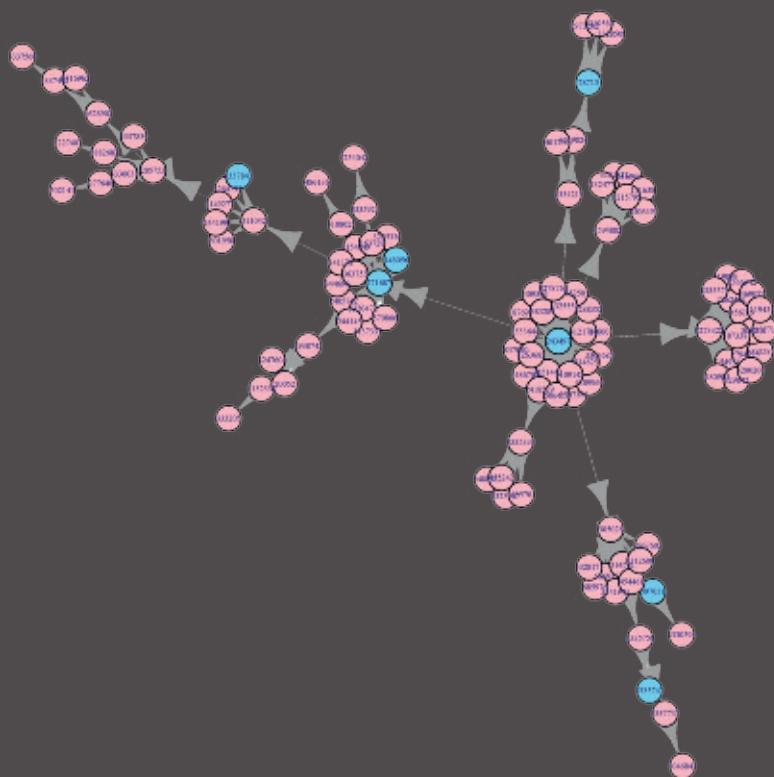


SIRS-Z System Informatyczny Redukcji Zakażeń Szpitalnych

RAPORT Z BADANIA



Andrzej Jarynowski

(UJ)

Damian Marchewka

(Spons Iuventa)

Andrzej Grabowski

(CIOP-PIB)

SIRS-Z SYSTEM INFORMATYCZNY REDUKCJI ZAKAŻEŃ SZPITALNYCH

RAPORT Z BADANIA

Wydanie Wstępne

ISBN 978-83-63089-97-9

Wydawca

Instytut Badań Interdyscyplinarnych, Wrocław

<http://interdisciplinaryresearch.eu>

Projekt dofinansowany przez NCBiR w ramach konkursu „Innowacje Społeczne 2”

© 2017 Wykorzystywanie treści i fragmentów tej książki w komercyjnych publikacjach (z wyjątkiem recenzji) bez zezwolenia autorów – zabronione. Kopiowanie i rozpowszechnianie oraz wykorzystanie w innych dziełach z podaniem źródła – dozwolone.

Współpraca przy rozdziałach raportu:

Anna Różańska (CM-UJ), Jadwiga Wojtkowska-Mach (Polskie Towarzystwo Zakażeń Szpitalnych), Andrzej Buda (IFJ), Vitaly Belik (FU-Berlin), Chiara Polletto (INSERN Paryż), Fredrik Liljeros (Uniwersytet Sztokholmski), Luis Rocha (Karolinska Institutet), Anita Orzeł i Magdalena Wszołek (Państwowa Inspekcja Sanitarna), Anna Poznańska (PZH – NIZP), Jerzy Rosiński (UJ)

W pracy wykorzystano wtórnie przetworzone fragmenty opublikowanych bądź przygotowywanych przez autorów tekstów razem z kodem przywoływania (X1) A. Jarynowski, Obliczeniowe Nauki Społeczne w Praktyce, WN. Wrocław,2014; (C4) Rozanska, A., Wojkowska-Mach, J., Jarynowski A., et. al. Is postpartum SSI surveillance possible without postdischarge surveillance? Results from multicentre surveillance in Polish hospitals (polskie tłumaczenie), przyjęte do druku, American Journal of Infection Control; (C5) Jarynowski A., Marchewka D. Szacowanie ryzyka zakażenia patogenami szpitalnymi – macierzyństwo 2.0 (wersja beta), przyjęte do druku, rozdział w monografii Wydawnictwa Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego; (C6) Jarynowski A., Marchewka D., Belik, V. Choroby przenoszone drogą płciową w dobie Internetu i E-zdrowia – kalkulatory ryzyka, w recenzji rozdział w monografii Wydawnictwa Uniwersytetu Jagiellońskiego; (D1) Jarynowski A., Rozanska, A., Wojkowska-Mach, J., Rosinski, J. Postrzeganie Zasad Izolacji Standardowej w Polsce – w przygotowaniu; (A1) A Jarynowski, F Liljeros Contact networks and the spread of MRSA in Stockholm hospitals, ENIC conference proceedings; IEEE: DOI 10.1109/ENIC.2015.30; (A2) A. Jarynowski, A. Grabowski -Influence of temporal aspects and age-correlations on the process of opinion formation based on Polish contact survey – w recenzji, (X2) Jarynowski, A., & Pawłowski, J. (2013). Nowe metody wspomagania komputerowego w epidemiologii zakaźnych chorób szpitalnych, a dowód prima facie w postępowaniach sądowych; (X3) A. Jarynowski, Exploring the dynamics and the complexity of human behavior using nonlinear physics methods, praca doktorska

SŁOWEM WSTĘPU OD AUTORÓW

Przedstawiamy efekty wprowadzania pierwszego w Polsce inteligentnego Systemu do Prewencji Zakażeń Szpitalnych. Naszym celem jest stworzenie zestawu aplikacji (darmowych na wolnej licencji), które pozwoliłyby modelować prawdopodobieństwo wystąpienia zakażenia szpitalnego. Głównym elementem tego systemu jest desktopowa aplikacja szpitalna, która po odpowiednim dostrojeniu pozwala na odtwarzanie ścieżek zakażeń oraz szacowanie pacjentów do grup ryzyka. Kolejnymi końcówkami systemu są aplikacje instytucjonalne do analizy danych epidemiologicznych z regionu oraz końcówka pacjentka – kalkulator ryzyka dla położnic. Wszystkie stworzone rozwiązania są bezpłatnie dostępne na stronie projektu www.sirsz.pl oraz na repozytorium GitHub. Dodatkowo końcówka szpitalna oraz tutorial i instrukcja obsługi dostępna jest w angielskiej wersji językowej.

Zawartość

1	Problem badawczy modelowania rozprzestrzeniania się zakażeń w układzie zamkniętym (szpitalnym)	1-4
1.1	Zakażenia szpitalne	1-5
1.2	Schemat Opracowanego Systemu SIRS-Z.....	1-6
1.3	Upowszechnienia naukowe między 15.05.2015 a 14.11.2017	1-9
1.4	Upowszechnienia naukowe w trakcie przygotowywania.....	1-13
2	Inteligencja epidemiologiczna: wprowadzenie metodologiczne	2-13
2.1	Aktorzy społeczni - modele agentowe.....	2-14
2.2	Analiza sieci społecznych – sieci złożone.....	2-14
2.3	Wspomagane komputerowo modelowanie i statystyka.....	2-15
2.4	Rozprzestrzenianie się chorób – dyfuzja	2-18
3	Wprowadzenie do modelowania matematycznego.....	3-18
3.1	Modelowanie deterministyczne	3-18
3.2	Modelowanie stochastyczne	3-20
3.3	Modelowaniu przy wykorzystaniu sieci społecznych (rzeczywistych i przypadkowych)	3-20
3.4	Modelowanie agentowe	3-22
4	Analiza sieci społecznych i sieci złożonych jako narzędzie pracy epidemiologa chorób zakaźnych	4-24
4.1	Podstawowe pojęcia w analizie sieci społecznych	4-24
4.2	Sieci społeczne jako sieci złożone	4-27
5	Modelowanie epidemiologiczne – narzędzie do rzetelnego zarządzanie zdrowiem publicznym w kontekście chorób zakaźnych	5-31
5.1	Grypa – zwłaszcza przykład H1N1	5-31
5.2	Modele Przemieszczania się	5-32
5.1	Epidemiologia przestrzenna	5-33
5.2	Percepcja Ryzyka	5-33
6	Rozwijany przez nas Model zakażeń szpitalnych.....	6-34
6.1	Schemat podjętych badań i wdrożeń	6-37
7	Badanie teoretyczne Analiza kontaktów tymczasowych.....	7-41
7.1	Najważniejsze efekty badania teoretycznego	7-45
8	Badanie literaturowe sieci szpitalnych.....	8-45
8.1	Najważniejsze efekty analizy literaturowej	8-49
9	Badanie nr 1 Analiza danych szwedzkich (Sztokholm/Paryż)	9-50
9.1	Najważniejsze efekty analizy danych szwedzkich.....	9-55
10	Badanie nr 2 Inspekcja Sanitarna – analiza sprawozdawczości okresowej	10-55
10.1	Wprowadzenie do badania zapadalności	10-55
10.2	Wyniki badania zapadalności	10-56

10.3	Dyskusja wyników badań zapadalności.....	10-58
10.4	Dalsze analizy w badaniach nad zapadalnością.....	10-59
10.1	Najważniejsze efekty analizy zapadalności	10-59
11	Wdrożenie nr 1 Inspekcja Sanitarna – Elektroniczny system monitoringu zakażeń szpitalnych	11-59
11.1	Najważniejsze efekty przygotowania wdrożenia dla Inspekcji Sanitarnej	11-61
12	Badanie nr 3 Sieci połączeń szpitalnych w regionie (Dolina Saksonia)	12-61
12.1	Najważniejsze efekty przygotowania wdrożenia dla Sieci Regionalnej.....	12-65
13	Wdrożenie nr 2 Inspekcja Sanitarna – Regionalny system zarządzania ryzykiem zakażeń.....	13-66
13.1	Propagacja przestrzenna nowych patogenów - przykład NDM	13-69
13.2	Najważniejsze wnioski z wdrożenia dla Inspekcji Sanitarnej	13-70
14	Badanie nr 4 Polskie Towarzystwo Zakażeń Szpitalnych – Poród a ryzyko zakażenia.....	14-70
14.1	Najważniejsze wnioski z badania zakażeń położnic	14-72
15	Wdrożenie nr 3- Poród a ryzyko zakażenia, aplikacja dla pacjentki.....	15-72
15.1	Najważniejsze wnioski z wdrożenia kalkulatora ryzyka dla pacjentek	15-76
16	Badanie nr 5 Collegium Medicum UJ – Postrzeganie Zasad Izolacji Standardowej	16-76
16.1	Najważniejsze wnioski z badania postrzegania ZIS.....	16-79
17	Wdrożenie nr 5 Collegium Medicum UJ – Postrzeganie Zasad Izolacji Standardowej	17-79
17.1	Najważniejsze wnioski z wdrożenia postrzegania ZIS.....	17-81
18	Badanie nr 6 Badanie dostępności danych i bieżąca analiza w polskich szpitalach –końcówka szpitalna	
18.1	Należy wpierw zainicjować szpital poprzez opis:	18-82
18.2	W ramach proponowanego środowiska można testować m.in.:	18-83
18.3	Bieżąca analiza danych i wykorzystywanie danych z Informatycznego Systemu Szpitalnego.....	18-84
18.4	Analiza ognisk	18-87
18.5	Najważniejsze obserwacje z badania w trzech szpitalach.....	18-88
19	Wdrożenie nr 6–końcówka szpitalna.....	19-88
19.1	Schemat szczegółowy wdrożenia w szpitalu	19-89
19.2	Walidacja aplikacji w szpitalu	19-90
19.1	Najważniejsze obserwacje z wdrożeń w dwóch szpitalach	19-91
20	Podsumowanie	20-91
20.1	Analiza realizacji projektu.....	20-93
	Bibliografia.....	20-95

CZĘŚĆ TEORETYCZNA – MODELOWANIE A ZAKAŻENIA SZPITALNE

1 Problem badawczy modelowania rozprzestrzeniania się zakażeń w układzie zamkniętym (szpitalnym)

Na świecie pojawia się wiele nowych zastosowań, których tematem jest e-health („e-zdrowie”) oraz m-health („zdrowie w telefonie”) w obecnej dobie cyfrowej. W literaturze oraz w praktyce epidemiologicznej niewiele miejsca wciąż jednak się poświęca narzędziom informatycznym pozwalającym na automatyczne szacowanie ryzyka zakażenia. Dodatkowo informatyzacja w służbie zdrowia w Polsce ogranicza się głównie do obsługi księgowo-finansowej mimo ogromnych możliwości telemedycyny. Naszym celem jest stworzenie darmowych aplikacji komputerowych które pozwalałyby określić prawdopodobieństwa zakażenia. Aktualnie opracowujemy platformę dla: zakażeń szpitalnych (<http://www.sirsz.pl>).

Użytkownicy naszych programów będą mieli możliwość bezpłatnie i w dowolnym czasie oszacować szansę zakażenia na podstawie posiadanych informacji. Aplikacja „szpitalna” ma wspierać pracę epidemiologa w obszarze zakażeń szpitalnych.

Transmisje patogenów stanowią jeden z podstawowych elementów dynamiki chorób zakaźnych, a w szczególności zakażeń szpitalnych. Wykorzystując analizę ognisk oraz wywiad epidemiologiczny badacze odtwarzają z różnym skutkiem domniemane zdarzenia transmisyjne i szacują ryzyko osób w kontakcie.

Celem projektu jest opracowanie innowacyjnego systemu wspomagającego analizę epidemiologiczną zakażeń szpitalnych. Zadaniem systemu jest wspomaganie decyzji w zakresie przedstawionego problemu oraz wspomaganie ustalania, w konkretnych przypadkach, wielkości zagrożenia wystąpienia zakażenia szpitalnego oraz wskazanie czynników ryzyka mających najistotniejszy wpływ na jego wystąpienie. Trafność predykcji naszych algorytmów zamierzamy weryfikować przez porównanie z ludzką oceną tego samego ryzyka.

Docelowym przeznaczeniem modeli przez nas rozwijanych jest odtworzenie najbardziej prawdopodobnych ścieżek zakażeń oraz klasyfikacja jednostek do różnych grup ryzyka, czego rezultatem długoterminowym może być zmniejszenie liczby zakażeń szpitalnych. Założono, że głównym członem metodycznym będzie agentowy algorytm procesów propagacji wykorzystujący analizę sieci społecznych SNA. Ponadto założono oszacowanie wpływu układu zmiennych zależnych na prawdopodobieństwo zakażenia. Do objaśniania ryzyka zakażenia (zmiennej jakościowej opisanej rozkładem dwumianowym: zakażony, bądź niezakażony) w zależności od poziomu zmiennych egzogenicznych (jakościowych oraz ilościowych) zastosowano rzutowanie za pomocą regresji logistycznej. Za cel faza badawczej przyjęto zapewnienie naukowego umocowania Systemu Informatycznego Zakażeń Szpitalnych, co można wstępnie przeliczyć na wysłane do recenzji i opublikowane prace oraz wystąpienia konferencyjne i seminaryjne.

Kolejnym wymiarem są badania i wdrożenia testowe elementów naszego systemu dla różnych interesariuszy systemu. W tym wypadku podlegamy weryfikacji zewnętrznej przez naszych partnerów, ale

również przez recenzentów czasopism oraz konferencyjnych w kontekście wspólnych prac, w których nasz system SIRSZ jest tylko narzędziem w analizie procesów epidemiologicznych.

Za cel mięski obrano podniesienie kwalifikacji medycznych naszego zespołu oraz działań interdyscyplinarnych, co można mierzyć różnorodnością i systemowością proponowanego rozwiązania. Działalność naukowo –promocyjna w planach wymagała też dużej liczby podróży służbowych. Założono, że pobocznym efektem będzie edukowanie i promowanie e-zdrowia i telemedycyny oraz interdyscyplinarności.

Koszty fazy badawczej stanowią równowartość 2-tygodniowego pobytu nadmiarowego na intensywnej terapii (ok 3k zł osobodnia + koszt operacji naprawczej ok 40k zł zgodnie z prezentacjami na konferencji „Pokonać Sepsę 2017”) pacjenta zakażonego z sepsą. W związku z tym, przypadku utraty zdrowia (poprzez zakażenie patogenem szpitalnym) pacjenci nie tylko dłużej i drożej się leczą, ale mają prawo domagać się odszkodowań od szpitala, w którym doszło do zakażenia. I tak za tylko jedno zasądzone w województwie mazowieckim odszkodowanie można by sfinansować ponad 15 takich projektów.

1.1 Zakażenia szpitalne

Zakażenie szpitalne to takie zakażenie, które powstaje i rozwija się w trakcie pobytu chorego w szpitalu (lub po jego opuszczeniu), rozpoznane klinicznie i potwierdzone laboratoryjnie jest zakażeniem szpitalnym niezależnie od tego czy czynnika chorobotwórczy jest pochodzenia endogennego (autogennego) czy egzogennego. W środowisku szpitalnym mamy do czynienia z charakterystycznymi zjawiskami:

- łatwość przenoszenia się patogenów (sale, oddziały, szpital, szpitale);
- kolonizacja tymczasowa i permanentna personelu i chorych;
- ciężki, często śmiertelny przebieg zakażenia u pacjentów z obniżoną odpornością (po interwencjach chirurgicznych, noworodki)
- wieloodporność na stosowane antybiotyki i chemioterapeutyki (przenoszenie genów oporności)

Czego negatywnym efektem jest:

- wydłużony pobyt pacjenta w szpitalu;
- wysokie koszty leczenia
- odszkodowania, które szpital powinien płacić

Patogenów, które upodobały sobie środowisko szpitalne jest wiele od wirusów po grzyby i bakterie. Zwłaszcza te dwie ostatnie kategorie są niezwykle groźne ze względu na ewolucyjne przystosowanie do warunków i przez to słabą podatność na antybiotyki. Dlatego też, leczenie takich szczepów odpornych jest niezwykle trudne i niesie ze sobą sporo nakładów finansowych i często sieje spustoszenie w organizmie chorego. Największy problem w tej dziedzinie stanowią bakterie antybiotykoodporne jak MRSA (Oporny na Metycylinę Gronkowiec Złocisty), ze względu naczęstość występowania oraz negatywne skutki zarażenia. Do kolonizacji (przeniesienia bakterii na nowego gospodarza) dochodzi zazwyczaj poprzez bliski kontakt z rezerwarem bakterii. Do klinicznej postaci zakażenia dochodzi, kiedy bakterie dostaną się np. do krwiobiegu i osiądą w miejscu sprzyjającym do namnażania, Należy w tym miejscu odróżnić szczepy odporne od powszednie występujących w przyrodzie niezjadliwych szczepów gronkowca. Szacuje się, że w Polsce do 70% populacji jest czasowo skolonizowana przez gronkowce, głównie na skórze. Właśnie ze względu konieczność przebywania w środowisku o dużym nasyceniem antybiotykiem oraz braku

narażenia na przedostanie się do wnętrza zdrowego organizmu, stosunkowo rzadko dochodzi do zakażeń MRSA poza szpitalami.

Zgodnie z klasycznym trójkątem epidemiologicznym (Jędrychowski, 2009), choroba zakaźna może się rozprzestrzeniać tylko w obecności źródła, podatnych jednostek i odpowiedniego środowiska. Na elementy trójkąta (osobno lub w połączeniu) kierowane są działania prewencyjne oraz interwencyjne. Zazwyczaj najważniejszym etapem działania epidemiologicznego jest identyfikacją czynnika chorobotwórczego. Całą trudnością jest ustalenie źródła na podstawie posiadanych danych. Kiedyś praca epidemiologa była podobna do detektywistycznej i nasz system jest właśnie systemem typu „Intelligence”. W naszych projektach skupiamy się na innym elemencie trójkąta epidemiologicznego – na łańcuchu zakażeń. W tym wypadku również istotna jest wiedzę o tym, kto kogo zaraził, czyli kto był siewką (świadomie używamy słów „siewca zaraża” w celu zwrócenia uwagi na drogę transmisji). Celem raportowania nowowykrytych infekcji jest odtworzenie łańcucha kontaktów – ma to bardzo duże znaczenie w przypadku nieendemicznych chorób. Znając historię transmisji zarażeń, służby epidemiologiczne mają szanse znaleźć miejsca, obszary, bądź ludzi lub inne istoty żywe – rezeruar patogenu. Nie jest to zadanie łatwe i do tej pory tylko na małą skalę realizowane. Techniki komputerowe pozwoliły na automatyzacje w procesie zbierania i analizy informacji. Jednak cały czas braki danych stanowią problem w procesach decyzyjnych. Naszym zadaniem jest właśnie odtwarzanie wiedzy o przebiegu epidemii na podstawie niepełnych informacji.

