jest warto ci  progow  (bias), kt ra definiuje margines.

OCSVM posiada szereg parametr w, dzi ki kt rym mo liwe jest dostosowywanie modelu do specyficznych potrzeb:

- **Parametr ν :** Kontroluje liczb  obserwacji uznawanych za anomalie. Parametr ten przyjmuje warto ci w przedziale od 0 do 1 i determinuje udzia  anomalii, jakie model mo e tolerowa  w zbiorze treningowym (np. je li $\nu = 0.05$, oznacza to,  e oko o 5% pr bek zostanie sklasyfikowanych jako anomalie).

- **Parametr γ :** Wpływa na kształt granicy decyzyjnej poprzez dopasowywanie modelu do danych. Mniejsza wartość γ oznacza „szerszą” granicę, obejmującą więcej punktōw, natomiast większa wartość γ powoduje, że granica jest bardziej dopasowana do danych, co może zwiększać ryzyko nadmiernego dopasowania (overfitting).
- **Jądro (*ang. kernel*):** One-Class SVM często wykorzystuje funkcje jądrowe, aby modelować nieliniowe granice decyzyjne i lepiej dopasować się do danych, które nie są liniowo rozdzielne w przestrzeni cech. Wybór jądra, zwany również „sztuczką jądra”, wpływa na charakter dopasowania modelu i jego wydajność.

Podczas treningu OCSVM analizuje wyłącznie dane normalne, co sprawia, że jest szczególnie użyteczny w sytuacjach, gdy anomalie są rzadkie lub trudne do zidentyfikowania. Model staje się wtedy bardziej niezawodny w rzeczywistych zastosowaniach, takich jak wykrywanie oszustw, monitorowanie awarii czy zabezpieczanie sieci komputerowych. OCSVM może wykorzystać różne funkcje jądra, co umożliwia mu wykrywanie zarówno prostych, jak i bardziej złożonych odchyłēń.[18]

4.3. Opis przeprowadzonych obliczeń

1. Przygotowanie i czyszczenie danych - rozpoczęliśmy od wczytania danych oraz wybrania interesujących nas cech, które następnie zostały przekształcone w sposób umożliwiający przeprowadzenie obliczeń:

- Dla kolumn binarnych (yes/no) wartości zostały zamienione na liczby 0 i 1.
- Dla kolumn kategorycznych i ordinalnych (np. age-in-cat, covid19-outcome-levels-2, report-source) zostały przypisane wartości liczbowe, zgodnie z przyjętym mapowaniem.
- Brakujące wartości w danych zostały wypełnione zerami, co pozwoliło na uniknięcie problemów podczas analizy i treningu modelu.

2. Tworzenie nowych zmiennych: symptom-score oraz comorbidity-score, aby skonsolidować informacje o objawach i chorobach współistniejących.

- Stworzyliśmy dwie kolumny symptom-score oraz comorbidity-score, które zliczają ilość objawów wirusa COVID-19 oraz liczby chorōb współistniejących dla każdego pacjenta.
- Kolumny te były następnie skalowane przy użyciu StandardScaler, co pozwala na lepszą interpretację wyników oraz standaryzację w zakresie modelowania.

Efektem było, uzyskanie wartości numerycznych, które reprezentują intensywność symptomōw oraz liczbę chorōb współistniejących dla każdego pacjenta.

3. Przygotowanie danych do treningu - wykorzystaliśmy pacjentōw bez chorōb współistniejących jako grupę uczącą (zbiōr X-train). Wszystkie próbki (zarówno te z chorobami współistniejącymi, jak i bez) tworzyły zestaw testowy (zbiōr X-test). Wybōr pacjentōw bez chorōb współistniejących pozwolił modelowi nauczyć się cech charakterystycznych dla „normalnych” próbek, które posłużyły do wykrywania potencjalnych anomalii.

4. Trening modelu One-Class SVM - zastosowaliśmy algorytm One-Class Support Vector Machine (SVM) z jądrem rbf, który dobrze radzi sobie z modelowaniem nieliniowych granic decyzyjnych. Model trenowano, aby rozpoznawał typowe cechy pacjentōw bez chorōb współistniejących, a następnie przewidywał, które próbki są podobne do tego wzorca, a które mogą być anomaliami. Po treningu model przypisywał każdej próbce etykietę 1 (normalna) lub -1 (anomalna). Próbki oznaczone jako anomalna zawarto w nowej ramce anomalies w celu dalszej analizy.