1.2 Schemat Opracowanego Systemu SIRS-Z

Opracowany system składa się z szeregu algorytmów oraz końcówek (znaki graficzne pochodzą ze źródła internetowego):



- szpitalny zespół zakażeń szpitalnych (2 wdrożenia testowe w szpitalach). Sami zbieramy i przetwarzamy dane. Jest to podstawowy element systemu.



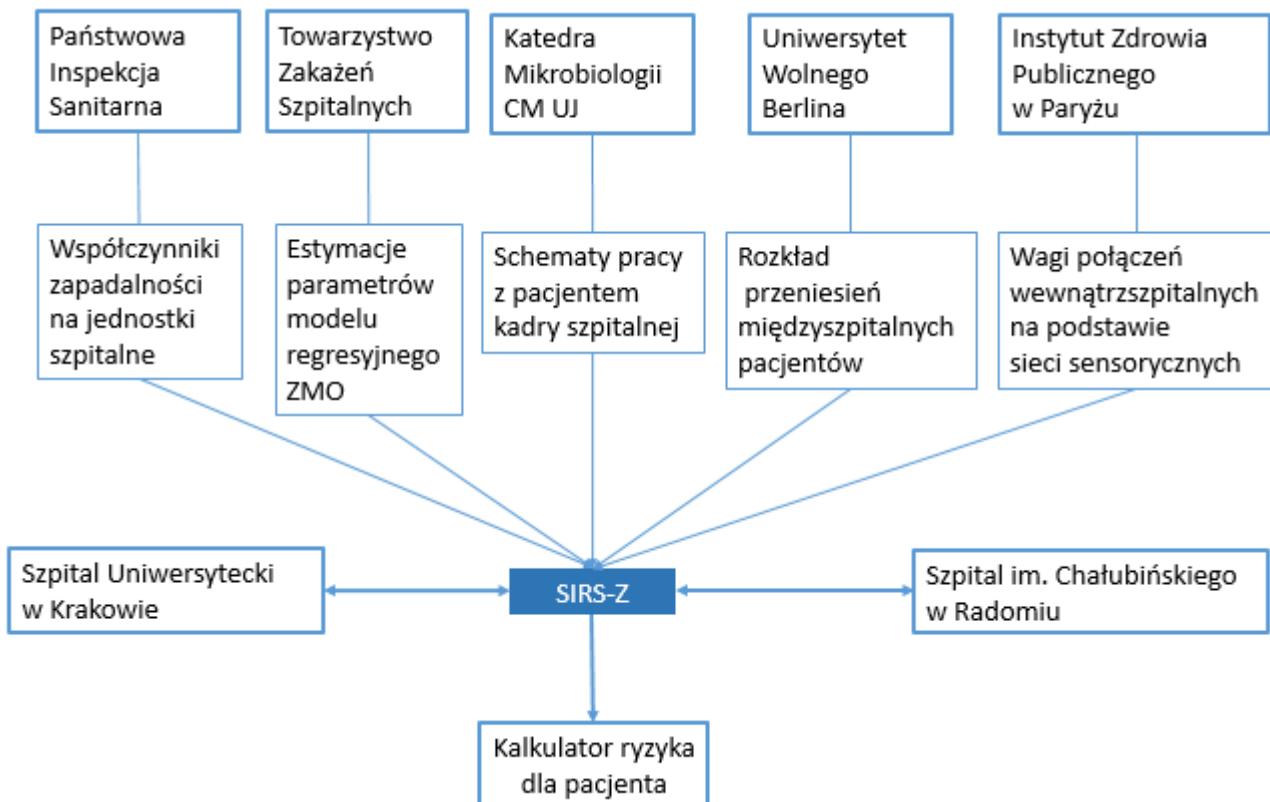
- uprawnione podmioty instytucjonalno – badawcze jak towarzystwa naukowe i instytuty/uniwersytety (5 wdrożeń testowych w instytucjach badawczych). Badamy zastane zbiory danych jak analiza zakażeń miejsca operowanego oraz analiza postrzegania Zasad Izolacji Standardowej w środowisku Szpitalnym.



- pacjenci (testowa aplikacja dla pacjenta). To kwestionariusz (kalkulator) ryzyka zakażenia dla położnic.

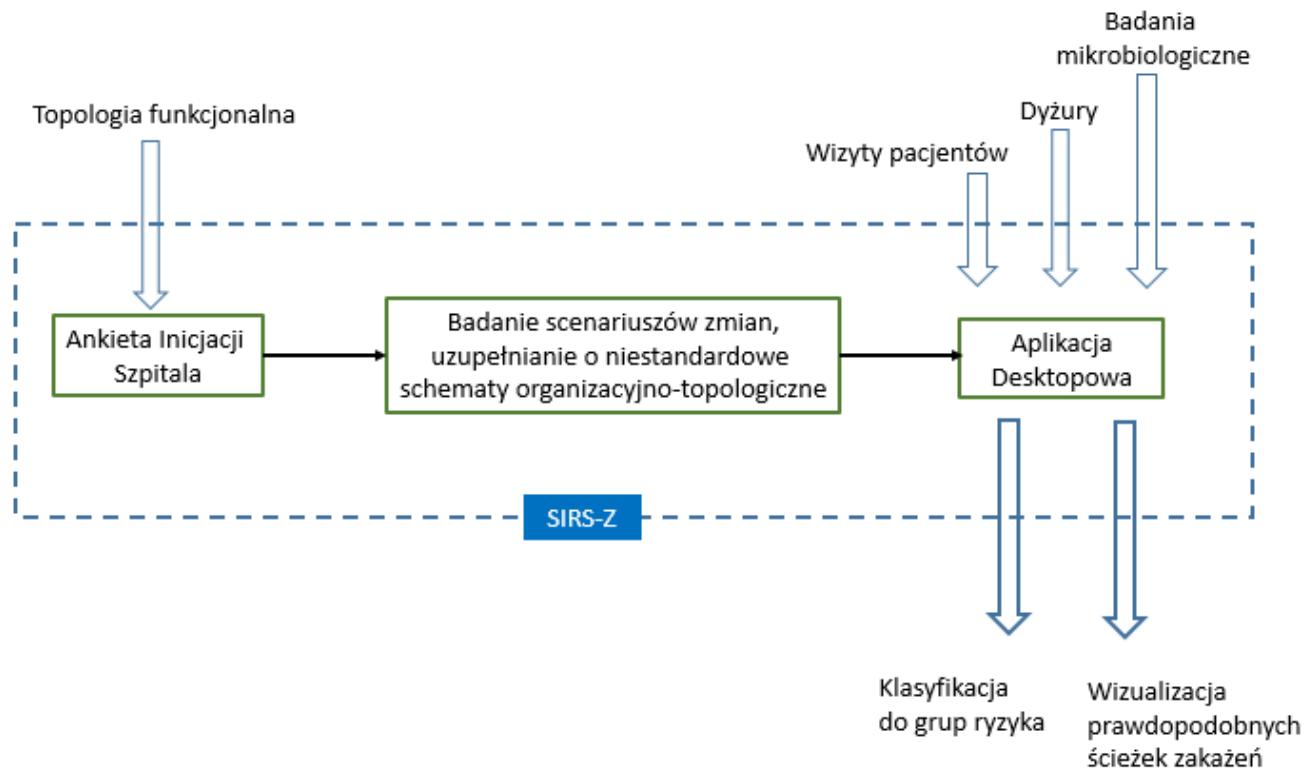


- upoważnione podmioty instytucjonalne nadzorcze jak Państwowa Inspekcja Sanitarna (2 wdrożenia testowe dla Wojewódzkiej Stacji Sanitarno-Epidemiologicznej. To nasz System Elektroniczny Monitorowania Zakażeń Szpitalnych oraz analizy zapadalności i chorobowości szpitalnej.



Rys 1. Architektura Rozwoju Systemu SIRS-Z w fazie badawczej (opracowanie własne).

Wynikiem prac jest opracowany zbiór metod pozwalających na analizę danych administracyjnych, organizacyjnych i epidemiologicznych w celu klasyfikacji pacjentów do grup ryzyka i wizualizacji prawdopodobnych ścieżek zakażeń w aplikacji szpitalnej, co przedstawia poniższy schemat.

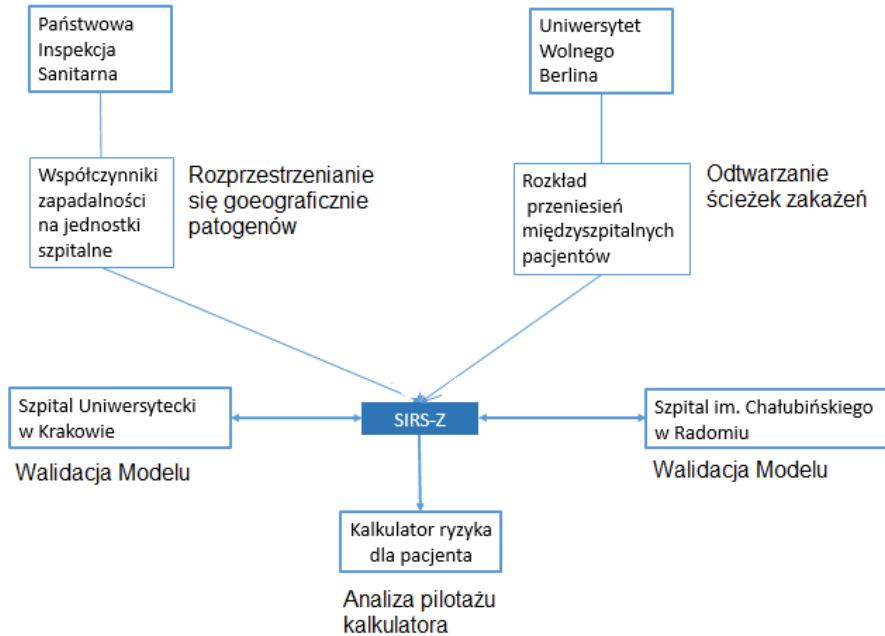


Rys 2. Schemat działania aplikacji szpitalnej SIRS-Z (opracowanie własne).

Gdzie: Ankieta Inicjacji Szpitala to kwestionariusz webowy, badania scenariuszów zmian uzupełnianie o niestandardowe schematy organizacyjno-topologiczne odbywa się za pośrednictwem algorytmów uruchamianych w środowisku NetLogo, natomiast Aplikacja Desktopowa służąca do gromadzenia danych (wprowadzanych ręcznie jak i importowanych ze szpitalnego systemu informatycznego) uruchamia Rskrypt z algorytmem generującym klasyfikację pacjentów do grup ryzyka i wizualizację prawdopodobnych ścieżek zakażeń w postaci plików PDF.

Głównym rezultatem naukowym już osiągniętym na tym etapie jest szereg analiz i badań nad rozprzestrzenianiem się chorób zakaźnych na zadanej sieci kontaktów empiryczny w kontekście zakażeń szpitalnych. Największym dotychczasowym naukowym osiągnięciem jest zaprezentowanie wpływu tymczasowych właściwości fizycznych sieci rzeczywistych na szybkość rozprzestrzeniania się patogenów w różnych konfiguracjach modelowych (prezentacja FENS, lipiec 2017). Docelowym rezultatem długofalowym będzie jest zakończenie publikacją wielo-ośrodkowego badania wykorzystującego naszą desktopową aplikację w czasopiśmie z listy filadelfijskiej. Przeprowadzone rozpoznanie (na postawie własnych symulacji z rejestrów oraz badania ankietowego) ujawniło, iż wirtualna zmiana w strukturach organizacyjnych może istotnie zmniejszyć szacowaną podatność na występowanie ognisk.

Najprzychylniejszym obszarem współpracy oraz najcieplejszym poparciem nasz system cieszy się w środowisku profilaktyki w zdrowiu publicznym (wyróżnienia na Wrocławskich Dniach Zdrowia Publicznego 2016 oraz Warszawskich Dniach Promocji Zdrowia 2017, Zjeździe Polskiego Towarzystwa Mikrobiologii w Krakowie 2017, Future Medicine w Berlinie 2017, Federation Infection Societies w Edynburgu 2016).



Rys 3. Architektura rozwoju systemu w fazie pilotażowej (opracowanie własne)

Nasza kadra podniosła swoje kompetencje merytoryczne i praktyczne oraz otrzymaliśmy informację zwrotną od sporej rzeszy naukowców i praktyków. Odbyto ponad 150 podróży krajowych, ponad 20 europejskich oraz 3 międzykontynentalne, przez co o projekcie usłyszano w bardzo wielu miejscach.

1.3 Upowszechnienia naukowe między 15.05.2015 a 14.11.2017

Dokładniejsze informacje o systemie można znaleźć i przygotowanych upowszechnieniach oraz w późniejszym terminie w pracach dopiero przygotowywanych. W tekście raportu poszczególne pozycje publikacyjne przywoływane są na zasadzie A1, C2 itp.

A) publikacje w czasopismach recenzowanych

(nazwisko i imię autora, tytuł, "tytuł czasopisma", rok wydania, numer czasopisma, numery stron)

1. Jarynowski A, & Liljeros, F. Contact networks and the spread of MRSA in Stockholm hospitals.

"IEEE:ENIC", 2015, pp. 150-154

2. Jarynowski A, Grabowski A, Modelowanie epidemiologiczne dedykowane Polsce, "Portal CZM" (Centrum Zastosowań Matematyki), 2015, ISBN 978-83-942807-9-6

3. Grabowski A, Jarynowski A, Rumor propagation in temporal contact network from Polish polls, A. Jarynowski, A. Grabowski, IEEE ENIC conference proceedings , 2016, DOI 10.1109/ENIC.2016.19, strony 85-89

B) wystąpienia konferencyjne i seminaria

1. Jarynowski A, Marchewka D, Wdrożenie „System Informatyczny Redukcji Szpitalnych Zakażeń” w polskich szpitalach, V konferencja Doktorantów Collegium Medicum UJ, 28–29 maj 2015, Kraków, plakat (<http://www.doktoranci.uj.edu.pl/documents/1167150/cdc333ea-57fa-4d37-afce-3855a0f5823d>)

2. *Jarynowski A*; Wdrażanie „Systemu Informatycznego Redukcji Szpitalnych Zakażeń SIRS-Z” w polskich szpitalach, *XIX Sympozjum Naukowe "Postępy w Medycynie Zakażeń"*, 4 - 5 XII 2015, Warszawa, plakat (<http://www.sirsz.uj.edu.pl/documents/93447210/a2f19771-e55a-4790-88ea-5609752ea39d>)
3. *Jarynowski A*; Praktyczne zastosowania modelowania epidemiologicznego i analizy sieci społecznych w naukach społecznych i medycynie; Seminarium; 16.12.2015; Centrum Transferu Technologii CITTRU UJ ul. Czapskich 4, 31-110 Kraków; referat, (<http://www.sirsz.uj.edu.pl/aktualnosci>)
4. *Jarynowski A*; Computer - assisted risk assessment of hospital acquired infections, Meetup – Data Science, Wrocław, wykład
5. *Jarynowski A, Buda A.*; Breaking the Walls of Hospital Infections, Falling Walls, Wrocław, referat
6. *Jarynowski A*; Systemy informatyczne redukcji zakażeń, SFINKS, Warszawa, referat
7. *Jarynowski A, Marchewka D*; E-health : Systemy Informatyczne Redukcji Zakażeń, Wrocławskie Dni Zdrowia Publicznego, Wrocław, plakat
8. *Jarynowski A*; Przykłady praktycznego zastosowania modelowania epidemiologicznego oraz analizy sieci złożonych w Polsce, seminarium WFIA Uniwersytetu Zielonogórskiego, Zielona Góra, seminarium
9. *Marchewka D*; System Informatyczny Redukcji Szpitalnych Zakażeń "SIRS-Z", Life Science Open Space, Kraków, referat
10. *Jarynowski A, Marchewka D, Grabowski A*; Computer-assisted risk assessment of hospital infections: a preliminary implementation in Polish hospitals, Hospital Infection Society Conference, Edynburg, plakat
11. *Jarynowski A*; Network – based hospital infections controller, Population Health Sciences Cluster - Faculty of Medicine- Universiti Teknologi MARA, Kuala Lumpur, seminarium
12. *Jarynowski A*, "Computer - assisted HAI controller", Uniwersytet Tokijski, Tokio, seminarium
13. *Jarynowski A*; "Computer-Assisted Risk Assessment of Hospital Infections", Uniwersytet Piotra i Marii Currie, Paryż, seminarium
14. *Jarynowski A., Rozanska, A., Wojkowska-Mach, J., Rosinski, J* Polska adaptacja kwestionariusza postrzegania Zasad Izolacji Standardowej – analiza pól znaczeniowych, Konferencja Doktorantów CM UJ 2017, Kraków, referat
15. *Jarynowski A.* Computer-assisted risk assessment of hospital acquired infections in Polish hospitals, seminarium, TU Berlin, 2017
16. *Jarynowski A., Belik, V.* Badanie symulacyjne wpływu struktury organizacyjnej szpitala na rozprzestrzenianie się zakażeń szpitalnych, Pokonać Sepsę 2017, Wrocław,
17. *Jarynowski A., Marchewka D.* Szacowanie ryzyka zakażeniem szpitalnym – aplikacja dla pacjenta, WDPZ 2017, Warszawa, referat
18. *Jarynowski A*, E-health - Dr. Google in action, Uniwersytet Wrocławski, 2017, Warsztaty

19. Jarynowski A, Inteligencja epidemiologiczna oraz e-zdrowie w kontekście chorób przenoszonych drogą płciową - wykorzystanie Internetu w celu estymacji skali zjawiska oraz działania ukierunkowane na ograniczenie liczby nowych zakażeń, 2017, Warsztaty
20. Jarynowski A., Marchewka D. Szacowanie ryzyka zakażenia patogenami szpitalnymi - aplikacja dla pacjenta, WDZP 2017, Wrocław, referat
21. Jarynowski A., Grabowski A, Influence of temporal aspects and age-correlations on the process of propagation based on Polish contact survey, FENS 2017, Warszawa, plakat
22. Jarynowski A., Grabowski A., Marchewka, D. Modeling Healthcare-associated infections in Polish hospitals, SEMSTAT 2017, Eindhoven, plakat
23. Jarynowski A., Modele propagacji na sieciach, HardHeart – Uniwersytet Gdańsk, 2017, Gdańsk, Seminarium
24. Jarynowski A., Buda A. Obliczeniowe Nauki Społeczne w Praktyce, Wrocławskie Konfrontacje Psychologiczne 2017, Wrocław, 2017
25. Jarynowski A., Grabowski A., Marchewka, D. Modelling healthcare-associated infections in hospitals - epidemic intelligence in action, Pune, 2017, seminarium
26. Jarynowski A., Grabowski A., Marchewka, D. Computer - assisted risk assessment of infectious diseases, CEBioforum 2017, Lódź, referat
27. Rozanska, A., Wojkowska-Mach, J., Jarynowski A., et. al IS THE SURGICAL SITE INFECTIONS MONITORING AFTER CAESAREAN SECTIONS POSSIBLE WITHOUT POST-DISCHARGE SURVEILLANCE? RESULTS FROM MULTICENTRE STUDY IN POLISH HOSPITALS. ICPIC 2017, Genewa, referat
28. Marchewka D, Jarynowski A; System zakażeń Szpitalnych SIRS-Z, InnoTech Summit 2017, Kraków, plakat
29. Jarynowski A, Grabowski A, Marchewka D: **Wdrażanie „Systemu Informatycznego Redukcji Szpitalnych Zakażeń (SIRS-Z)” w polskich szpitalach.** Zjazd Polskiego Towarzystwa Zakażeń Szpitalnych, Kraków, plakat
30. Jarynowski, A, Grabowski, A, Influence of temporal aspects on the process of propagation based on Polish contact survey, 9th Polish Symposium on Physics in Economy and Social Sciences, Warszawa, plakat
31. Jarynowski A: Computer - assisted risk assessment of hospital acquired infections, FU- Berlin, wykład
32. Jarynowski A: Epidemiological Intelligence in Hospital Infections, Halle, seminarium
33. Jarynowski A: Kalkulatory ryzyka zakażeń - przykłady zastosowań w zarządzaniu bezpieczeństwem epidemiologicznym w Polsce, Politechnika Wrocławska, prezentacja

34. Jarynowski A: Modelowanie rozprzestrzeniania się chorób zakaźnych w Polsce, Dolnośląski Uniwersytet Przyrodniczy, prezentacja
35. Jarynowski A: Computer - assisted risk assessment in infectious diseases in Poland, FLI Greifswald, wykład
36. Jarynowski A, Belik, V: Odtwarzanie najbardziej prawdopodobnych ścieżek zakażeń w polskich szpitalach na podstawie genotypu i fenotypu patogenów oraz danych epidemiologicznych, PTM wczoraj – dziś – jutro” Kraków, plakat
37. Jarynowski A, Grabowski A, Marchewka D: Multilayer network modelling of hospital infections, Zjazd Niemieckiego Towarzystwa Zakaźników, Hamburg, plakat
38. Jarynowski A, Grabowski A, Marchewka D: Computer - assisted risk assessment of infectious diseases, Zjazd Polskiego Towarzystwa Telemedycyny i E-zdrowia, Warszawa, prezentacja
39. Jarynowski A, Kalkulatory ryzyka zakażeń - webowa aplikacja dla pacjenta, LSOS, Krakow, prezentacja

C) raporty i publikacje

1. *Marchewka D, Jarynowski A;* Wdrażanie "Systemu Informatycznego Redukcji Szpitalnych Zakażeń" w polskich szpitalach, "Zeszyty Naukowe Towarzystwa Doktorantów UJ – Nauki Ścisłe", nr 10 (1/2015), str. 96
2. *Jarynowski A, Marchewka D, Grabowski A,* Computer-assisted risk assessment of hospital infections: a preliminary implementation in Polish hospitals, Journal of Hospital Infection, 2016, 94S1, strona 128 (impact factor>2)
3. *Jarynowski A, Grabowski A;* Influence of temporal aspects and age-correlations on the process of opinion formation based on Polish contact survey, w trakcie recenzji w APPA (dostępne na bioarXiv - arxiv.org/abs/1607.02588)
4. *Rozanska, A., Wojkowska-Mach, J., Jarynowski A., et al.* Is postpartum SSI surveillance possible without postdischarge surveillance? Results from multicentre surveillance in Polish hospitals, przyjęte do druku, American Journal of Infection Control
5. *Jarynowski A., Marchewka D.* Szacowanie ryzyka zakażenia patogenami szpitalnymi – macierzyństwo 2.0 (wersja beta), przyjęte do druku, rozdział w monografii Wydawnictwa Warszawskiego Uniwersytetu Medycznego
6. *Jarynowski A., Marchewka D., Belik, V.* Choroby przenoszone drogą płciową w dobie Internetu i E-zdrowia – kalkulatory ryzyka, w recenzji rozdział w monografii Wydawnictwa Uniwersytetu Jagiellońskiego
7. *Jarynowski A., Marchewka D., Buda A.* Internet - assisted risk assessment of infectious diseases in women sexual and reproductive health, w recenzji E-methodology
8. *Jarynowski A., Rozanska, A., Wojkowska-Mach, J., Rosinski, J.* Polska adaptacja kwestionariusza postrzegania Zasad Izolacji Standardowej – analiza pól znaczeniowych, Zeszyty Towarzystwa Doktorantów UJ – Nauki Ścisłe, 2017, numer 14/1, s 54
9. Jarynowski, A, Grabowski A, Marchewka D: Wdrażanie „Systemu Informatycznego Redukcji Szpitalnych Zakażeń (SIRS-Z)” w polskich szpitalach. Państwo i Społeczeństwo, 2016, nr 4 Supl. 1, strona 27

10. Jarynowski, A, Marchewka, D E-health : Systemy Informatyczne Redukcji Zakażeń, nagrodzona praca, Wrocławskie Dni Zdrowia Publicznego, 2016
11. Jarynowski, A, Marchewka, D, Jarynowska A. Świadomość ryzyka związanego z zakażeniem szpitalnym w czasie porodu – polski webowy kalkulator dla pacjentki, „Public Health Forum” (przyjęte do publikacji)

1.4 Upowszechnienia naukowe w trakcie przygotowywania

D) Prace w toku (robocze tytuły i autorzy)

1. *Jarynowski A., Rozanska, A., Wojkowska-Mach, J., Rosinski, J.* . Postrzeganie Zasad Izolacji Standardowej w Polsce;
2. *Jarynowski A., Belik V.*. Pathogens Incidences in regional networks of hospitals
3. *Jarynowski A, Marchewka D, Grabowski* Multicenter study of computer assisted risk assessment of hospital infections in Polish Hospitals

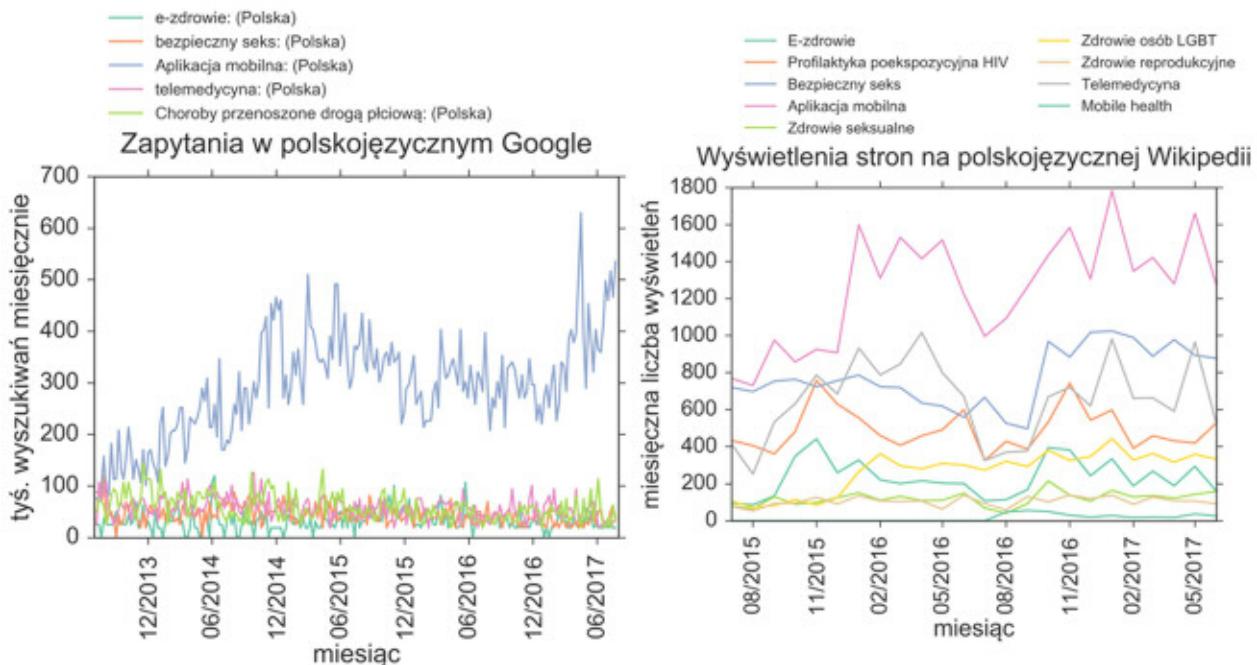
2 Inteligencja epidemiologiczna: wprowadzenie metodologiczne

Zastosowanie modeli epidemiologicznych w zdrowiu publicznym ma wpływ na (szczepienia części populacji) oraz te codzienne (jak wybór sposobu leczenia pojedynczej osoby). Jednak nowy obszar stosowania tych modeli został otwarty wraz z powstaniem nowej dziedziny nauki jaką sieci złożone. Wypracowane teoretycznie schematy wraz z dokładnymi danymi (nie tylko medycznymi) pacjentów na poziomie indywidualnym pozwalają na naświetlenie wielu nieznanych aspektów rozprzestrzeniania się chorób zakaźnych. Przełom w opisie epidemii nastąpił przy badaniu zwierząt hodowlanych przez możliwość prowadzenia eksperymentów w postaci kontrolowanych epidemii (praktycznie nie do powtórzenia w przypadku ludzi). Wieloaspektowość zachowań ludzi utrudnia zastosowanie tych modeli explicite. Istnieją jednak tak zwane „instytucje totalne”, takie jak szpitale, gdzie kontrolowana jest znaczna część kontaktów i z tego względu właśnie postanowiliśmy opracować system SIRSZ.

Modelowanie matematyczne w epidemiologii chorób zakaźnych jest interdyscyplinarną nauką wspierającą instytucje zdrowia publicznego, które wedle obowiązujących procedur, mogą podejmować praktyczne interwencje. Niestety brakuje w tym momencie w Polsce systemowych modeli matematycznych wspomagających epidemiologów, a wspierana komputerowo (cyfrowo) epidemiologia dopiero powstaje. Powoli jednak Państwowa Inspekcja Sanitarna, uczelnie medyczne i firmy prywatne wprowadzają narzędzia epidemiologiczne do powszechnego obiegu.

Sztuczna inteligencja już dziś ma wpływ na medycynę, np. w postaci regresyjnych algorytmów decyzyjnych, podnosi rzetelność analiz dzięki automatyzacji procesów i wykrywaniu nowych zależności w ustrukturyzowanych zbiorach danych (Jarynowski, 2009). Każdy użytkownik Google, czy Facebooka już od kilku lat może skorzystać z osobistego asystenta i nawigatora wiedzy, opartego na sztucznej inteligencji i właściwie nie ma już przeskódech technologicznych do ekspansji medycyny spersonalizowanej. E-zdrowie to w tym kontekście stosowanie nowoczesnych technologii informacyjnych i telekomunikacyjnych w celu zaspokojenia potrzeb obywateli – pacjentów. Przed cyfryzacją nie ma już ucieczki – cyfrowa rewolucja w medycynie dzieje się na naszych oczach. Ale aby te modele mogły pracować prawidłowo, potrzebne będzie uzupełnienie danych socjologicznych i medycznych.

Co ciekawe, pierwszy matematyczny model epidemiologiczny jaki kiedykolwiek powstał, opisywał umieralność na czarną ospę we Wrocławiu. Prezentujący swoje wyniki dotyczące tego modelu w 1766 roku w Paryżu, jeden z największych matematyków w dziejach ludzkości - Daniel Bernoulli, powiedział: „Po prostu wierzę, że w materii jakości życia ludzkiego, żadna decyzja nie zostanie podjęta, bez wszelkiej wiedzy, którą obliczenia i analizy mogą dostarczyć” (Jarynowski i Grabowski, 2015).



Rys 4. Trendy w obszarze rozwiązań inteligentnych i chorób zakaźnych. (Opracowanie własne na podstawie C6).

Cyfrowa epidemiologia (technika rozwijana w tym projekcie) to również nauka przyszłości, ponieważ możliwość analizy ogromnej liczby danych (Big Data) niskim kosztem pozwala na optymalizację procesów medycznych (Helbing, et al. 2015). Żyjemy w społeczeństwie informacyjnym, gdzie indywidualne dane medyczne mogą zostać wykorzystane w celu poprawy bezpieczeństwa epidemiologicznego (Jarynowski, Grabowski, 2015).

2.1 Aktorzy społeczni - modele agentowe

Interakcjom między jednostkami (np. ludźmi) można przypisać pewne reguły i zaimplementować algorytmy odpowiadające dynamicie procesu. Oddziaływanie mogą mieć charakter deterministyczny (agenci zachowają się za każdym razem tak samo przy tym samym zestawie warunków początkowych) jak również statystyczny.

2.2 Analiza sieci społecznych – sieci złożone

Sieci społeczne daje się w wielu wypadkach odpowiednio zaklasyfikować do sieci złożonych, co pozwala na wykorzystanie wyników badań teoretycznych w praktyce (o czym dokładniej w rozdziałach poświęconym tym zagadnieniom). Charakterystyka kontaktów w postaci czasowej i sieciowej struktury (kiedy i z kim/z czym) wiadomo że ma wpływ na wiele aspektów życia społecznego. Np. W kontekście chorób zakaźnych szpitalnych analiza sieciowa pozwala stwierdzić, że zakażenia od pacjentów będą częstsze w przypadku zakażeń o wysokim R_0 (jak grypa - powyżej 2), ze względu na dużą liczbę kontaktów przygodnych, natomiast zakażenia od personelu, są bardziej związane z niebezpiecznymi patogenami antybiotykoopornymi, ze względu na intensywność kontaktów z wieloma pacjentami.

2.3 Wspomagane komputerowo modelowanie i statystyka

Inteligentne metody w opisie zjawisk i w praktyce społecznych mają też swoją genezę informatyczno-matematyczną. Komputery stworzyły nową jakość. Prawidłowości, poszukiwane przez nauki czy społeczne, dają się opisać algorytmami określającymi zachowanie się systemów. Programy komputerowe pozwalają na zbadanie konsekwencji zakładanych praw, symulację rozwoju komplikowanych systemów i określanie własności systemów. Komputery pozwalają na robienie doświadczeń w sytuacjach zbyt skomplikowanych, by możliwa była uproszczona analiza teoretyczna.

„Transformacja społeczeństwa przez rewolucję naukową XIX i XX wieku zostanie wkrótce przyjmiona przez jeszcze dalej idące zmiany, wyrastające z naszych rosnących możliwości zrozumienia złożonych mechanizmów, które leżą w centrum zainteresowania człowieka. Bazą technologiczną tej nowej rewolucji będą niewyobrażalnie potężne komputery razem z narzędziami matematycznymi i eksperymentalnymi oraz oprogramowaniem, które jest niezbędne by zrozumieć układy złożone... Przykładami adaptujących się, złożonych systemów jest ewolucja biologiczna, uczenie się i procesy neuronalne, inteligentne komputery, chemia białek, znaczna część patologii i medycyny, zachowanie się ludzi i ekonomia.”

Lata 90 XX wieku, Murray Gell-Mann, tłum. W. Duch

O rewolucji komputerowej więcej pojawi się w rozdziale o informatyzacji, ale należy zaznaczyć, że informatyzacja ma wpływ na społeczeństwo jak i na metody badawcze opisujące to społeczeństwo. Nauki informatyczne są kompleksem wielu technik matematycznych i komputerowych. Metody komputerowe są wspólne dla wielu dziedzin jak programowanie, analiza numeryczna, techniki wizualizacji danych, symulacji, modelowania, nienumeryczne metody komputerowe. Komputery o ogromnej mocy są obecnie nadzieją na wiele problemów człowieka i choć wiele udało się już dokonać (np. sekwencjonować genom człowieka), to wiele wyzwać nie ruszyło w stopniu istotnym (np. zwalczanie chorób genetycznych). Jednak początek nauk informatycznych to **cybernetyka** (XIX-XX w.), czyli systemy sterowania i automatycznego przetwarzania informacji w m.in. mechanice, biologii. Następnym krokiem była **sztuczna inteligencja** (lata 50. XX w.) – dziedzina nauki, której celem jest zaprojektowanie intelligentnych maszyn. Sukcesy modelowania w zakresie optymalizacji I teorii podejmowania decyzji doprowadziły do pierwszych udanych prób wykorzystania komputerów w pracy społecznej w postaci **systemów eksperckich** (lata 70. XX w.). Wykorzystują one logikę matematyczną do imitacji wnioskowania człowieka. Zainteresowanie sieciami neuronowymi oraz fascynacja mózgiem narodziła **nauki kognitywne** (lata 70. XX w.). Poznanie i modelowanie zjawisk dotyczących działania umysłu stało się motorem do opisu zjawisk. Następnie algorytmy genetyczne, drzewa decyzyjne stały się bazą **uczenie maszynowe** (lata 90. XX w.). Stosuje się modele statystycznych I metody optymalizacji do projektowania algorytmów uczenia maszyn. Obecnie stosuje się wiele nazw i wykorzystuje różnorodne metody w **Inżynierii wiedzy** (początek XXI w.). Koncentruje się na sposobach reprezentowania wiedzy, procesach pozyskiwania wiedzy, opracowaniu systemów informatycznych wykorzystujących wiedzę. Jest to dyscyplina techniczna, która dotyczy przetwarzania wiedzy w systemach informatycznych w celu rozwiązywania problemów zazwyczaj wymagających wiedzy eksperckiej (człowieka-specjalisty). Wiedza jest podstawowym składnikiem wnioskowania i działania I składa się z faktów z danej dziedziny, reguł, heurystyk, teorii I ogólnie przyjętych schematów postępowania (komputerowe wspomaganie decyzji). Rozwój technologii informatycznych pozwolił, iż systemy komputerowe zaczęły pełnić istotną rolę w procesach decyzyjnych, szczególnie tam, gdzie do podjęcia decyzji konieczne jest szybkie przetworzenie ogromnych ilości danych poprzez przeszukiwanie i analizę hurtowni danych za pomocą wyuczonych reguł. Obecnie spory procent transakcji, zwłaszcza na rynku walutowym jest obsługiwana przez automaty. Popularnym narzędziem wykorzystywanym przez przedsiębiorstwa są systemy klasy business intelligence. Uznaje się, że jedną z przyczyn światowego kryzysu ekonomicznego 2007 było używanie bez kontroli komputerowych algorytmów decyzyjnych zwłaszcza w zakresie instrumentów pochodnych (kontraktów finansowych pozwalających na duże zarobki przy małych inwestycjach, ale objętych dużym ryzykiem). Według jednej z dyrektyw unijnej w celu zapobieżeniu przyszłym kryzysom, opracowanej na podstawie

pracy matematyków i przyrodników, zakazano używania automatów powyżej pewnego poziomu ryzyka (ang. Value at risk).

Regresja jest najczęściej stosowaną metodą i jednocześnie najprostszą. Najczęściej wykorzystuje się regresje liniową, ale jeżeli za zależnością kryje się bardziej skomplikowana funkcja, to ją również możemy wykorzystać. Celem regresji jest skonstruowanie modelu na podstawie danych (zmienna niezależna – wyjaśniające i zmienna zależna – wyjaśniana) aby zmierzyć siłę zależności. Ponadto model konstruowany jest tak, aby możliwe było przewidywanie nowych obserwacji. Tak samo, gdy mamy do czynienia z więcej niż jednym czynnikiem wyjaśniającym, to wtedy wykorzystamy regresję wieloraką. W regresji standardowo zakłada się, że dysponujemy obserwacjami z odpowiadającymi im wartościami liczbowymi. W przypadku zmiennych nominalnych typu płeć stosuje się regresje z predyktatorami jakościowymi. Tak samo zmienna zależna wyjaśniana gdy nie jest w postaci liczbowej, to wymagane są odpowiednie transformacje.

Wnioskowanie statystyczne pozwala na ustalenie na ile dana zależność bądź jej zmiana jest istotna statystycznie. Same stwierdzenie zależności nie wiąże się bezpośrednio z ustaleniem przyczynowości, na co są dodatkowe metody, np. bazujące na następowności czasowej. W tym celu stawia się hipotezę zerową, np. czy poziom poparcie PiS wiąże się z prawdopodobieństwem rozwoju, przeciw hipotezie alternatywnej, że takiego związku nie ma. Hipotezę weryfikuje się testem i w zależności od poziomu wartości p-Value przyjmuje się hipotezę zerową (nie ma podstaw do odrzucenia hipotezy zerowej), albo się ją odrzuca (stwierdza się, że nie ma podstaw do przyjęcia hipotezy zerowej). Do oceny zależności wykorzystuje się iloraz szans (ang. odds ratio - OR), albo prawdopodobieństwo względne (ang. relative risk - RR).

$$y = \alpha + bx$$

$$\alpha = \frac{\sum y - b \sum x}{n}$$

$$\rightarrow$$

$$b = \frac{n \sum (xy) - (\sum x)(\sum y)}{n \sum x^2 - (\sum x)^2}$$



Rys 5. Przykład wykorzystania regresji liniowej (z estymacją parametrów metodą najmniejszych kwadratów). (Opracowanie własne na podstawie X1)

Klasyfikacja jest bardziej skomplikowaną metodą klasyfikacji danych do pewnych kategorii. Założmy, że dysponujemy obserwacjami z etykietami (klasami), czyli posiadamy wiedzę ekspercką. Celem algorytmów i metodologii jest skonstruowanie klasyfikatora separującego obiekty należące do różnych klas. Problem bardzo często pojawia się przy automatycznym kodowaniu danych. Analizując wypowiedzi w Internecie, np. chcielibyśmy znać atrybuty autora, np. przynależność partyjną. W takim przypadku możemy ręcznie/automatycznie otagować autorów wedle ustalonych reguł klasyfikacji. Czasami potrzebujemy, żeby klasyfikator konstruowany jest tak, aby możliwe było przewidywanie klas nowych, niesklasyfikowanych obserwacji. Z metodami klasyfikacji wiążą się pojęcia **precyjki** (czy wyniki badań dają podobne rezultaty) oraz **dokładności** (czy estymowana wartość zgadza się z rzeczywistą) oraz dla testów binarnych określa się **fałszywie pozytywne i fałszywie negatywne proporcje**¹. Założmy, że chcemy określić, czy respondent pojedzie na wybory: tak/nie. Jeżeli wśród wszystkich faktycznych uczestników wyborów wszyscy zostali zaklasyfikowani na tak, to mówimy o braku wyników fałszywie pozytywnych. Jeżeli wśród wskazanych na tak wszyscy poszli na wybory, to mamy brak wyników fałszywie negatywnych. Czasami zależy nam na

¹ Niestety dokładność i precyjka w niektórych naukach jak informatyka nachodzi znaczeniowo na fałszywie pozytywne/negatywne stosunki.

czułości (dopełnienie proporcji fałszywie negatywnych), kiedy chcemy zaklasyfikować jak największej respondentów, którzy faktycznie pójdu na wybory na tak. Czasami na specyficzności (dopełnienie proporcji fałszywie pozytywnej), kiedy chcemy żeby wśród zaklasyfikowanych na tak jak największej było takich, którzy faktycznie pójdu na wybory. Idealna klasyfikacja to 100 % specyficzności i czułości, ale w rzeczywistości społecznej jest to praktycznie nie możliwe. Ogólną moc testu wyznacza się krzywą ROC, gdzie na jednej osi odkładamy wartość recall (czułości), a na drugiej wartość (1-specyficzność). We wnioskowaniu statystycznym należy uważać na wiele czynników, np. niewłaściwego zaklasyfikowania jakiejś kategorii. Może też wynikać ze stronniczego doboru próby do badań z populacji. Zakłócenie (ang. confounding) stanowi błąd wywołany przez inną zmienną pozostającą w związku statystycznym między przyczyną a skutkiem.