5. Analiza wyników - na podstawie wykrytych anomalii przeprowadziliśmy szereg analiz, tworząc wizualizacje, które pomagają zrozumieć charakterystykę anomalii[19]

4.4. Wykorzystane metryki oceny

Classification Report: Zawiera dokładność (precision), czułość (recall) i f1-score dla obu klas (1 - normalna, -1 - anomalna). Daje to pogląd na efektywność wykrywania anomalii oraz odsetek poprawnie klasyfikowanych normalnych próbek.

Confusion Matrix (Macierz Pomyłēk): Macierz błędów wyświetla liczby klasyfikacji poprawnych i błędnych dla klas normalnych i anomalii, co pozwala zidentyfikować potencjalne problemy z fałszywie pozytywnymi lub fałszywie negatywnymi klasyfikacjami.

ROC AUC (Area Under the Curve of Receiver Operating Characteristic) — pomimo braku klasy binarnej, można skonstruować ROC, badając, jak dobrze model oddziela „normę” od „odchyłēń”.

Procent wykrytych anomalii — określa, jaki odsetek faktycznych anomalii został prawidłowo wykryty.

False Positive Rate (FPR) — aby zminimalizować fałszywe alarmy.

5. Wyniki

5.1. Ocena modelu One-Class SVM

Precision: Jest to miara, która określa, jaki odsetek przypadków oznaczonych przez model jako „Anomaly” rzeczywiście jest anomaliami. W tym przypadku precyzja dla obu klas (Normal i Anomaly) wynosi 1.00 (100%), co oznacza, że wszystkie przypadki zaklasyfikowane jako „Normal” i „Anomaly” przez model są poprawne.

Recall: Jest to miara, która określa, jaki odsetek rzeczywistych przypadków „Anomaly” został poprawnie wykryty przez model. Wartość 1.00 dla obu klas oznacza, że model poprawnie rozpoznał 100% przypadków normalnych i anomalnych.

F1-Score: To średnia harmoniczna precyzji i czułości, która jest przydatna w sytuacjach, gdzie istnieje nierównowaga

Ocena modelu One-Class SVM:				
	precision	recall	f1-score	support
Normal	1.00	1.00	1.00	37
Anomaly	1.00	1.00	1.00	47
accuracy			1.00	84
macro avg	1.00	1.00	1.00	84
weighted avg	1.00	1.00	1.00	84
Macierz pomyłk:				
[[37 0]				
[0 47]]				
ROC AUC: 1.0				
Procent wykrytych anomalii (TPR): 100.00%				
False Positive Rate (FPR): 0.00%				

Figure 1: Ocena modelu One-class SVM

między klasami (np. liczba przypadków normalnych i anomalnych). Wartość F1-Score 1.00 oznacza, że model jest bardzo dobrze zbalansowany i radzi sobie perfekcyjnie w wykrywaniu obu klas.

Support: To liczba przypadków w każdej klasie (37 przypadków normalnych i 47 anomalii).

Accuracy: Całkowita dokładność modelu (accuracy) to 100%, co oznacza, że model poprawnie sklasyfikował wszystkie 84 przypadki testowe (37 normalnych i 47 anomalnych).

Macierz pomyłek: [[37, 0], [0, 47]] Macierz ta pokazuje, że wszystkie 37 przypadków normalnych zostały poprawnie sklasyfikowane jako normalne, a wszystkie 47 anomalii zostały poprawnie oznaczone jako anomalie. Brak błędnych klasyfikacji (nie ma wartości poza główną przekątną), co wskazuje na perfekcyjne działanie modelu.

ROC AUC (Area Under the Curve): wynosi 1.0, co oznacza idealną zdolność modelu do rozróżniania między klasami „Normal” i „Anomaly”. Wartość 1.0 w AUC oznacza, że model jest perfekcyjny, a jego wyniki są w 100% poprawne.

Procent wykrytych anomalii (True Positive Rate, TPR): Procent wykrytych anomalii wynosi 100%. TPR, czyli odsetek rzeczywistych anomalii, które zostały poprawnie oznaczone jako anomalie, wynosi 100%. Model wykrył wszystkie anomalie bez pominięcia żadnego przypadku. False Positive Rate (FPR): FPR wynosi 0%, co oznacza, że model nie popełnił żadnego błędu, oznaczając przypadek normalny jako anomalie. Wartość FPR 0% oznacza, że model idealnie oddzielił przypadki normalne od anomalii bez żadnych fałszywych alarmów.