Klasteryzacja² za to jest metodą oddzielania i grupowania danych bez uprzedniej wiedzy na temat ich klasyfikacji. Dysponujemy obserwacjami bez etykiet. Celem uczenia jest znalezienie grup (klastrów), w których skupione są dane. Przykładem są algorytmy detekcji społeczności z rozdziałów o sieciach społecznych. Obserwacje z danej grupy charakteryzują się podobieństwem. Możliwe są alternatywne nazwy: grupowanie, analiza skupień.

Redukcja Wymiarów jest metodą wyszukania zbioru cech o największym wpływie na badane zjawisko. Wracając do kwestii rozwodów, weźmy szczegółowe rejesty z informacjami (dane demograficzne, społeczne, ekonomiczne itp.) o osobach które się rozwiodły. Gdy wymiarów jest dużo, ciężko jest stwierdzić, które cechy mają największy wpływ na decyzję o dochodach. Możliwe jest skorelowanie tych cech, np. majątek będzie związany z dochodami. Dodatkowo różne zmienne, będą wchodzą w interakcje, np. praca w budżetówce i zarobki (osoby o wysokich zarobkach z sektor państwowego często pełnią ważne funkcje publiczne, i jako że podlegają kontroli społecznej, toteż rozwodzą się rzadziej niż to by wynikało z ich charakterystyk społeczno-ekonomicznych). Metody wykorzystujące redukcję wymiarów mają na celu zgrupowanie zmiennych w agregaty zmiennych oraz wychwycenie dominujących składowych wyjaśniających zmiennosć cechy objaśnianej.

Sieci neuronowe i algorytmy genetyczne: Dzięki wdrożeniu typowego dla istot żywych jak ludzi zjawiska adaptacji komputer się uczy. Sztuczne sieci neuronowe stały się nowym paradigmatem obliczeń w których mózg jest wzorcem ideowym sztucznej sieci neuronowej. Elementem budulcowym takiej sieci jest perceptron – jednostka połączona w sieci neuronowej z wejściami i wyjściem. Z wykorzystaniem perceptronu można tworzyć bramki logiczne co daje rozwiązywać te same problemy co klasyczne topologie komputerów. Sieć Hopfielda pozwala na wyszukiwanie informacji za pomocą modelu pamięci asocjatywnej. Oddziałując bodźcami uczymy sieć neuronową do rozwiązywania konkretnych problemów poprzez odpowiednie dobieranie połączeń między elementami i ich wag. Inną metodą adaptacji są algorytmy genetyczne. Tworzy się funkcje celu dzięki i pozwala się na jej ewolucję przez mutacje, krzyżowanie i selekcję. Następnie z rodziny funkcji wybierana jest najlepsza. Najprostszy algorytm genetyczny pozwala na poszukiwanie maksimum. Tego typu metodologie wywodzą się z obserwacji przyrody i ludzi i trafiają do wzmocnienia metod ścisłych.

Meta-analiza jest metodą porównania różnych wyników w celu wyciągnięcia zbiorczego wniosku. Inna nazwą tej metody jest głosowanie, ponieważ ostateczna decyzja jest podejmowana według pewnych reguł ze zbioru decyzji podzielonych. W metodzie zakłada się, że poszczególne pomiary są obciążone błędem, to jednak średnia z nich powinna być najlepszym estymatorem szukanej wielkości, co ma swoje matematyczne uzasadnienie w teorii wielkich liczb oraz centralnym twierdzeniu granicznym.

² Klasteryzacja jako miara usieciowania jest inaczej zdefiniowana, stąd często stosuje się jej zmienną nazwę – gronowanie

2.4 Rozprzestrzenianie się chorób – dyfuzja

Mechanizm zaraźliwości społecznej ma miejsce wówczas, gdy osoba zmienia postawę lub zachowanie pod wpływem swojego znajomego. Wspólnie z homofilią (powinowactwo do jednostek podobnych do siebie), zaraźliwość społeczna jest uważana za główny motor dynamiki grup społecznych. Fizyczny proces dyfuzyjny (rozprzestrzenianie się cząsteczek w jakimś ośrodku) można porównać do epidemiologii chorób zakaźnych. Postawy zaraźliwe mogą w ten sposób dynamicznie się rozprzestrzeniać zarażając kolejne osoby. Studium propagacji dżumy jest przykładem zastosowania takiego modelu.



Rys 6. Model rozprzestrzeniania się chorób ze źródłami rozproszonymi skoncentrowanymi na Ukrainie (stan przed A I po B oraz ścieżki rozchodzenia się chorób C). Źródło: (Dybiec, 2014)

3 Wprowadzenie do modelowania matematycznego

3.1 Modelowanie deterministyczne

Założymy, że populacja jest podzielona na trzy klasy: podatni (S), którzy mogą zarazić, zarażający (I), którzy mogą przekazywać chorobę i usunięci (R), który przebyli chorobę i są zdrowi (z odpornością na patogen) lub zostali wyłączeni (zostali odizolowani, wypisani ze szpitala lub po prostu zmarli). Jest jeden z najprostszych, a zarazem najczęstszej stosowany model epidemiologiczny. Schemat przejść może być reprezentowany przez:



Rys 7. Podstawowy model SIR ewolucji choroby. Opracowanie własne na podstawie modelu McKendricka

Opiszmy najważniejszy etap tego procesu, czyli transmisję patogenu. Rozważmy jedną podatną osobę (S) w populacji homogenicznej (jednorodnie wymieszanej). Indywidualne kontakty z innymi członkami społeczeństwa oznaczmy C (z jednostką czas^{-1}) i proporcją I/N kontaktów z zarażonymi. Jeśli szansa przeniesienia zakażenia na jeden kontakt jest β , wtedy tempo przenoszenia patogenu na podatnych (S) jest $\beta C I / N$, a tempo stawania się przez nich zarażającymi (I) jest $\beta C S I / N$. Częstość (C) może być funkcją gęstości zaludnienia, co odzwierciedla fakt, że zakładamy jednorodne cechy wszystkich jednostek w subpopulacji. Można wyobrazić sobie sytuacje, w których C mogłyby być proporcjonalne do N lub C może być po prostu stałą. Wyrażenia takie jak $\beta S I$ i $\beta S I / N$ często pojawiają się w literaturze. Żeby zmniejszyć liczbę parametrów zapiszmy: $r = \beta C / N$. Pełny system z uwzględnieniem pozostałych procesów może zostać zapisany w postaci układu równań różniczkowych:

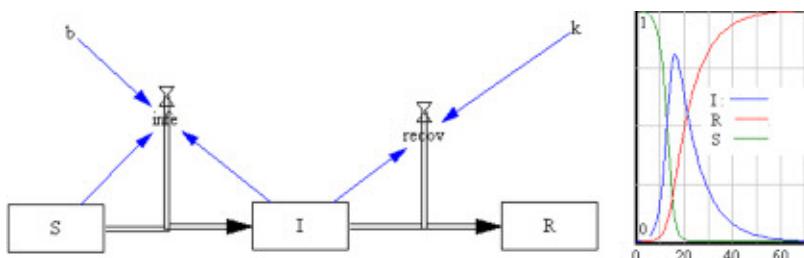
$$\frac{dI}{dt} = rSI - aI,$$

$$\frac{dS}{dt} = -rSI,$$

$$\frac{dR}{dt} = aI$$

Wybór parametrów modelu oraz warunków początkowych r , a , S_0 , I_0 powoduje, że czasami mamy do czynienia z epidemią, a czasami ona nie wybucha. Dla warunku początkowego na S , że $S_0 < a/r$, wtedy $dI/dt < 0$ i w każdym momencie $I_0 > I(t)$ oraz I zmierza do 0 z t dążącym od nieskończoności. Z drugiej strony, jeśli $S_0 > a/r$, wtedy $I(t)$ wzrasta i epidemia wybucha. Mamy tu do czynienia z pewnym programem epidemiologicznym: R_0 , czyli stopą reprodukcji epidemii (parametrem wykorzystywanym w codziennej pracy epidemiologa). Ta stopa jest kluczowa w kontroli epidemiologicznej, np. w szczepieniu populacji. Akcja jest potrzebna dla $R_0 > 1$, ponieważ poniżej tej wartości epidemia naturalnie wygasła. Właśnie określenie wartości R_0 jest standardowym zadaniem epidemiologa. Znając tę wartość rysują się różne ścieżki zatrzymania epidemii. W obecnych czasach nie tylko zdrowie społeczeństwa jest ważne, ale również koszt, jaki musi zostać poniesiony przez służbę zdrowia. Przykładem ekonomicznego zastosowania różniczkowego modelu SIR jest ustalenie procentowego pokrycia społeczeństwa szczepieniami. Wystarczy w modelu wyznaczyć minimalną część populacji szczepionej, dla jakiej $R_0 < 1$ z odpowiednim zapasem, to otrzymamy wtedy informację, że nie trzeba kupować szczepionek dla wszystkich, tylko dla tej zoptymalizowanej subpopulacji. Na powyższym przykładzie pokazaliśmy, że równania różniczkowe cały czas dają nam wiele informacji i lepiej pozwalają zrozumieć zjawisko, ale w przypadku ogromnej ilości wiedzy, jaką posiadamy o społeczeństwie, nie dają się już tak łatwo stosować. Największym mankamentem jest potrzeba budowy kolejnego równania dla każdej wydzielonej podgrupy i tak w nieskończoność.

W związku z często bardzo złożonymi, nieliniowymi postaciami funkcji składających się na takie równania dla rzeczywistych problemów, nie daje się opracować rozwiązania analitycznego (możliwe jest to często tylko dla asymptotyk, bądź ustalania ograniczeń na wartości rozwiązania). Dlatego też stosuje się metody numeryczne, bądź (zdecydowanie częściej) rozwiązania różnicowe. Koncepcja równań różnicowych pozwala epidemiologom na budowanie intuicyjnych schematów z wykorzystaniem teorii systemów, co zostało bardzo szybko wykorzystane przez instytucje zdrowia publicznego krajów rozwiniętych, ponieważ poza umiejętnościami myślenia analitycznego, nie wymaga to znajomości twardej matematyki. Ponadto epidemiolodzy mogą korzystać z gotowych rozwiązań (Brouwers, 2009) w postaci dedykowanego oprogramowania (np. Vensim).



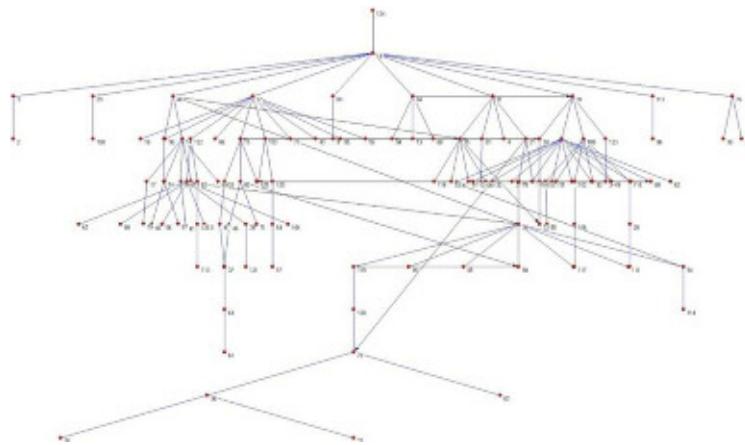
Rys. 8. (lewy) Susceptible, Infective, Removed epidemic model jako układ dynamiczny w środowisku Vensim z parametrami b -zaraźliwość, k -stopa wydrowienia typowa ksywa epidemiczna (prawy). (opracowanie własne na podstawie X3)

Innym przykładem zastosowań równań różniczkowych (dokładnie cząstkowych) jest geograficzne rozprzestrzenianie się chorób. I tak dynamika rozprzestrzeniania się choroby w przestrzeni geograficznej (dyfuzji) została wykorzystana do zmapowania epidemii dżumy, która od pojawiennia się w portach Morza

Śródziemnego na początku XIV w. trafiła do Polski 5 lat później, żeby zawędrować dalej na północ i wygasnąć.

3.2 Modelowanie stochastyczne

Podejściem konkurencyjnym do modelowania deterministycznego epidemii jest wykorzystanie metod probabilistycznych. W kwestii opisu procesu zmiana następuje w znaczeniu parametrów modelu, ponieważ zamiast stóp (ang. rates) mamy do czynienia z prawdopodobieństwami. W związku z tym np. stopa zarażenie (przepływ z kategorii S do I) jest reprezentowana czystym prawdopodobieństwem. W modelu stochastycznym można posługiwać się koncepcją procesu gałęziowego (Jacob, 2010).



Rys 9. Gałęziowy proces transmisji patogenu od źródła infekcji (góra) aż do wygaśnięcie epidemii (dół).

Poszczególne poziomy oznaczają pokolenia epidemiczne (od 0 na górze do 12 na dole). Opracowanie własne na postawie (Jarynowski, Jankowski, Zbieg, 2015)

W modelu stochastycznym R_0 , nie rozgranicza już w sposób definitive wybuchu, bądź nie epidemii. W tym ujęciu dla $R_0 < 1$ możliwy już jest start epidemii, czego nie obserwujemy w modelu deterministycznym.

Poza procesami gałęziowymi stosuje się bardzo często automaty komórkowe (siatka komórek ze stanami regułami przejść) w stochastycznym modelowaniu epidemiologicznym. Głównym celem tych badań jest analiza statystyczna modelów typu SIR (gdzie stan komórki odpowiada kategorii medycznej), gdzie epidemia rozprzestrzenia się poprzez sąsiadów zarażonych komórek zgodnie z ustalonymi probabilistycznymi regułami przejść. Poza standardowymi modelami na siatce (najwięcej zastosowań w epidemiologii roślin, gdzie układ grządek często przypomina taką właśnie strukturę) stosuje się często różnego rodzaju skróty odpowiadające wektorom zarażenia.

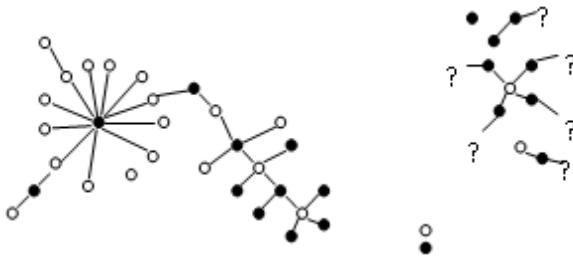
W związku z często bardzo skomplikowanymi procedurami statystycznymi związanymi np. Z dopasowywaniem parametrów, epidemiolodzy korzystają z gotowych rozwiązań dostępnych w postaci aplikacji wspierających jak pakietów Epi w środowisku R.

3.3 Modelowaniu przy wykorzystaniu sieci społecznych (rzeczywistych i przypadkowych)

Wyobraźmy sobie ulokowanie osobników w jakimś układzie przestrzennym. Najprostszym może być np. siatka. Na takiej siatce komórki mogą zmieniać swoje stany oraz stany okolicznych komórek według pewnych reguł o nazywamy taki układ automatem komórkowym.

Jeżeli zamiast na siatce jak w automacie komórkowym, umieścimy układ na sieci teoretycznej o konkretnych właściwościach, wtedy mamy do czynienia z siecią złożoną.

Rozwój technik komputerowych ułatwiających gromadzenie i analizowanie dużych ilości danych, umożliwił dokładne zbadanie struktury sieci rzeczywistych kontaktów (Grabowski & Rosinska, 2012) oraz procesów epidemiologicznych występujących na nich (Green & Bossomaier, 2000). Ponieważ główną drogą rozprzestrzeniania się chorób zakaźnych są kontakty interpersonalne, struktura sieci tych kontaktów ma istotny wpływ na dynamikę oraz rezultaty epidemii.

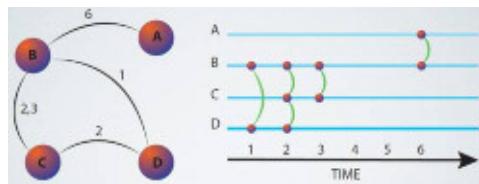


Rys 10. Modelowe kontakty między w przypadku 2 subgrup (np. kadra i pacjenci). Znając topologię sieci można wnioskować o progu epidemicznym, szybkości rozprzestrzenienia się epidemii. Położenie jednostek w sieci pomaga również w ocenie ryzyka zarażenia (Opracowanie własne)

Cechą charakterystyczną większości sieci kontaktów jest potęgowa postać dystrybucji prawdopodobieństwa ilości sąsiadów i relatywnie duża liczba węzłów posiadających wiele połączeń (Rocha L. , 2011). Obecność takich węzłów istotnie wpływa na dynamikę procesu propagacji wzbudzeń w sieci, gdyż łączą one bardzo dużą liczbę innych węzłów, często znajdujących się przestrzennie daleko od siebie (w epidemiologii są to tzw. Superspreaders). Inną cechą charakterystyczną sieci rzeczywistych jest wysoka wartość współczynnika klasteryzacji - można wyróżnić grupy węzłów (klastery), pomiędzy którymi występuje duża liczba połączeń. Tak więc sieci rzeczywiste symuluje się często za pomocą sieci przypadkowych spełniających założenia sieci „małego świata” oraz sieci bezskalowych (Watts & Strogatz, 1998). Oddziaływanie interpersonalne pomiędzy jednostkami należącymi do tej samej grupy są silniejsze niż oddziaływanie pomiędzy jednostkami z różnych grup społecznych. Osoby należące do małych społeczności spędzają ze sobą więcej czasu niż osoby i średnia intensywność kontaktów pomiędzy członkami nimi jest większa. Z punktu widzenia rozprzestrzeniania się infekcji to właśnie kontakty w ramach najmniejszych grup są najbardziej efektywne jako drogi przenoszenia patogenu. Jednakże, nie można pominąć przypadkowych kontaktów pomiędzy osobami (np. w wyniku przemieszcza się z miejsca na miejsce – wektory). Niestety żaden układ (nawet szpitale) nie jest zupełnie oddzielony od świata zewnętrznego z tego względu istnieje niezerowe prawdopodobieństwo transmisji patogenu spoza badanej sieci. W celu rozróżnienia efektywności interakcji pomiędzy jednostkami znajdującymi się na różnych poziomach hierarchii, wprowadzone są różne prawdopodobieństwa zainfekowania podatnej jednostki. Najczęściej najwyższy (najsłabszy) poziom interakcji interpersonalnych stanowią przypadkowe kontakty pomiędzy dowolnymi dwoma jednostkami należącymi do populacji generalnej. Ciekawe obserwacje zostały poczynione w badaniu procesu jednoczesnego rozprzestrzeniania się dwóch różnych infekcji. Z ewolucyjnego punktu widzenia wiemy, że wyniku przebycia choroby ludzie nabijają czasami odporności krzyżowej na patogen podobnego typu oraz zazwyczaj tylko jeden typ dominuje w danym momencie. W przypadku konkurencji między patogenami, proces rozprzestrzeniania się epidemii może być traktowany jako proces rozprzestrzeniania się wzbudzeń w układzie, co jest potwierdzane przez powstawanie, charakterystycznych dla ośrodków aktywnych. Okazuje się, że w takim układzie dla pewnego zakresu parametrów kontrolnych obecność jednostek chorych na pierwszą chorobę uniemożliwia rozprzestrzenianie się drugiej choroby. Czasami może dochodzić do odwrotnej sytuacji, gdzie jedna choroba, np. HIV tak jakby współpracuje z innymi nadkażeniami ja CD (Rodrigez, et al. 2017).

Tak więc, charakterystyka kontaktów w postaci czasowej (większość dotychczasowych analiz wykorzystywała sieci statyczne) i sieciowej struktury (kiedy i z kim) wiadomo że ma wpływ na rozprzestrzenianie się

patogenów. Odtworzenie dynamicznej, czasowej siatki kontaktów jest podstawą do dalszej analizy (Holme, October 2012).



Rys 11. Model dynamicznej sieci kontaktów (z uwzględnieniem momentu kiedy kontakt nastąpił oraz jak długo trwał). Opracowanie własne na podstawie (Jarynowski i Grabowski, 2015)

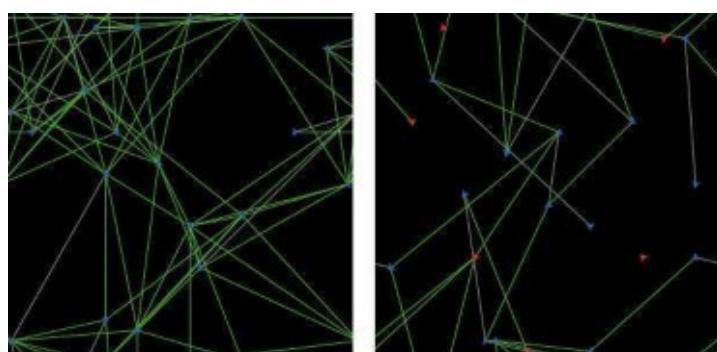
W ramach zaimplementowanej sieci (czy to rzeczywistej, czy złożonej-przypadkowej) uruchamia się modele zwane agentowymi bądź indywidualnymi, ponieważ atrybuty są zdeterminowane jednostkowo oraz czasami nawet przestrzennie. Dzięki rozwiązaniom inżynierijnym typu GIS (ang. Geographic Information Systems), można lokować jednostki (ludzi, miasta itp.) na rzeczywistych mapach (Rocha, Liljeros, & Holme, 2011) i modelować transmisje patogenów z uwzględnieniem topologii (np. przeszkód naturalnych w postaci gór).

3.4 Modelowanie agentowe

Motywacją do symulacji i modelowania jest złożoność systemów społecznych nieliniowych, wielopoziomowych, dynamicznych interakcji. Modelowania różnego rodzaju funkcji społecznych, jest często to niewykonalne innymi metodami obliczeniowymi. Do modelowania agentowego potrzebna jest największa ilość informacji. Trzeba zdobyć wiedzę, w jaki sposób interakcje na poziomie mikro-makro zachodzą. Jednak jeśli posiadamy takie zbioru danych, to właśnie zaletą modelowania agentowego jest właśnie możliwość ich wykorzystania co daje okazję do kalibracji modeli, zwłaszcza, że obecna moc obliczeniowa komputerów pozwala na symulację na dużą skalę.

Dla poprawnego przeprowadzenia analiz symulacyjnych zachowań systemu podstawowe znaczenie mają następujące kwestie:

1. zdefiniowanie systemu podlegającego modelowaniu,
2. wybór adekwatnego narzędzia analizy – modelu systemu,
3. organizacja i pozyskanie zbioru danych wejściowych,
4. ustalenie warunków początkowych analizy i kalibrowanie parametrów modelu,
5. ustalenie wiązki scenariuszy symulacyjnych i eksperymentowanie z modelem,
6. przeprowadzenie obliczeń i analiza wrażliwości wyników modelowania na zmiany parametrów symulacji,
7. zasadna interpretacja wyników obliczeń wykonanych z pomocą modelu.



Rys 12. Wizualizacja sieci modelu agentowego w oprogramowaniu NetLogo (Opracowanie własne na podstawie X1)

Niestety, poziom skomplikowania reguł a modelowaniu agentowym pociąga za sobą wiele matematycznych konsekwencji. W mikrosymulacjach (modelowaniu stochastycznym, czy w automatach komórkowych) proces można opisać w kategoriach stochastycznego równania różniczkowego na prawdopodobieństwach przejścia (tak zwane równania fundamentalne lub typu Master). Nie istnieje takie ogólne równanie dla ABM. Agenci oddziałują w symulacjach a ta interakcja jest istotnym elementem w ABM. Standardowe modelowanie stochastyczne i deterministyczne zakłada, że układ ma własność Markowa: prawdopodobieństwo bycia konkretnym w stanie zależy tylko od stanu poprzedniego. W ABM, układ może mieć pamięć i zdolność uczenie się. ABM jest bliższe empirii, natomiast standardowe typy modelowania są bardziej oparte na teorii, dzięki czemu są zapewne „piękniejsze” z matematycznego punktu widzenia oraz pozwalają na więcej generalizacji. ABM za to daje konkretne odpowiedzi na konkretne pytania/scenariusze, dzięki czemu jest to obecnie najczęściej stosowany typ modelu w opisie rzeczywistości społecznej, zwłaszcza że możliwa jest implementacja technik analizy sieci społecznych, czy rozprzestrzeniania się wzorca w przestrzeni.

Tematyka możliwości stosowania modeli agentowych jest bardzo szeroka, bo te modele dają największe spectrum zastosowań.



Rys 13. Stopień skomplikowania modelu a jego poziom odzwierciedlenia rzeczywistości w liniowym schemacie. Źródło (Komosiński, 2011)

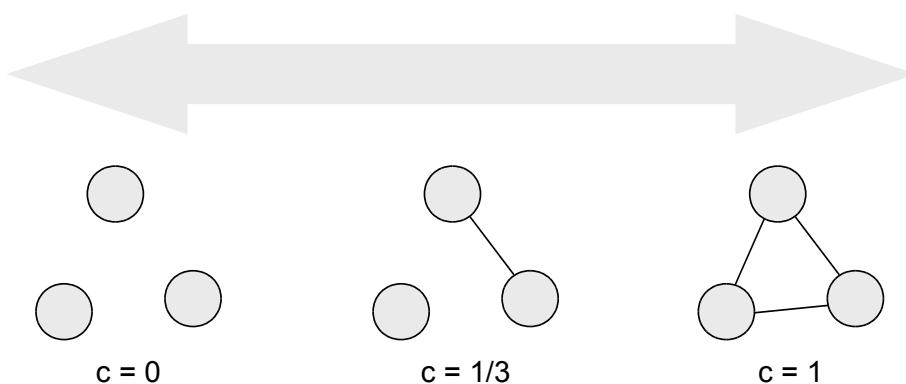
W większości przypadków opisywane tu modele dotyczą obszaru: ograniczonych modeli badawczych, ze względu na problemy z kontrolą parametrów piętrzących się wraz z komplikacją modelu, a właśnie modele zakażeń HAI są wyjątkowo skomplikowane.

4 Analiza sieci społecznych i sieci złożonych jako narzędzie pracy epidemiologa chorób zakaźnych

Analiza sieci społecznych - SNA (ang. social network analysis), to dziedzina, w której nauki ścisłe włożyły bardzo dużo, ale również wiele zyskały. Ponieważ, zdaniem autora, jest to najbardziej obiecująca i mająca najwięcej praktycznych zastosowań dziedzina przenikania się nauk ścisłych i społecznych, powinna zostać najdokładniej opisana. Dyscyplina ta czerpie z teorii grafów na gruncie nauk społecznych. Jej przedmiotem są sieci tworzone przez różnego rodzaju „obiekty” społeczne – są nimi najczęściej ludzie, ale także grupy, firmy czy nawet państwa. Mamy cały zestaw poziomów od interakcji diad – czyli par, przez struktury trójkątne (różne motywy) po sieci wielopoziomowe oraz hipersieci (sieć sieci). Pewne charakterystyczne role sieciowe jak most (wierzchołek łączący dwie społeczności), czy jednostki izolowane zostały dokładniej opisane w zastosowaniach analizy sieciowej. Sieciami społecznymi w Polsce zajmuje się obecnie wiele ośrodków naukowych (reprezentujących fizykę, informatykę, matematykę, socjologię, psychologię, ekonomię, biologię czy medycynę) skupionych głównie w Warszawie i we Wrocławiu, ale należy wspomnieć, że Uniwersytet Jagielloński należał kiedyś do światowych centrów pionierskiej wtedy socjologicznej teorii sieci (Szmakta, 1997). Przedstawimy te techniki dwuetapowo, zaczynając od empirycznego opisu analizy sieci społecznych po matematyczny opis sieci złożonych.

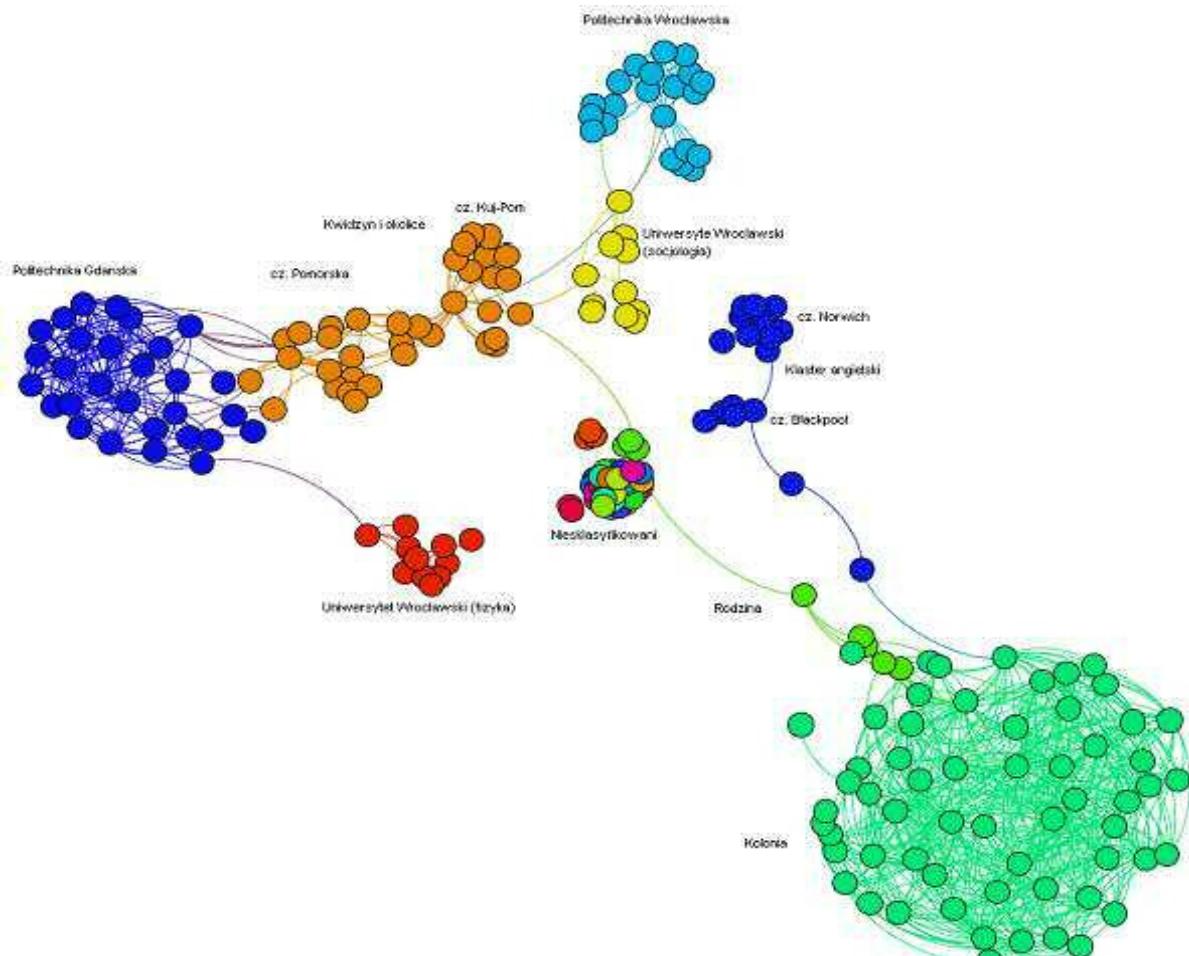
4.1 Podstawowe pojęcia w analizie sieci społecznych

Małe struktury społeczne są w socjologii znane od II Wojny Światowej i były obiektem badań przez Roberta Mertona (który wyróżniał wymiary władzy, komunikacji i interakcji) oraz Jacoba Moreno (ojca socjometrii w wymiarze interakcji – więzi społecznej). Przez wiele lat socjometria była stosowana w ograniczonym zakresie, ale odkąd algorytmy komputerowe pozwalają wizualizować całe układy automatycznie. Wcześniej robiono ręcznie wizualizacji i sam autor pamięta jak zaczynając studia socjologiczne męczył się z rysowaniem grafów, według przepisów, które i tak nie gwarantowały czytelności sieci. Opisując sieć używa się różnych współczynników oraz metod rozpoznawczych (Rocha, 2011), które często pod swoimi nazwami kryją szereg różnych algorytmów. W celu identyfikacji wzorców zachowań w sieci opracowano bardzo wiele schematów, ale większość bazuje na kilku podstawowych obserwacjach.



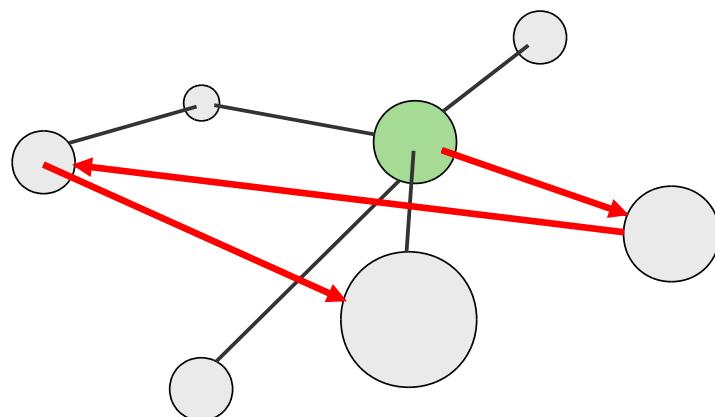
Rys 14. Klasteryzacja (gronowanie) i wykrywanie społeczności (Opracowanie własne na podstawie X1)

Sposób grupowania (ang. Clustering (C)), interpretowany jako rozmieszczenie blisko siebie obiektów w jakiś sposób ze sobą powiązanych, a powstała struktura fizyczna określana jest jako klaster lub grono. Współczynnik gronowania (klasteryzacji) służy do szacowania, ilu sąsiadów danego wierzchołka jest połączonych każdy z każdym. Jest to iloraz liczby krawędzi pomiędzy sąsiadami danego wierzchołka oraz liczby krawędzi, jaki miałby graf pełny składający się z tych sąsiadów.



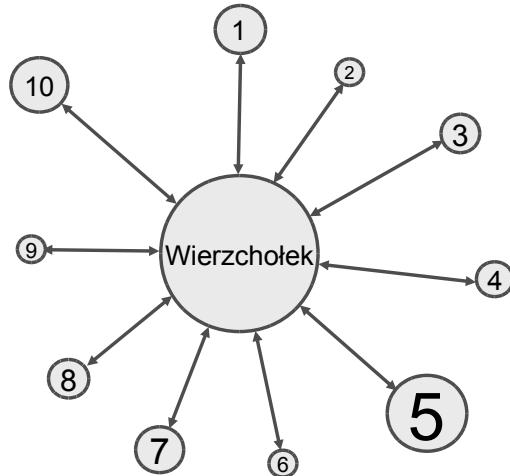
Rys 15. Społecznośc to zespół wierzchołków połączona ze sobą zdecydowanie częściej niż z resztą sieci
(Opracowanie własne na podstawie X1)

Detekcja społeczności polega na wyszukiwaniu podzbiorów sieci, które kontaktują się ze sobą częściej niż resztą sieci. Jest ogromna liczba algorytmów poszukujących takich podzbiorów, ale większość z nich wymaga ustalenia przez analityka liczby tych społeczności jako wielkości kontrolnej.



Rys 16. Średnia odległość między węzłami (Opracowanie własne na podstawie X1)

Średnia długość ścieżki (L) w sieci mówi, przez ile wierzchołków należy średnio przejść, aby dojść od jednego wierzchołka do dowolnego innego.

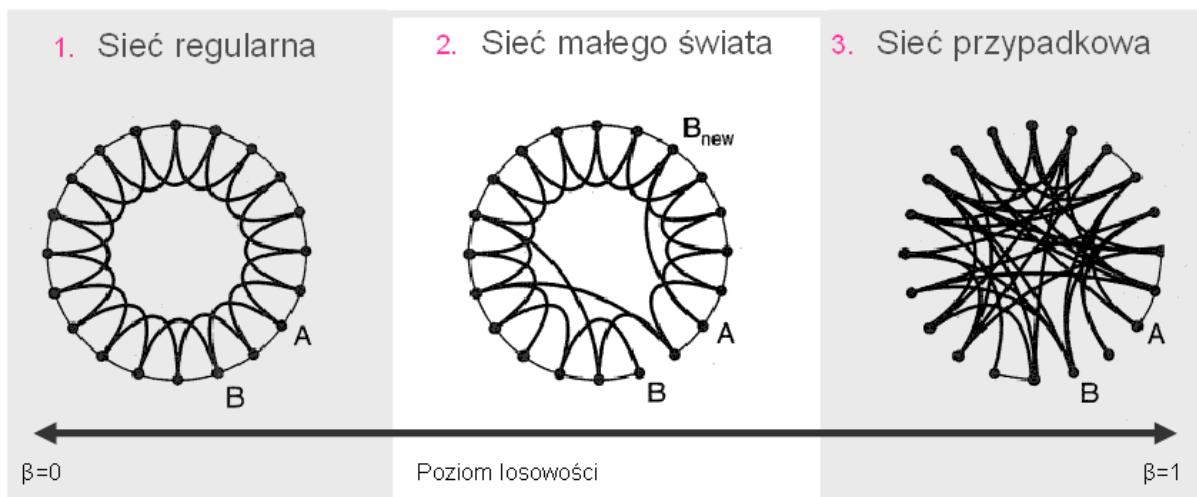


Rys 17. Krotność wierzchołka i centralność wierzchołka (Opracowanie własne na podstawie X1)

Krotność to ilość połączeń danego wierzchołka. W przypadku sieci skierowanej (uwzględniającej osobę połączenia przychodzące i wychodzące) można wyróżnić dodatkowo krotność *in* oraz *out*.

Centralność to atrybut opisujący pozycję każdego wierzchołka w sieci. Stanowi miarę ważności, znaczenia i wpływu na inne obiekty w tej samej sieci. Wyróżnia się wiele typów centralności, ale najczęściej stosowane to środek ciężkości i centralność „Betweenness”.

Wizualizacja sieci jest istotnym aspektem analizy sieciowej. Reprezentacja graficzna położenia i odległości między krawędziami nie ma zazwyczaj odzwierciedlenia w rzeczywistych odległościach i położeniu w sensie np. geograficznym. Wiąże się to z tym, że aby zmapować odległości w sensie matematycznym w ogólności dla N wierzchołków potrzebujemy N-1 wymiarów. To znaczy, że na obrazku 2D, który ma 2 wymiary odniesiemy jedynie 3 wierzchołki. Są algorytmy wielowymiarowego skalowania, które z pewnym przybliżeniem pozwalają na zachowanie rzeczywistych odległości, ale ich skuteczność jest różna. To co się robi zazwyczaj, to prezentacja (wybór współrzędnych) sieci w sposób arbitralny. Najprostszym sposobem jest ulokowanie wierzchołków na obwodzie jakiejś figury, np. koła. W takim przypadku żaden z wierzchołków nie jest uprzywilejowany, a krawędzie mogą się w takim przypadku przecinać. Aby uniknąć właśnie przecinania się krawędzi oraz lokowania węzłów o dużej krotności w odpowiednich miejscach używa się różnych algorytmów bazujących np. na średku ciężkości, albo metodzie wartości własnych. W efekcie otrzymujemy bardziej czytelne przedstawienie sieci.