5.2. Wynik analizy (wykresy znajdują się na końcu opracowania)

Opis wykresów

6. Opis wyników

7. Podsumowanie

8. Bibliografia

[1] <https://diag.pl/pacjent/artykuly/jakie-sa-pierwsze-objawy-i-sposoby-leczenia-stwardnienia-rozsianego/>

[2] <https://www.medicover.pl/o-zdrowiu/stwardnienie-rozsiane-objawy-przyczyny-i-leczenie,6619,n,192>

[3] https://pl.wikipedia.org/wiki/Stwardnienie_rozsiane

[4] <https://ptsr.org.pl/strona/133,covid-19-a-sm>

[5] Sormani MP, De Rossi N, Schiavetti I, Carmisciano L, Cordioli C, Radaelli M, et al. Disease modifying therapies and COVID-19 severity in multiple sclerosis. *Ann Neurol*. 2021 Apr

[6] Louapre C, Collongues N, Stankoff B, Giannesini C, Papeix C, Bensa C, et al. Clinical characteristics and outcomes in patients with coronavirus disease 2019 and multiple sclerosis. *JAMA Neurol*. 2020 Sep

[7] Simpson-Yap S, De Brouwer E, Kalincik T, Rijke N, Hillert JA, Walton C, et al. Associations of Disease-Modifying Therapies With COVID-19 Severity in Multiple Sclerosis. *Neurology*. 2021 Nov

[8] Schiff MA, Rae-Grant A, Gilden D, Franklin GM. Practice guideline: Disease-modifying therapies for adults with multiple sclerosis: Report of the guideline development, dissemination, and implementation subcommittee of the American Academy of Neurology. *Neurology*. 2019 Jan

[9] Erfani P, Mitchell AJ, Hameed S, Heydarpour P, Ghaffaripour R, Sahraian MA. Systematic review of health-related quality of life in multiple sclerosis patients: The impact of pharmacological treatments and lifestyle. *J Neurol Sci*. 2016 Dec

[10] Calabresi PA. Diagnosis and management of multiple sclerosis. *Am Fam Physician*. 2004 Nov

[11] Montgomery S, Hillert J, Bahmanyar S. Hospital admission due to infections in multiple sclerosis patients. *Eur J Neurol*. 2013 Aug

[12] Peeters LM, Parciak T, Walton C, Geys L, Moreau Y, De Brouwer E, et al. COVID-19 in people with multiple sclerosis: A global data sharing initiative. *Mult Scler Houndmills Basingstoke Engl*. 2020 Sep

[13] Simpson-Yap S, De Brouwer E, Kalincik T, Rijke N, Hillert JA, Walton C, et al. Associations of Disease-Modifying Therapies With COVID-19 Severity in Multiple Sclerosis. *Neurology*. 2021 Nov

[14] <https://physionet.org/content/patient-level-data-covid-ms/1.0.1/>

[15] <https://www.geeksforgeeks.org/understanding-one-class-support-vector-machines/>

[16] <https://scikit-learn.org/dev/modules/generated/sklearn.svm.OneClassSVM.html>

[17] <https://www.baeldung.com/cs/one-class-svm>

[18] <https://medium.com/@roshmitadey/anomaly-detection-using-support-vectors-2c1b842213ed>

[19] <https://github.com/przemyslawJura00/RozpoznawanieWzorcow>

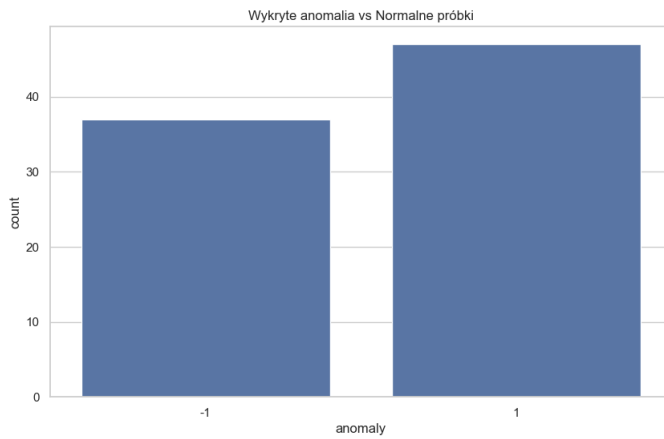


Figure 2: Wykryte anomalie vs Normalne próbki: -1: anomalie
1: normalny przypadek

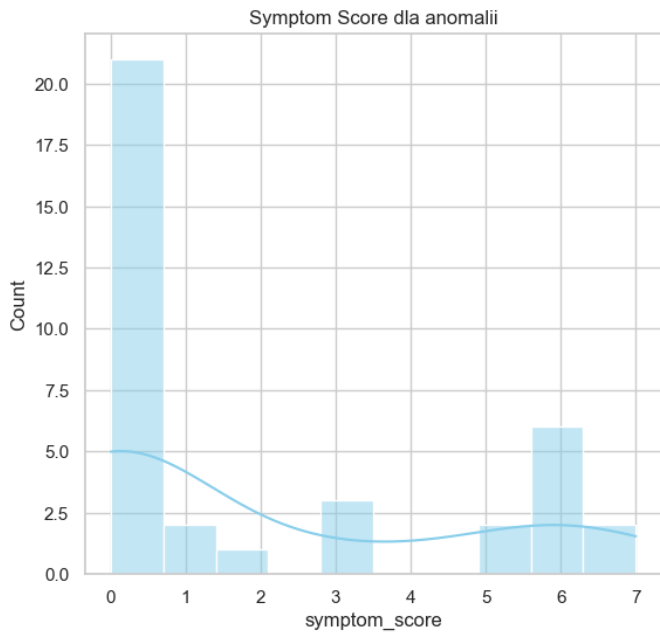


Figure 3: Rozkład ilości symptomów dla anomalii

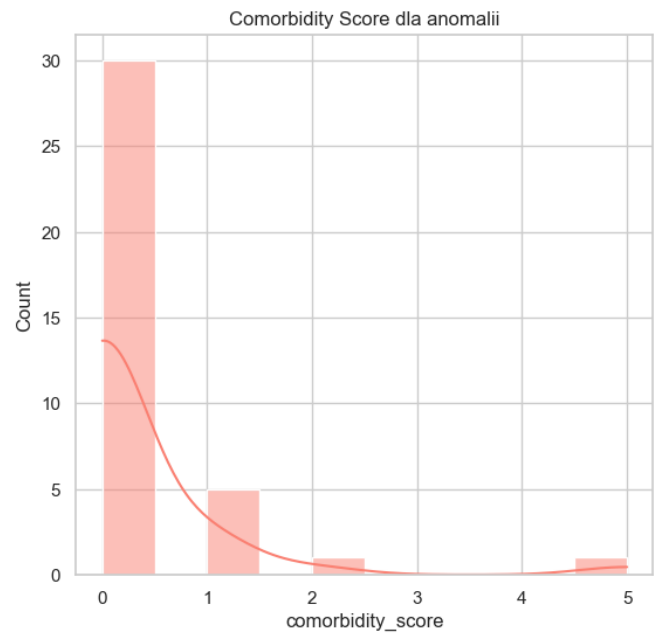


Figure 4: Rozkład ilości chorób współistniejących dla anomalii

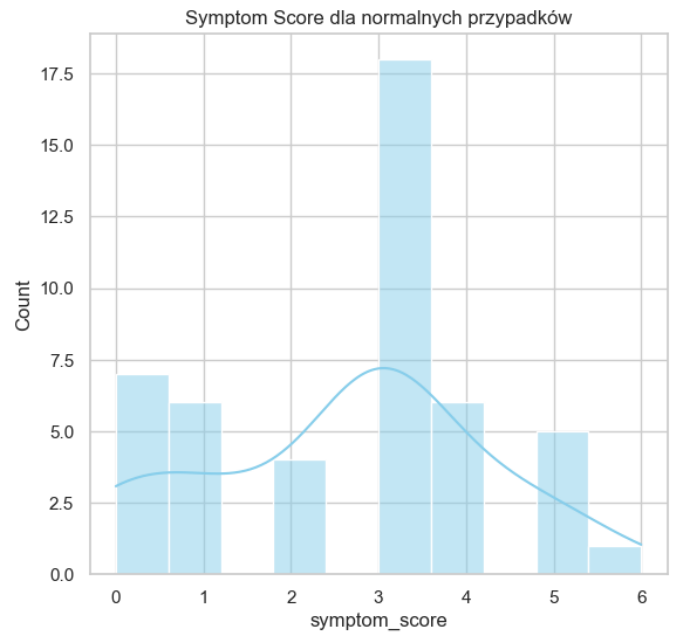


Figure 5: Rozkład ilości symptomów dla przypadków normalnych

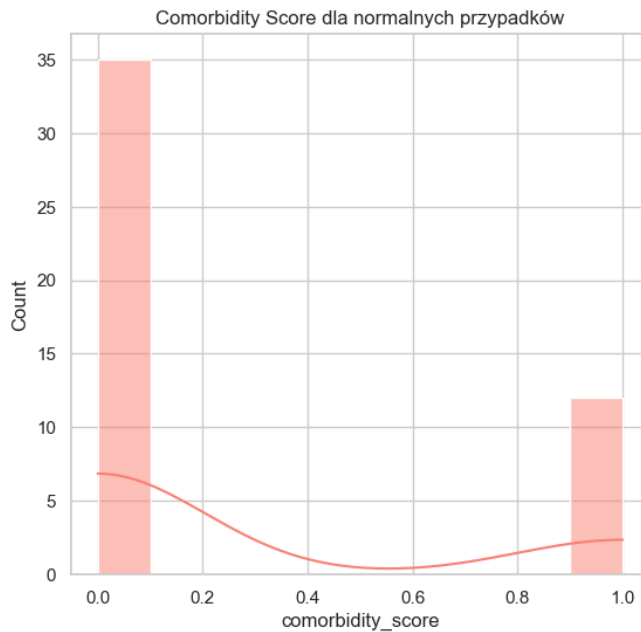