Rys 18. Losowość od sieci regularnej (np. kratki, czy plastru miodu) przez jej zaburzenie do sieci przypadkowej prostej (Opracowanie własne na podstawie diagramu Wattsa i Strogatza)

Poziom losowości również jest istotny. Bardzo często sieci rzeczywiste są porównywane z teoretycznymi sieciami złożonymi, ponieważ ich własności są dobrze zbadane. Społeczeństwo, na które spojrzymy jak na zbiór osób powiązanych znajomościami, przyrównywane jest do znanej z przyrody struktury regularnej (jak w kryształach) lub do w pełni losowej, (która można wygenerować z procesu przypadkowego). Jeśli nasza wygenerowana w pełni losowa sieć będzie miała rozkład stopni wierzchołków spełniający o określone prawo, to możemy ją odpowiednio sklasyfikować. Wyróżnia się 2 podstawowe typy sieci przypadkowych (Barabasi, 2002):

- **sieć przypadkową prostą lub inaczej Erdos'a-Renyiego (ER)**, kiedy każde połączenie jest równoprawdopodobne (tak jakby rozdzielić połączenia zupełnie przypadkowo).
- **sieć bezskalową lub inaczej Barabasiego-Alberta (BA)**, kiedy rozkład krotności wierzchołka jest potęgowy, czyli dugoogonowy (występują tak zwane huby, czyli wierzchołki o ogromnej licznie połączeń – rezultat efektu św. Mateusza, nazywane często preferencyjnym dołączaniem).

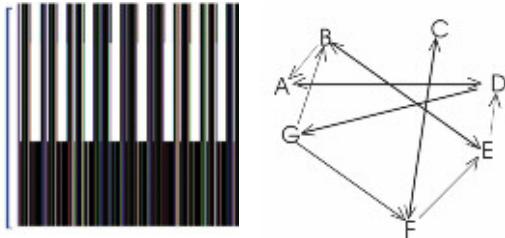
Sieci losowe można przeciwstawić sieciom o strukturze regularnej jak siatka czy plaster miodu (dobrze zbadanymi przez fizyków teoretyków). Pomiędzy skrajnymi przypadkami (regularnymi i losowymi) plasuje się sieć małego świata, często nazywana Wattsą i Strogatza (WS), gdzie na sieć regularną nałożone są przypadkowe połączenia (Watts i Strogatz, 1999). Odzwierciedlać to ma zjawisko znane w socjologii już od 1967 roku, po eksperymentach Milgrama, jako proces sześciu uściśnięć ręki. Wspomniany amerykański psycholog społeczny rozestał do kilkuset losowo wybranych ludzi z Nebraski i Kansas przesyłki z prośbą, by przekazali je dalej komuś ze swych znajomych, tak by możliwie najszybciej dotarły do pewnej osoby mieszkającej w Bostonie. Milgram śledził los przesyłek. Okazało się, że łańcuch dzielący osoby, które losowo wybrał, od celu, miał średnio sześć ogniw.

Generowanie sieci losowych jest ważnym elementem analizy sieciowej. Rzeczywiste sieci społeczne posiadają struktury, które nie występują w żadnej z wymienionych sieci przypadkowych. Znając podstawowe cechy więzów społecznych powinniśmy obserwować mniejsze bądź większe natężenie konkretnego wzorca topologicznego. W związku z tym losowe sieci społeczne generuje się w sposób bardziej skomplikowany, modyfikując odpowiednio proces generowania sieci dynamicznie. W rzeczywistości obserwuje się takie struktury jak: gwiazdy i kliki. Istnieją systemy losowania sieci typu Siena, czy P^* , które bazują na grafie typu ER, ale przetasowują połączenia tak, aby uzyskać pożądane struktury. Takie sieci nazywane są grafami wykładowiczymi i jest to metoda konkurencyjna do metod znanych z sieci złożonych prezentowanych w następnym rozdziale. W związku z konfliktkiem między tymi metodami, przedstawiciele paradygmatu sieci złożonych obwiniają grafy wykładowicze za brak uniwersalnych własności. Z drugiej strony głównym zarzutem jest niedostateczna porównywalność sieci złożonych z sieciami rzeczywistymi.

4.2 Sieci społeczne jako sieci złożone

W układach, które nie są zbiorem przypadkowo dobranych, niezwiązanych ze sobą elementów, do opisu struktury i oddziaływań między tymi elementami wykorzystuje się teorię grafów (sieci), która jest częścią matematyki dyskretnej. Analiza sieci społecznych (przedstawiona wcześniej) jest szczególnym przykładem sieci złożonych, w których zapis matematyczny jest zapożyczony z nauk przyrodniczych. Przedmiotem zainteresowania tej teorii jest graf G , będący zbiorem węzłów v_i i połączeń między nimi e_{jk} , gdzie $i,j,k = 1,...,n$. Koncepcja grafów ma już dużą historię, która sięga XVIII w., gdy L. Euler rozpatrywał tzw. problem mostów miasta Królewiec. Została ona znacznie rozwinięta w latach 50-tych XX w., gdy węgierscy matematycy P. Erdős i A. Rényi rozważali własności grafów o przypadkowych połączeniach. Dopiero jednak

pod koniec ubiegłego stulecia nastąpiła prawdziwa eksplozja zainteresowania wykorzystaniem grafów do analizy danych empirycznych, zwłaszcza pochodzących z badań układów złożonych. Podstawową cechą grafów jest kierunkowość połączeń; jeśli połączenia są symetryczne, to graf jest nieskierowany, natomiast w przeciwnym razie mamy do czynienia z grafem skierowanym, w którym połączenia mają swój początek i koniec. Oba typy grafów, choć pozorne wydają się obiekty geometrycznymi, mogą w istocie być łatwo wyrażone w postaci algebraicznej przy pomocy tzw. macierzy sąsiedztwa. Dla grafów nieskierowanych macierz ta jest symetryczna, natomiast dla skierowanych – asymetryczna. Inną ważną cechą grafów jest rodzaj połączeń, które mogą być ważone lub nieważone (binarne). Przykładowy graf skierowany o binarnych połączeniach został zaprezentowany poniżej w formie macierzy i w formie graficznej.



Rys 19. Reprezentacja sieciowa macierzowa i grafowa (opracowanie własne na podstawie X1)

Element macierzowy (1,4) (pierwszy rzad, czwarta kolumna) odpowiada połączeniu pomiędzy węzłami A i D. Gdyby macierz z rysunku była symetryczna, odpowiadałaby sieci nieskierowanej.

Podstawowym parametrem każdego węzła jest liczba połączeń (stopień, krotność) k z innymi węzłami, która w przypadku sieci skierowanych dzieli się na liczbę połączeń przychodzących i wychodzących. Sieć skierowana jest wygodna do opisu jednostronnych oddziaływań między elementami np. sieci wpływów, natomiast w mojej pracy ograniczam się do użycia grafów nieskierowanych ze względu na symetrię problemów, którymi się zajmuję. W zależności od własności statystycznych rozkładu krotności węzłów i mechanizmu tworzenia się połączeń wyróżnić można kilka ważnych typów sieci (termin ten będzie używany wymiennie z grafem).

Historycznie pierwszym rozważanym w fizyce typem sieci były sieci regularne, w których każdy węzeł był charakteryzowany przez taką samą wartość k . Sieci tego typu były wykorzystywane zwłaszcza w fizyce ciała stałego do opisu struktury krystalicznej. Kolejnym typem grafów były tzw. sieci przypadkowe, wprowadzone przez Erdösa i Rényiego (tzw. model ER), w których połączenia między węzłami tworzyły się w sposób losowy przez wybór pary węzłów.

Modyfikacją modelu ER jest sieć, która tworzy się nie przez wypełnianie połączonymi istniejących węzłów, ale poprzez dodawanie nowych do już istniejących węzłów, losując za każdym razem węzeł, z którym łączony jest nowy. Rozkład połączeń w takiej sieci jest także dany rozkładem wykładniczym. Przez długi czas uważano, że sieci typu ER dobrze opisują własności sieci rzeczywistych. Tymczasem z upływem lat okazało się, że sieci rzeczywiste posiadają własności mocno niekiedy odbiegające od tego modelu. Sieci typu ER są jednorodne i żaden węzeł nie jest statystycznie wyróżniony (mówiąc w tym wypadku o sieciach demokratycznych), natomiast w wielu sieciach rzeczywistych występuje silna niejednorodność i pewne węzły są faworyzowane. Prowadzi to do potęgowych rozkładów krotności. A.-L. Barabási i R. Albert jako pierwsi pokazali, że sieć WWW, do tej pory uważana za sieć typu ER, ma strukturę bezskalową (potęgową). Potęgowy rozkład k implikuje istnienie niewielkiej liczby węzłów o dużej krotności (tzw. hubów) oraz dużej liczby węzłów o niewielkich krotnościach. Implikuje także istnienie korelacji strukturalnych w sieci, o bardzo dużych hubach. Okazuje się, że tego typu topologię wykazują wiele innych sieci rzeczywistych, takich jak: fizyczne sieci komputerowe (hardware), sieci transportowe (połączenia lotnicze), sieci metaboliczne, sieci opisujące rynki finansowe, a zwłaszcza sieci powiązań społecznych: sieci współpracy artystów, kolaboracji

naukowych, cytowań publikacji naukowych, sieci rozprzestrzeniania się epidemii, czy sieci znajomości w mediach społecznościowych. Rozpowszechnienie sieci o potęgowych rozkładach opisujących bardzo odmienne od siebie układy spowodowało potrzebę wprowadzenia nowego modelu rozwoju sieci, który w efekcie dawałby tego typu topologię. Najbardziej popularnym modelem jest model wprowadzony przez Barabásiego i Albert (tzw. model BA), w którym mechanizmem wzrostu sieci jest preferencyjne przyłączanie. Polega ono na przyłączaniu nowych węzłów do sieci za pomocą przypadkowych połączeń z istniejącymi węzłami, przy czym prawdopodobieństwo przyłączenia do konkretnego węzła dane jest przez krotność tego węzła. Taki mechanizm wydaje się być intuicyjny, ponieważ np. w przypadku cytowań publikacji naukowych, szansę aby otrzymać kolejne cytowania mają przede wszystkim te artykuły, które już zdobyły duży rozgłos i dużą liczbę cytowań. Sieci bezskalowe posiadają inne ciekawe cechy, które sprawiają, że naturalne układy tak często preferują tę właśnie topologię. Przede wszystkim mała liczba węzłów kluczowych dla struktury sieci powoduje, że przypadkowy wyeliminowanie takiego węzła jest mało prawdopodobne (najwięcej jest węzłów periferyjnych i mało istotnych). Ponieważ przyroda nie ma informacji o tym, które węzły są hubami, ten typ topologii dobrze zdaje egzamin. Niestety, problem staje się poważny, gdy atak na sieć przeprowadzi istota inteligentna, która ma informację o położeniu hubów, wtedy taką sieć bezskalową łatwo zniszczyć; przykładem są blackoutu elektryczne i ataki hackerskie w Internecie. Drugą istotną właściwością takich sieci jest ich optymalność pod kątem zasobów potrzebnych do ich skonstruowania – posiadają krótkie drogi łączące węzły między sobą, nawet jeśli te węzły są od siebie odległe w przestrzeni.

Oprócz długości ścieżek sieci, opisujących zwartość ich struktury, do ważnych cech należy własność gronowania (klasteryzacji). Polega ona na tym, że sąsiadujące ze sobą węzły tworzą w pełni połączone trójki. Miarą opisującą gronowanie jest tzw. współczynnik gronowania (czasami nazywany klasteryzacją (C)), który jest równy prawdopodobieństwu, że pomiędzy dwoma sąsiadami danego węzła także istnieje połączenie. Nazwa sieci małego świata ma swoje źródło w eksperymencie S. Milgrama, w którym określona została średnia odległość pomiędzy przypadkowo wybranymi ludźmi w sieci znajomości. Okazała się ona zaskakująco mała: $L \approx 6$. Dla porównania, wspólnie ta długość może być jeszcze mniejsza i wynosi 4,74 (wg serwisu społecznościowego Facebook). Tzw. problem małego świata był przez długi czas uważany za ciekawostkę, aż do momentu, gdy D.J. Watts i S. Strogatz opublikowali model, w którym własności sieci małego świata można otrzymać w niezwykle prosty sposób, przełączając losowo drobny ułamek istniejących połączeń w sieci regularnej. Model ten, zwany modelem WS, daje sieć o małej wartości L i dużej wartości $\langle C \rangle$. Obecnie wiadomo, że sieci małego świata są powszechnie w przyrodzie i strukturach społecznych.

Jest wiele innych miar charakteryzujących sieci, np. asortatywność, która odnosi się do korelacji między węzłami różnych typów. Dla różnych układów wielkość ta waha się od przypadku dysasortatywnego, gdy węzły o dużej krotności łączą się najczęściej z węzłami o małej krotności (np. Internet, sieci zależności pokarmowych w ekosystemach, sieci reprezentujące rynki finansowe), do asortatywnego, gdy węzły tych samych typów grupują się razem (sieci społecznościowe, sieci współautorstwa publikacji naukowych). W przypadku rynku fonograficznego spodziewać się należy *mieszania asortatywnego*, ponieważ największe gwiazdy, o dużej liczbie współpracowników, często współpracują z artystami o podobnej randze. Inna miara jest rozmiar sieci lub, w przypadku sieci składających się z oddzielnych fragmentów, największego jej spójnego podzbioru (ang. *giant cluster*). Jest to istotna miara w przypadku sieci, w których mamy do czynienia z pojawianiem się lub znikaniem połączeń, gdyż można dzięki niej określić, czy w sieci ma miejsce odpowiednik fizycznego zjawiska perkolacji. Samo zjawisko perkolacji ma olbrzymie znaczenie dla problemu funkcjonowania sieci, ponieważ przejście z sieci spójnej do rozłącznych jej fragmentów w przypadku pewnych układów powoduje destrukcję sieci i zaburzenie procesów odbywających się na tych sieciach.

W klasyfikacji sieci najważniejszym kryterium jest podział na sieci przypadkowe i deterministyczne, a następnie na statyczne i ewoluujące. W tej pracy przedmiotem badań będą głównie sieci ewoluujące,

powstałe w sposób indeterministyczny. Współcześnie obserwuje się niebywały rozwój teorii sieci, co pozwoliło zarówno na odkrycie wielu interesujących zjawisk w układach rzeczywistych, wyrażanych przez reprezentacje sieciowe, jak i opracowanie nowych metod badania tych układów. Jednym z najbardziej spektakularnych osiągnięć analizy sieciowej jest wydobywanie informacji, które nie są bezpośrednio dostępne obserwacjom. Chodzi tu o identyfikację pewnych ukrytych poziomów struktury układów, odtwarzanie nieznanych, ale istniejących fragmentów struktury oraz przewidywanie przyszłych zdarzeń.

5 Modelowanie epidemiologiczne – narzędzie do rzetelnego zarządzanie zdrowiem publicznym w kontekście chorób zakaźnych

Modele przenoszenia patogenów w wyniku kontaktów społecznych są największą gałęzią modelowania procesów społecznych oraz obszarem największych sukcesów w praktycznym zastosowaniu modelowania i analizy danych. Sam fakt istnienia kontaktu jest warunkiem koniecznym do przekazania choroby, której dalszy rozwój jest już opisywany parametrami medycznymi. Zaprezentujemy teraz wybór modeli epidemiologicznych, które w swojej naturze są dedykowane Polsce (parametry dostosowane na podstawie danych o polskim społeczeństwie oraz problem badawczy dotyczący polskiej epidemiologii). Taki model dla miasta Wrocławia powstał już w XVIII w. (jako pierwszy na świecie).

5.1 Grypa – zwłaszcza przykład H1N1

Model grypy są chlubnym wyjątkiem, gdzie wiele instytucji z całej Polski podjęło trud budowy dedykowanego modelu: CIOP (Grabowski & Kosinski, 2009), WAT (Kasprzyk, Najgebauer, & Pierzchala, 2010), ICM UW (Rakowski, Gruziel, Bieniasz-Krzywiec, & J, 2010) ,AGH (Porzycki, 2013). Ma to duży związek z zakażeniami szpitalnymi, ponieważ grypa bardzo łatwo rozprzestrzenia się właśnie w szpitalu.

W związku z tym, że kontakty między podatnymi i zainfekowanymi są niesowe można pokusić się o symulacje dla społeczeństwa całego kraju –Polski na podstawie danych z GUS-u:

- krajowy rejestr populacji (informacje na temat struktury zatrudnienia, bądź pobierania nauki, wielkości gospodarstwa domowego, wielkości zakładów pracy itp.);
- geograficzna baza gmin.

Przeniesienie choroby może odbywać się przynajmniej dwa razy dziennie w domu i głównym miejscu przebywania (np. praca i szkoła). Dodatkowo uwzględnia się możliwość zarażenia poprzez wektory (transport), przy czym prawdopodobieństwa zostały oszacowane na podstawie modelu grawitacyjnego (ICM) lub na podstawie potoków (AGH). W realizacji AGH dodatkowo transmisja patogenu ma miejsce przypadkowo, a w realizacji ICM poprzez sąsiedztwo. Program sprawdza symuluje potencjalne kontakty. Dodatkowe kontakty (i zakażanie) poza-domowe są zawarte w modelu na dwa sposoby przez: miejsce pracy/nauki, sąsiedztwo, podróż no i oczywiście szpital. Schemat zakażeń zależy od stopnia zachorowań. Parametry epidemiologiczne takie jak zakażalność, intensywność choroby, czy czas trwania infekcji zostały dopasowane do rozkładu statystycznego (konkretnie rozkładu Weibulla dla jednej z realizacji modelu). Przebycie choroby gwarantuje odporność w danym sezonie. Po przeprowadzeniu kalibracji odpowiedzi immunologicznej wyznaczono różne scenariusz, w których R_0 (współczynnik reprodukcji epidemii opisany w rozdziale o modelowaniu deterministycznym) mieści się w przedziale od 1,1 do 2,1. Symulacje były prowadzone przy następujących założeniach: wybuch pandemii grypy w Polsce nastąpił w czerwcu lub we wrześniu (w różnych miejscowościach kraju), wartość R_0 odpowiada w przybliżeniu 1,4 w modelu głównym, ponieważ taką wartość wyznaczono w Nowej Zelandii epidemii zimowej w południowej hemisferze. Wykorzystuje się estymator R_0 w postaci:

$$R_0 = \frac{-\ln\left(\frac{A}{S_0}\right)}{1 - \frac{A}{S_0}}$$

Gdzie: S_0 – łączna ilość osób podatnych przed wybuchem epidemii; A – łączna ilość osób podatnych po wybucie epidemii.

Poza reprodukcją epidemii została podjęta dodatkowo próba oszacowania kosztów epidemii (wyniki niepublikowane). Aby porównać koszty społeczne dla różnych scenariuszy, zostały wykorzystane: koszt jednego dnia nieobecności w pracy, koszt leczenia przez lekarza pierwszego kontaktu, koszt jednego dnia leczenia szpitalnego, koszt szczepionki i administracji szczepień. Np. koszt szczepionki na poziomie 100PLN od osoby został oparty na założeniu, że dla całej potencjalnej populacji szczepionych (w sumie 76 milionów dawek) koszty są podzielone pomiędzy koszt szczepionki i administracji. Model zakłada, że pracownicy opiekują się chorymi dziećmi (tak jakby rodzic był chory). Następujące zostały porównane scenariusze: brak szczepień oraz szczepienia na różnych procentowych poziomach objęcia.

5.2 Modele Przemieszczania się

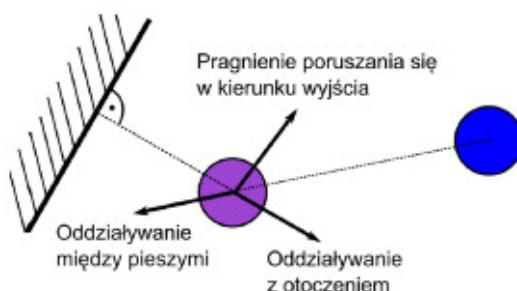
Do opisu zachowania ludzi w czasie ewakuacji, niezwykle istotnego z punktu widzenia życia ludzi, zostały zaproponowane różne modele oraz algorytmy symulacji, np. prawa fizyki opisujące dynamikę płynów poprzez analogię pomiędzy zachowaniem ludzi oraz cząstek w cieczach (Matuszak, 2010). W tym przypadku interesuje nas przemieszczanie się ruch pieszych wewnątrz budynku szpitalnego.