Figure 6: Rozkład ilości chorób współistniejących dla przypadków normalnych

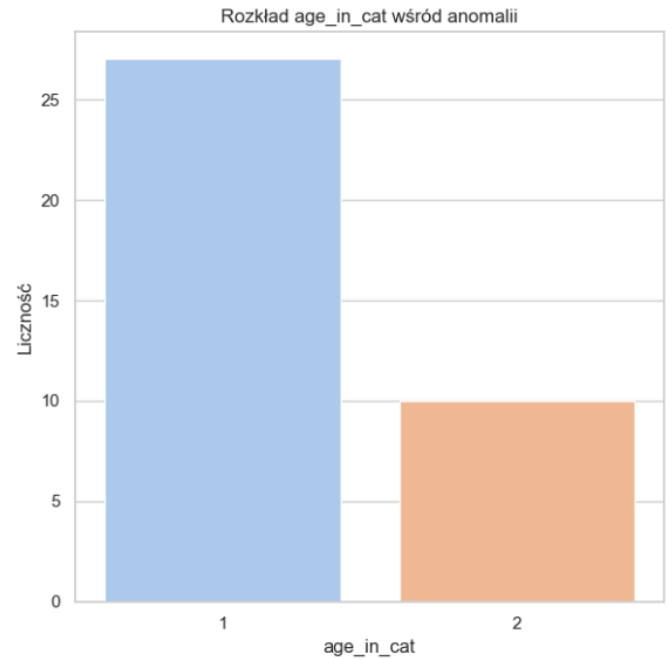


Figure 9: Rozkład wieku wśród anomalii: 0: jeśli zakres wieku mieści się w przedziale od 0 do <18. 1: jeżeli przedział wiekowy mieści się w przedziale od 18 do <=50 lat. 2: jeżeli przedział wiekowy mieści się w przedziale od 51 do <=70 lat. 3: jeśli przedział wiekowy wynosi 71 lat lub więcej..

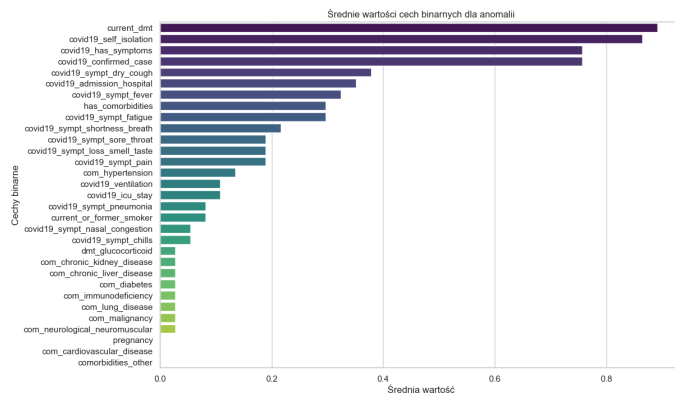


Figure 7: Średnie wartości charakterystycznych cech dla anomalii

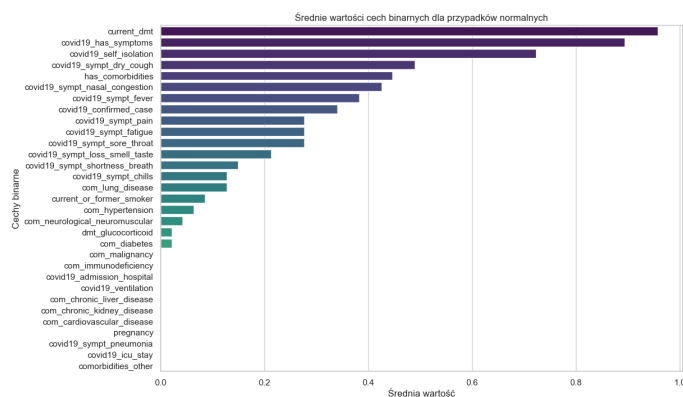


Figure 8: Średnie wartości charakterystycznych cech dla przypadków normalnych

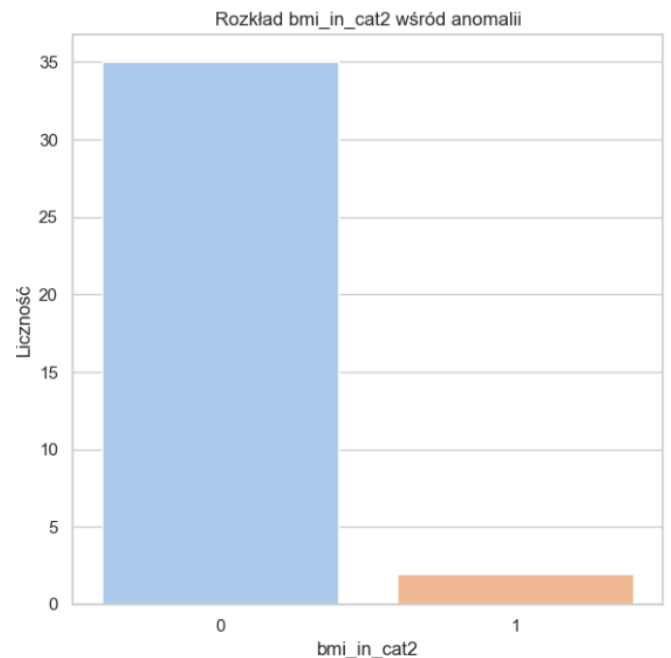


Figure 10: Rozkład bmi wśród anomalii: 0: not _overweight: if BMI <= 30 kg/m² 1: overweight: if BMI > 30 kg/m².