Na początku można zapoznać się z opisem nierównowagowych układów wielocząsteczkowych z siłami kierującymi do czego wprowadza się siłę samonapędzającą. Wynikiem jest równanie różniczkowe ruchu podobne do równań ruchu znanych z licealnych kursów dynamiki:

$$m_i \ddot{x}_i = F_0 - \gamma \dot{x}_i + \sum F_j + \xi_i$$

gdzie i – oznacza interesującego nas agenta a j jego sąsiadów, m - masa, x - położenie, x' - prędkość oraz x'' przyśpieszenie, γ - tarcie, F_0 - siła zewnętrzna, F_j - siła nacisku od sąsiada j , ξ – przypadkowa siła.

Wiedza wynikająca z modelowania oparta jest w głównej mierze na modelu Helbinga (Helbing, 1994). Zakładając połączenie oddziaływań o charakterze socjologicznym oraz fizycznym (jak wzór powyżej): każda z N cząsteczek (o indeksie i) mająca masę m dąży, aby poruszać się z wcześniej znaną prędkością docelową v_d , w określonym kierunku, Będąc w grupie i -ta cząstka stara się dopasować swoją prędkość do prędkości sąsiadów (poprzez oddziaływanie z otaczającymi cząsteczkami). Jednocześnie stara się utrzymać stałą odległość od sąsiadów oraz ścian (siła socjologiczna). Siła socjologiczna to nic innego jak efekt naruszenia przestrzeni osobistej przez otoczenie (sąsiadów, bądź ściany). Wspomniana wcześniej „siła kierująca” zdefiniowana jako kierunek w którym jednostki się poruszają. Prędkość docelowa, jest to maksymalna prędkość jaką może osiągnąć dany człowiek. Każdy krok czasowy symulacji zwiększa (lub zmniejsza) aktualną prędkość poprzez oddziaływanie oraz zmienia kierunek.



Rys 20. Przykładowy układ sił społecznych w modelu pieszego. Źródło: (Lubas, Wąs, Porzycki, & Mycek, 2013)

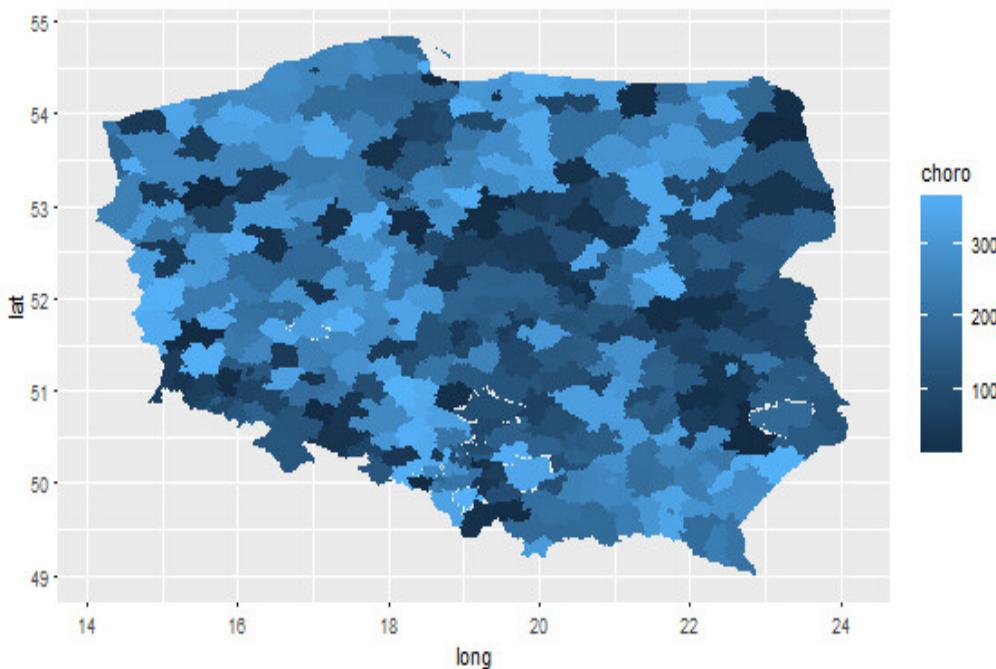
Tak zdefiniowany model pomaga wizualizować empiryczne efekty obserwowane w ruchu pieszych oraz pozwala wstępnie oszacować czasy przejścia dla różnych topologii.

5.1 Epidemiologia przestrzenna

W opisie przestrzennym wykorzystujemy mapy, które są:

- określonym matematycznie obrazem przestrzeni odzwierciedlającym rozmieszczenie obiektów i zjawisk geograficznych w zmniejszeniu (skala) i rzucie prostokątnym (odwzorowanie)
- zbiorem znaków kartograficznych i napisów, służących do prezentacji obiektów i zjawisk geograficznych
- odzwierciedla rzeczywistość w specyficznie uogólniony sposób – może być traktowana jako jej model.

Przede wszystkim potrzebujemy danych definiujących poszczególne obszary – w naszym przypadku powiaty. Takie dane często zapisywane są w plikach, np. shapefile (.shp). Dla zastosowań nie komercyjnych podział Polski i Europy można ściągnąć ze stron GUSu i Eurostatu. Tutaj stosujemy już przetworzone wstępnie dane (napisałem skrypt w R w tym celu) ze względu na różne metody zapisu kodu powiaty od TERYTU, przez alfabetyczne, po EU_NUTS. Zapisujemy dane o centroidach powiatów w mierze kątowej (lat, long). Otrzymujemy tabelę POWIATY zawierającą ustalony kod powiatu oraz współrzędne geograficzne centroida.



Rys 21. Współczynnik chorobowości szpitalnej na podstawie danych PZH za rok 2012. Na tej podstawie możemy wnioskować na temat ilości hospitalizacji w poszczególnych powiatach. (Opracowanie własne, współpraca z A. Poznańską)

5.2 Percepcja Ryzyka

Najważniejszym etapem prewencyjnego działania epidemiologicznego jest identyfikacja czynników ryzyka. W przypadku zakażeń szpitalnych, źródłem może być, np. narzędzie chirurgiczne lub inny pacjent, czynnikiem zakaźnym np. skóra, krew, wydzielina, śluz, czy sperma, a wrotami zakażenia np. błona śluzowa czy naczynka krwionośne. Posiadając dane warto pokusić się zbudowanie modelu matematycznego, który

wyjaśniłby badane zjawisko i pozwoliłby przygotować skuteczne narzędzia w walce z chorobami zakaźnymi. Forma liczbowa prawdopodobieństwa, może dawać ludziom złudzenie, że jeśli w ich przypadku prawdopodobieństwo jest niskie w rozumieniu liczbowym, to nie mają się czym przejmować i że kwestia zakażenia ich nie dotyczy. Wiąże się to z psychologicznym efektem niedoszacowania relatywnie niskich prawdopodobieństw (Kahneman, 2003). Mimo wszystko nasz System ryzyko kompleksowo w rozumieniu algorhythmicznym (Gigerenzer, et al. 1998), więc otrzymany wynik nie podlega dalszej interpretacji, która była problematyczna dla lekarza, co dopiero mówić o pacjencie. W związku z tym komunikowanie ryzyka (Gigerenzer, Edwards, 2003) wydaje się być tym bardziej ważne, ponieważ nasza aplikacja podaje ryzyko abstrakcyjne. Należy poinformować użytkownika, czy otrzymany wynik to relatywnie wysokie/niskie ryzyko oraz co w największym stopniu wpływało na ocenę tego ryzyka.

6 Rozwijany przez nas Model zakażeń szpitalnych

Ze względu na zamkniętą sieć kontaktów międzyludzkich oraz występowaniem patogenów (HAI, czyli szpitalne zakażenia) specyficznych tylko dla tego typu miejsc, modelowanie zakażeń szpitalnych daje potencjalnie możliwości niedostępne przy chorobach dotyczących ogółu społeczeństwa. Autorzy książki jest w trakcie realizacji projektu, którego celem jest zmniejszenie liczby zakażeń szpitalnych do których dochodzi w polskich szpitalach poprzez stworzenie bezpłatnej aplikacji desktopowej (na licencji wolnej i otwartej wspierającej pracę epidemiologa szpitalnego w obszarze zakażeń szpitalnych (bakteryjnych, wirusowych, grzybiczych i pasożytycznych). Docelowym przeznaczeniem modelu jest odtworzenie najbardziej prawdopodobnych ścieżek zakażeń HAI (ang. hospital acquired infections) oraz klasyfikacja jednostek do różnych grup ryzyka. Problem jest powszechny, bo np. w roku 2012 liczba pacjentów szpitali wyniosła 7,9 mln według GUS z czego 5-10% uległo zakażeniu szpitalnemu. Dotychczasowa sprawozdawczość podmiotów medycznych w dziedzinie zakażeń szpitalnych była bardzo wybiórcza. Nawet jeśli są rejestrowane, często są ukrywane (80% szpitali nie przyznało się do ani jednego takiego zdarzenia w roku 2011). Korzystając w opracowaniach dostępnych raportów szpitalnych została wygenerowana mapa wiedzy dotycząca tych ryzyka zakażeń.



Rys 22. Sieć wiedzy Bayesa wygenerowana dla projektu [czynniki ryzyka występowania zakażenia] – [typy zakażeń związanych]. Źródło (Zygmunt & Valenta, 2005)

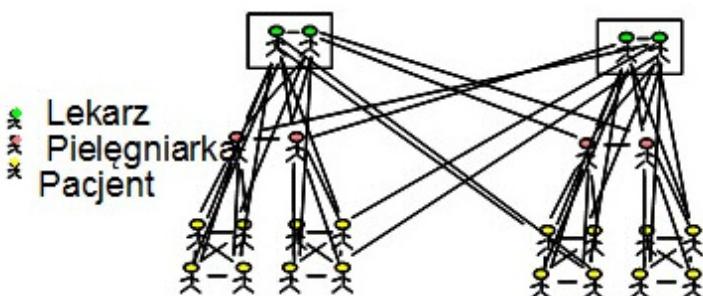
Ze względu na drogę wykorzystuj się w badaniu najważniejsze sieci kontaktów społecznych: pacjent-pacjent; pacjent – personel; pacjent – personel – pacjent, personel – pacjent; oraz dodatkowo w postaci poza zewnętrznego uwzględnimy środowisko – pacjent. Wszystkie patogeny przenoszone tymi ścieżkami kontaktu mogą być badane proponowanym oprogramowaniem, choć model testowany był pierwotnie na szpitalnych szczepach odpornych na antybiotyki szczepach bakterii MRSA (multi-odporny gronkowiec złocisty).

Największym problemem w budowaniu modeli w zakresie zdrowia publicznego jest brak indywidualnych informacji na poziomie pacjentów. Leczenie szpitalne jest kwestią indywidualną w związku z tym bardzo trudno o dostęp i administrację danych, w tym wypadku szczególnie wrażliwych. Tak więc jest wiedza o kontaktach społecznych i liczbie zarażeń, co akurat w miarę precyzyjnie jest rejestrowane. Natężenie kontaktów międzyludzkich w środowisku szpitalnym jest mierzone czasem takiego kontaktu (przebywanie w tej samej jednostce szpitalnej określona ilość czasu jest podstawą do modelowania).



Rys 23. Modelowe kontakty wewnętrzszpitalne: czas przebywania wspólnego w tej samej sali (klinice) jako miara siły kontaktu.

Do modelowania zakażeń szpitalnych wykorzystujemy rejestr przyjęć i wypisów poszczególnych pacjentów zawierających dokładne miejsce pobytu (sala) wraz z bazą rejestrowanych przypadków testów na posiadanie interesującego nas patogenu. Istnienie kontaktu między jednostkami daje możliwość przekazania patogenu, ale tego nie gwarantuje. W celu określenia warunków zarażenia należy zbudować mechanizm transmisji. W przypadku HAI dokładne dotyczące kontaktów między pacjentami (wyznaczonymi na podstawie przebywania w tej samej sali) są podstawowym źródłem dla funkcjonowania naszego algorytmu. Kontakty z personelem, będą stanowić uzupełnienie, ponieważ wiemy iż pracownicy szpitali ze względów prywatnych nie są skłonni na rejestrację w systemie i w zależności poziomu dostępu do danych epidemiologa ta informacja może zostać wprowadzona. Aby uzupełnić pośrednią rolę kadry (w przypadku braku twardych danych) dodaliśmy „wirtualne” kontakty na wyższym poziomie sąsiedztwa, czyli na poziomie klinik – w których zatrudniona jest kadra.



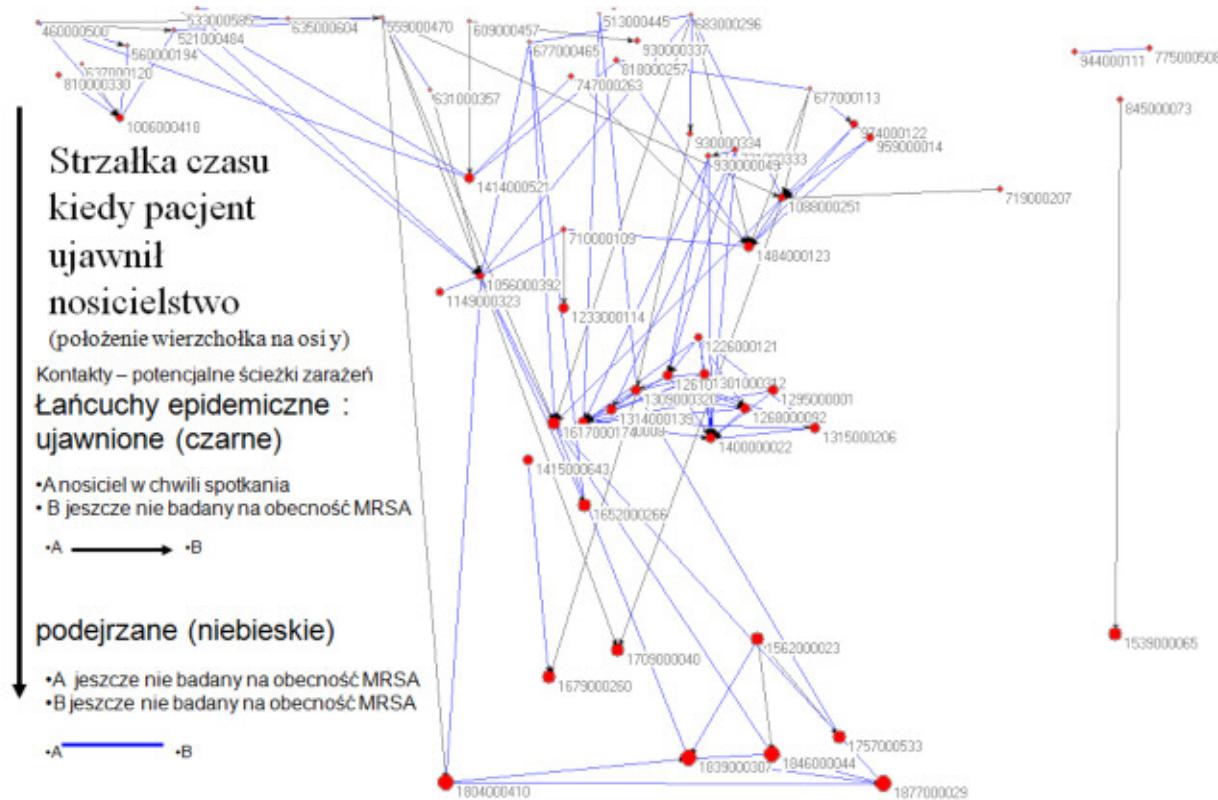
Rys 24. Modelowe kontakty wewnętrzszpitalne wskazujące na potencjalne ścieżki zarażeń między pacjentami oraz personelem. Źródło: (Jarynowski A., 2013)

Do modelowania zakażeń szpitalnych została zaimplementowana metodologia MCqMC (Monte Carlo quasi – Markov Chain) dzięki której możemy symulować sztucznie epidemie na empirycznym zbiorze danych. Jest to model typu SI (zgodnie z klasyfikacją modeli epidemiologicznych z rozdziału o teorii modelowania), ponieważ większość typów zakażeń szpitalnych jest odporna na leczenie. Prawdopodobieństwo przejścia ze stanu S do I jest dla agenta (reprezentującego pacjenta) i w chwili t opisywane jest funkcją:

$$p_i(t) = 1 - \exp \left(- \sum \sqrt{P_t(i,j)} s - \sum \sqrt{Q_t(i,j)} k - \sum \sqrt{P'_t(i,j')} m \right)$$

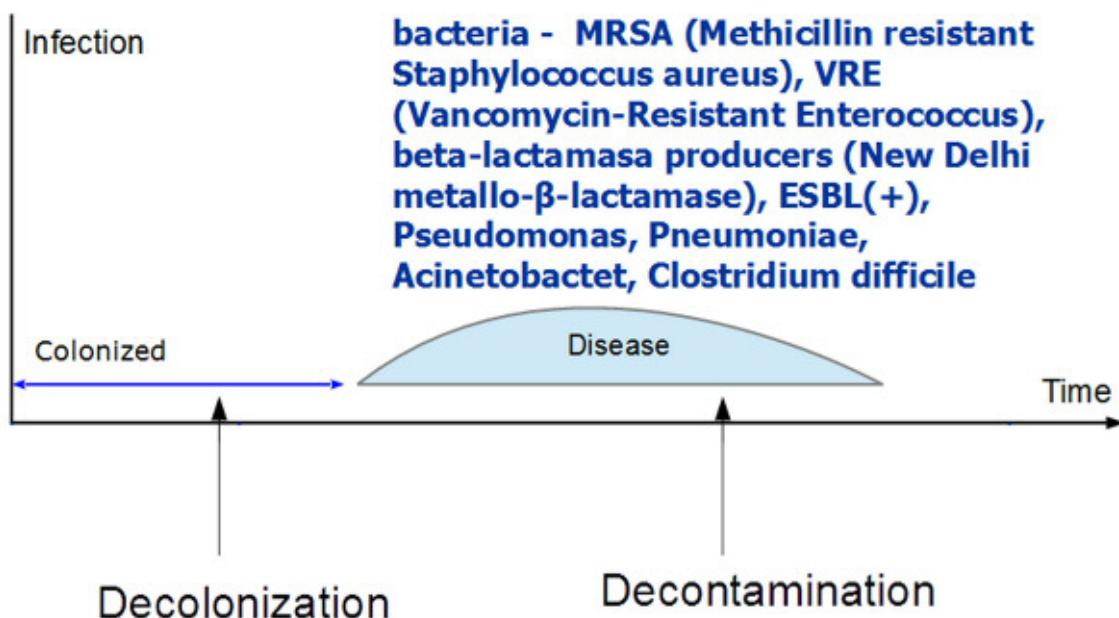
gdzie P jest macierzą kontaktów między zarażającymi na poziomie sal, Q na poziomie klinik a P' uwzględnia wszystkich potencjalnych pacjentów, a s , k , m są parametrami skalowania intensywności kontaktów na poszczególnych poziomach sąsiedztwa.

Wynikiem takiej symulacji są nie tylko wirtualne epidemie, ale również ścieżki zakażeń (z wielu realizacji należy wybrać najczęściej powtarzające się). Algorytm wymaga jednak uzupełnienia o nowe estymatory parametrów (dotychczasowa metoda najmniejszych kwadratów jest zbyt naiwna)..



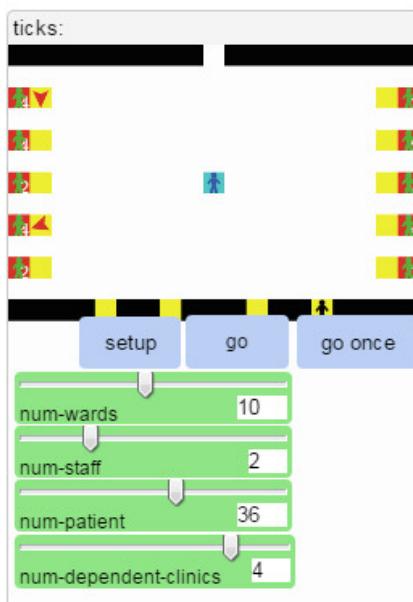
Rys 25. Przykładowe najbardziej prawdopodobne ścieżki zakażeń przy uwzględnieniu strzałki czasu
Opracowanie własne na podstawie danych z (Jarynowski, Liljeros 2015).

Brak spektakularnych wyników badań naukowych w obszarze zakażeń szpitalnych spowodowany jest między innymi złożonością schematów zakażeń (przykładowy schemat poniżej) i nie epidemicznym rozprzestrzenianiem się infekcji.