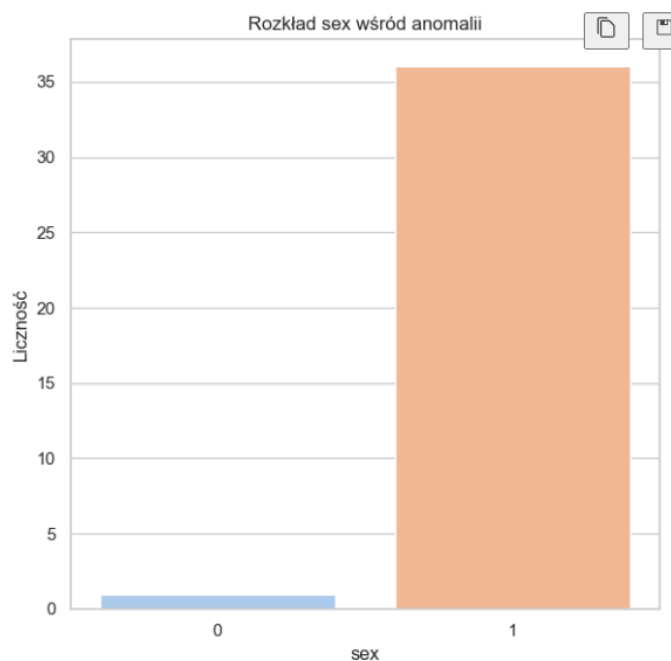


Figure 11: Rozkład płci wśród anomalii: 0: mężczyźni 1: kobiety

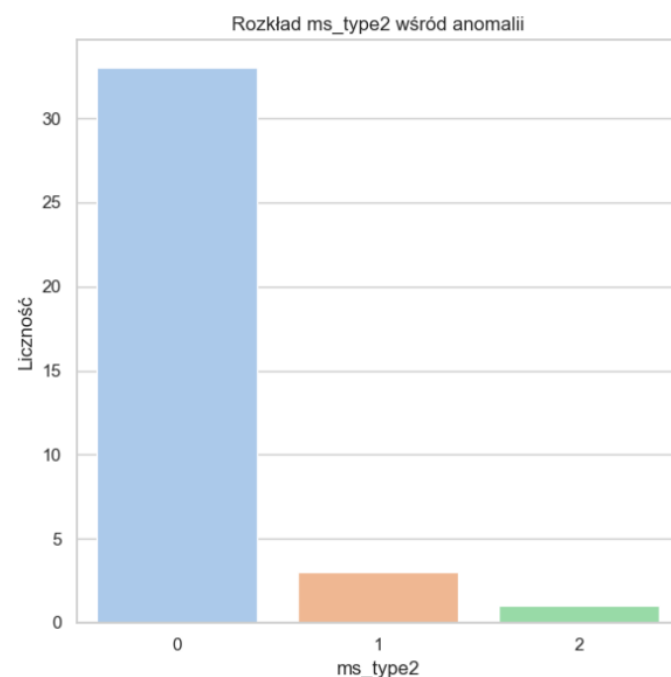


Figure 12: Rozkład typu stwardnienia rozсіяnego wśród anomalii: 0: relapsing_remitting: jeśli typ stwardnienia rozсіяnego to stwardnienie rozсіяne rzutowo-remisyjne (RRMS) 1: progresywny_MS: jeśli typ stwardnienia rozсіяnego to wtórnie postępujące stwardnienie rozсіяne (SPMS) lub pierwotnie postępujące stwardnienie rozсіяne (PPMS) 2: inny: jeśli typ stwardnienia rozсіяnego to zespół izolowany klinicznie (CIS) lub pusty lub „niepewny”, w przypadku gdy pacjent lub lekarz nie był pewien.

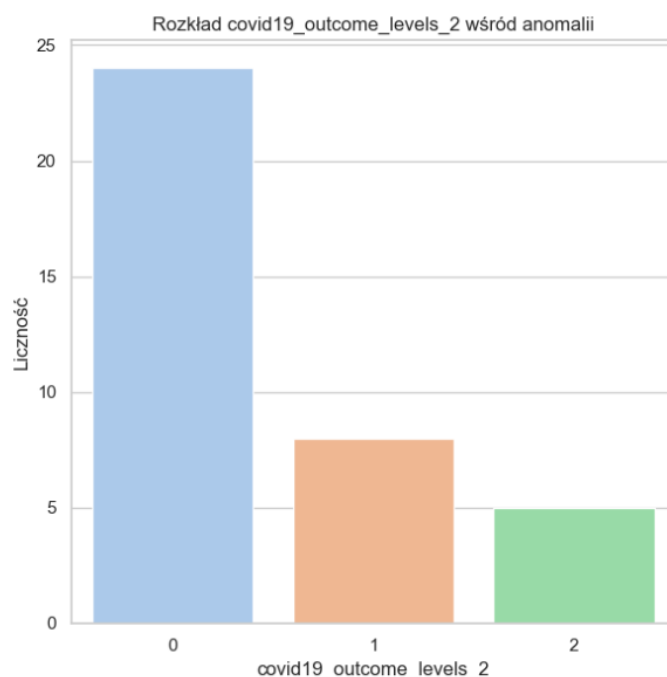


Figure 13: Rozkład hospitalizowanych przypadków: 0: Jeśli dana osoba ma Covid-19, ale nie była hospitalizowana. 1: Osoba ma Covid-19 i została hospitalizowana. 2: Osoba ma Covid-19, była hospitalizowana, przebywała na oddziale intensywnej terapii i/lub przebywała w ośrodku wentylacyjnym. 3: Osoba zmarła z powodu Covid-19 (nieobecna w tym zbiorze danych).