Rys 26. Typowy schemat historii choroby w kontekście zakażeń szpitalnych (Opracowanie własne)

Symulacja środowiska szpitalnego sama w sobie jest wyzwaniem, ale próby zamodelowania takiego układu zostały już podjęte. (Jaramillo, et al. 2015)



Rys 27. Demonstracyjna wersja edukacyjna programu przedstawiająca układ topologiczny jednego oddziału z salami - pierwsza gotowa innowacja (opracowanie własne).

6.1 Schemat podjętych badań i wdrożeń

W wyniku realizacji fazy badawczej udało się przeprowadzić analizy potwierdzające działania naszych algorytmów na zastanych danych uzyskanych od klientów instytucjonalnych. Wyzwaniem pozostaje wciąż sprawdzenie naszego systemu na zbieranych przez nas danych, na czy zamierzamy się skupić w fazie wdrożeniowej.

Nie wszystkie założenia dotyczące elementu naszego systemu dedykowanemu szpitalowi udało się osiągnąć zgodnie z planem. Największym problemem stała się dla nas standaryzacja danych do analizy, ponieważ każda jednostka przekazała nam zupełnie inne zestawy danych. Początkowo zakładaliśmy, że platforma P1 tworzona przez ministerstwo zdrowia oraz ministerstwo cyfryzacji, która planowo miała już funkcjonować w 2017 (przynajmniej tak wynikało z naszej wiedzy w momencie przygotowywania projektu w roku 2014), wciąż nie istnieje i nie wiadomo kiedy powstanie. W związku z tym, nie ma jednego powszechnego protokołu przekazywania danych w polskich szpitalach, a w efekcie pewne funkcjonalności naszej aplikacji desktopowej nie mają prawa w pełni funkcjonować (automatyczny import mikrobiologii, pobieranie struktury pobytowej z dokładnością do miejsca). Pewne problemy pojawiły się również z rekrutacją szpitali. Przykładowo w jednym ze szpitali zażądano od nas za czynność, którą student informatyki wykona w kilka godzin ponad 6tyś zł. Powzięto działania naprawcze, poszerzając naszego odbiorcę o klienta instytucjonalnego oraz oddaliśmy część funkcjonalności naszego systemu pacjentowi. Jednakże to w „końcówce” dla szpitala pokładana jest największa nadzieję i pomimo trudności i zmiany planu operacyjnego (z aplikacji uniwersalnej na produkt dedykowany) przystąpiliśmy do testów działania systemu. **Zamiast ogólnego rozwiązania, oferujemy rozwiązanie dedykowane – sztyte na miarę.**

Sztuczna inteligencja w postaci rozwijanych przez nas regresyjnych algorytmów decyzyjnych może podnieść rzetelność analiz dzięki automatyzacji procesów i wykrywaniu nowych zależności w ustrukturyzowanych zbiorach danych, co zostało pokazane w opracowaniu dotyczącym zakażenia miejsca operowanego, czy analizie postrzegania izolacji standardowej. Aplikacja dla szpitala pozwala na statyczne (punktowe) szacowanie ryzyka wewnętrz polskich szpitali na podstawie wypracowanej miary ryzyka - odpowiednik Google Page Rank z wysymulowanymi ścieżek zakażeń (Fronczak & Fronczak, 2009).

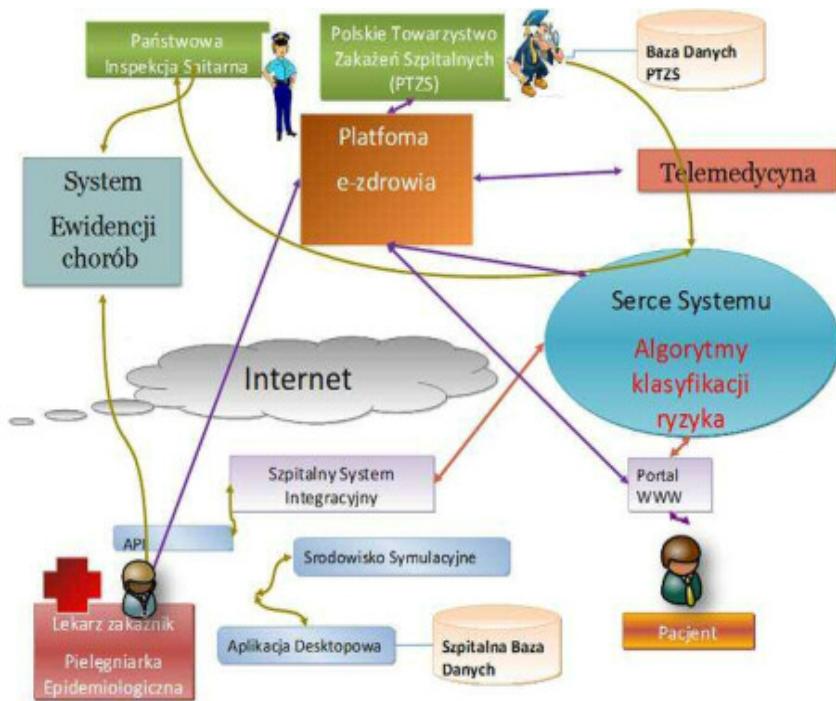
Docelowo wdrażany system dotyczy szpitala i składa się z algorytmu szacowania ryzyka indywidualnego oraz strukturalnego na wystąpienia ogniska oraz modułu zmiany (interwencji). System dla zespołu zakażeń składa się z 3 części:

- ankieta inicjacyjna (konieczna do opisania szpitala);
- symulacja w netlogo (opcjonalna platforma testowania niestandardowych scenariuszy, zawierająca moduł zmiany);
- aplikacja desktopowa (właściwy program do bieżącej administracji danych i tworzenia raportów).

Algorytm działa na podstawie zadeklarowanej w procesie inicjacji struktury organizacyjnej (kwestionariusz webowy) oraz danych na bieżąco zaciąganych ze szpitalnego systemu informatycznego: rejestru przyjęć i zwolnień pacjentów z poszczególnych jednostek podległych szpitala (sale, kliniki itp.), wyników badań mikrobiologicznych, dyżurów personelu medycznego. W module zmiany możliwe jest testowanie wrażliwości układu np. na patogeny których nie odnotowano jeszcze w danym szpitalu oraz dokonywanie wirtualnych zmian w strukturze organizacyjnej. Główną informacją zwracaną użytkownikowi docelowemu jest podatność indywidualną i globalną jednostek i miejsc na występowanie ognisk, liczona jako sieciowa miara ryzyka dla jednostek szpitala będącą wypadkową potencjalnych ścieżek zakażeń. Zewnętrzne dane w zakresie regionalnej epidemiologii szpitalnej oraz sieci transferów między szpitalami uzyskano od m.in. Stacji Sanitarno-Epidemiologicznej.

W związku z dostępem do dodatkowych zestawów danych szpitalnych, projekt SIRS-Z uzyskał nowe funkcjonalności odnośnie szacowania ryzyka zakażeniem pacjentów dostosowanych do polskich uwarunkowań. Oferujemy dodatkowo elementy szacowania prawdopodobieństwa zakażenia wciąż innowacyjne w Polsce, ale już częściowo opisane w literaturze światowej i jest w tym sensie zajmujemy się pionierskim narzędziem, choć elementami dostępnym już w służbie zdrowia w krajach rozwiniętych

Możliwym efektem w kontekście promocji zdrowia, byłoby przekazanie informacji spersonalizowanej bez udziału człowieka, aczkolwiek opartej na faktach np. o zwiększym narażeniu na zakażenie. Proponowany system mógłby uzupełnić obecny system monitoringu sprawozdawanego do Państwowej Inspekcji Sanitarnej o interfejs użytkownika nie instytucjonalnego.



Rys 28. Schemat kalkulatora ryzyka choroby zakaźnej w systemie SIRS-Z (opracowanie własne, a motyw graficzne: źródło - Internet)

W wyniku fazy badawczej zidentyfikowaliśmy główne czynniki motywujące szpitale do skorzystania z naszej oferty są to:

- możliwość zdobycia dodatkowego wynagrodzeni przez pracowników
- możliwość poszerzenia dorobku naukowego
- optymalizacja kosztów działania
- strategia usprawnienia działania poprzez kompleksową informatyzację szpitala

W fazie badawczej w trakcie rekrutacji wykorzystywaliśmy głównie czynniki a. i b. jednak nasza oferta (finansowa i badawcza) dla części wiodących podmiotów była niewystarczająca w stosunku do koniecznych nakładów pracy.

Ponadto taka forma motywacji jest krótkotrwała i należy założyć, że z ustanowieniem projektu zakończy się również korzystanie z systemu. W naszej ocenie o trwałości projektu zadecyduje pozyskanie partnerów, których w głównej mierze motywują czynniki c. (szpitale prywatne) i d. (szpitale, które otrzymały specjalne dotacje) i takich jednostek będziemy poszukiwali w fazie wdrożeniowej. Udział w projekcie tak renomowanej jednostki jak Szpital Uniwersytecki w Krakowie oraz liczne publikacje wypracowane w fazie badawczej będą nam ułatwiały to zadanie, ponieważ uwierzągadniają prezentowane rozwiązanie.

Nie liczymy jednak na to, że nasze rozwiązanie zacznie w najbliższym czasie być powszechnie stosowane w Polskich szpitalach ze względu na:

- brak interoperacyjności między zadeklarowanym rejestrzem danych wejściowych, a faktycznym stanem rejestracji danych przez szpitale polskie (wieloletnie opóźnienie projektu P1 – który zgodnie naszą wiedzą w

momentie składania wniosków miał powstać w roku 2017 oraz brak konsekwencji w polskiej adaptacji protokołu HL7),

- dużą niejednoznaczność wyników działania programu przy pracy na niepełnych danych.
- brak regionalnych, czy centralnych baz wymiany danych o zakażeniach, co osłabia zdolności predykcyjne algorytmu, przez ucinanie historii pacjentów

W celu uzyskania efektu synergii zaproponowaliśmy regionalny system monitorowania zakażeń szpitalnych dla Państwowej Inspekcji Sanitarnej czy Polskiego Towarzystwa Zakażeń Szpitalnych i oferujemy jego darmowe wdrożenie. W efekcie opracowując algorytmy szacowania ryzyka na gromadzonych przez te instytucje danych, powstają wartościowe publikacje naukowe oraz projekty regionalne wykorzystujące techniki cyfrowej epidemiologii.

Poza aplikacją szpitalną w wyniku projektu powstała również końcówka dedykowana pacjentowi, która jest w zasadzie produktem ubocznym naszego systemu.

Należy jednak zaznaczyć, że w dobie wszechobecnych aplikacji prozdrowotnych dedykowanych użytkownikom Internetu obserwujemy, że na rynku polskim wciąż brakuje kalkulatorów ryzyka zakażeniami dlatego, więc końcówka naszego systemu dla pacjenta, która już na wstępie została przyjęta pozytywnie (nagrody na najlepszą aplikację prozdrowotną: Wrocławskie Dni Zdrowia Publicznego i Warszawskie Dni Promocii Zdrowia) i daje szanse na dotarcie do dużej grupy pacjentów. Coś co jest trochę produktem ubocznym naszego systemu, ma prawdopodobnie największy potencjał rozwojowy z powodu braku barier oraz brakiem podobnych rozwiązań na Polskim rynku (nagrody na najlepszą aplikację prozdrowotną: Wrocławskie Dni Zdrowia Publicznego i Warszawskie Dni Promocii Zdrowia). Rozbieżność z opisem planowego wdrożenia polega na tym, że końcówka pacjencka jest produktem ubocznym rozwijania całego systemu, a mimo wszystko została od razu przyjęta przez środowiska pacjenckie. Jej powstanie Powstanie końcówki było efektem obserwacji potrzeby społecznej na tego typu usługi, czego akurat nie można powiedzieć o polskich szpitalach, które w zdecydowanej większości nie są zainteresowane żadną innowacją nie wymuszoną prawnie, bądź nie reperujących doraźnie ich budżetu.

Upowszechnienie wyników projektu, w perspektywie długofalowej będzie w literaturze naukowej oraz krótkofalowo konferencyjnie i seminaryjnie. Projekt ma charakter interdyscyplinarny, i tak główny naukowy sukces fazy badawczej dotyczący wpływu tymczasowości sieci kontaktów na dynamikę propagacji zostanie opublikowany w czasopiśmie matematycznym, tak główne wyniki wdrożenia planujemy skierować do środowiska medycznego. Końcówka pacjencka doczekała się już zainteresowania medialnego, m.in. w związku z uzyskanymi wyróżnieniami, czy organizowanym przez nas konkursem i możliwe jest dalsze zainteresowanie medialne. Aplikacja szpitalna oraz pacjencka jest i będzie w dalszym ciągu udostępniana na stronie internetowej projektu oraz w repozytorium GitHub.

CZĘŚĆ DOŚWIADCZALNA – WYKONANE WŁASNE BADANIA I WDROŻENIA

7 Badanie teoretyczne Analiza kontaktów tymczasowych

W celu przygotowania modeli sieci społecznej można wykorzystać dane eksperymentalne zebrane w Polsce (Grabowski & Rosinska, 2012) w ramach projektu POLYMOD (Mossong & Rosinska, 2008). Badania ankietowe były przeprowadzone przez Narodowy Instytut Zdrowia Publicznego - Państwowy Zakład Higieny (NIZP-PZH). W przeprowadzonych w Polsce badaniach ankietowych wzięło udział 1012 osób, które zarejestrowały dane o 16501 kontaktach. Uczestnicy badań ankietowych byli rekrutowani przez profesjonalnych ankieterów, którzy odwiedzali losowo wybrane gospodarstwa domowe. Osoby do badania były dobrane w taki sposób, aby uwzględnić strukturę demograficzną Polski. Każdy z uczestników otrzymał dzienniczek w którym odnotowywał informacje na temat bezpośrednich kontaktów interpersonalnych, które miały miejsce jednego, losowo wybranego dnia. Ochotnicy biorący udział w badaniu odnotowywali takie informacje jak: całkowity czas kontaktu z daną osobą w ciągu dnia orazczęstość tych kontaktów.

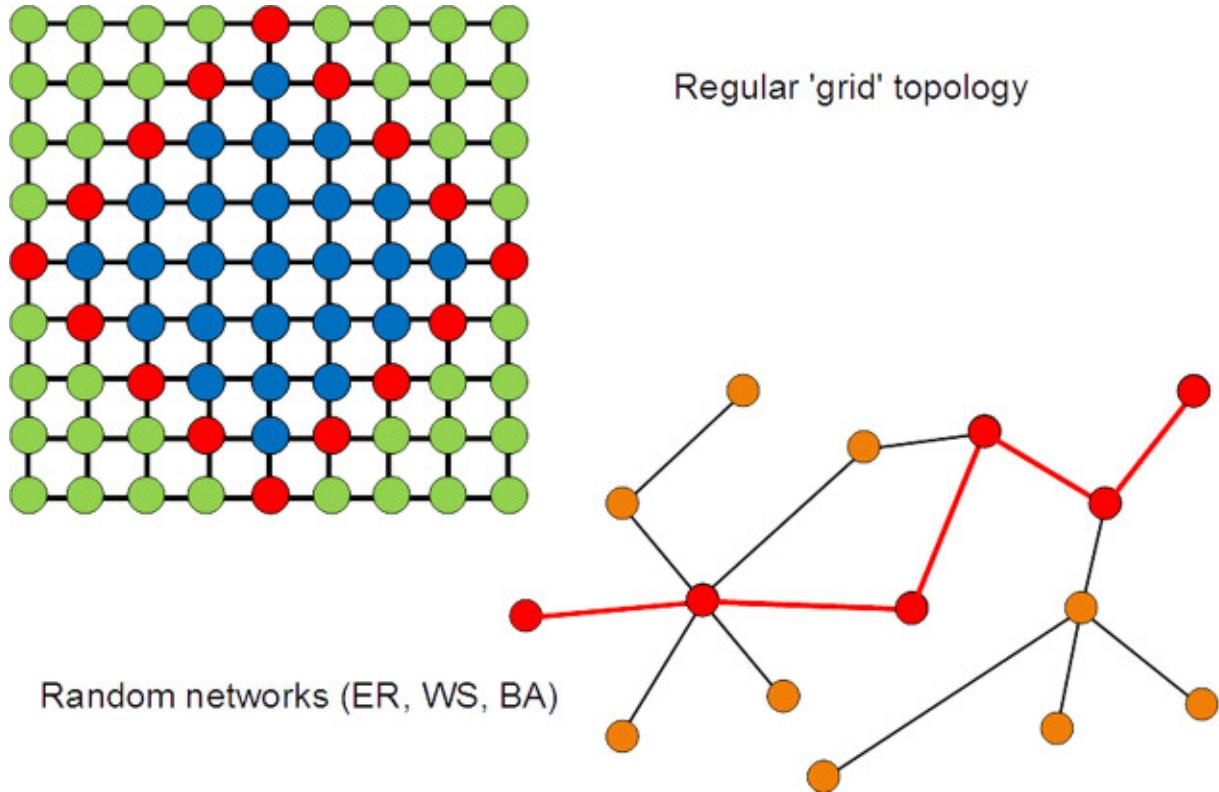
Przeprowadzona analiza wyników powyżej opisanych badań ankietowych pokazała, że badana sieć ma trójpoziomową strukturę kontaktów interpersonalnych: (a) kontakty codzienne (z ludźmi, których spotykamy niemal każdego dnia; stanowią one 72.4% wszystkich kontaktów); (b) kontakty sporadyczne (z ludźmi, których spotykamy kilka razy w miesiącu; stanowią one 16.3% wszystkich kontaktów) oraz (c) kontakty przypadkowe (z ludźmi których spotykamy po raz pierwszy; stanowią one 11.3% wszystkich kontaktów).

Wartości liczbowe rozkładów prawdopodobieństwa $P(w)$ są przedstawione w Tabeli poniżej. Uzyskane wyniki pokazują, że czas trwania kontaktu jest silnie skorelowany z częstością jego występowania.

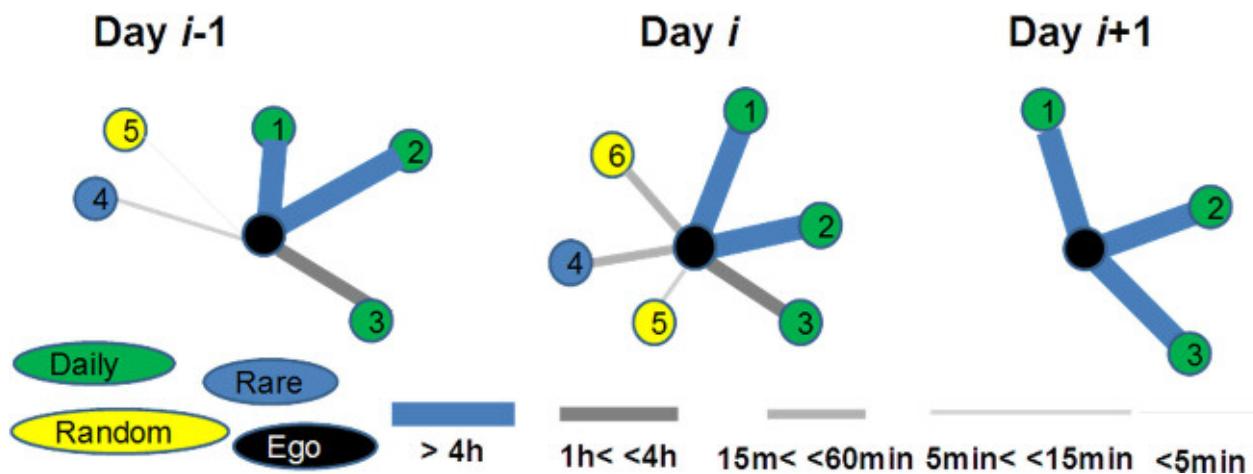
Lp. (waga połączenia)	Wszystkie kontakty	Kontakty codzienne	Kontakty sporadyczne	Kontakty przypadkowe
1 (5/(24 x 60))	0.14	0.10	0.20	0.31
2 (10/(24 x 60))	0.18	0.14	0.26	0.34
3 (40/(24 x 60))	0.19	0.17	0.30	0.21
4 (2.5/24)	0.19	0.20	0.20	0.10
5 (4/24)	0.30	0.40	0.03	0.04

Tabela 1 Rozkłady prawdopodobieństwa opisujące wagi połączeń dla kontaktów o różnej częstości występowania. Każdy element macierzy zawiera odsetek kontaktów o określonej częstości występowania i wagę (czasie trwania), np. 14% wszystkich kontaktów trwało krócej niż 5 minut. Źródło: (Grabowski & Rosinska, 2012)

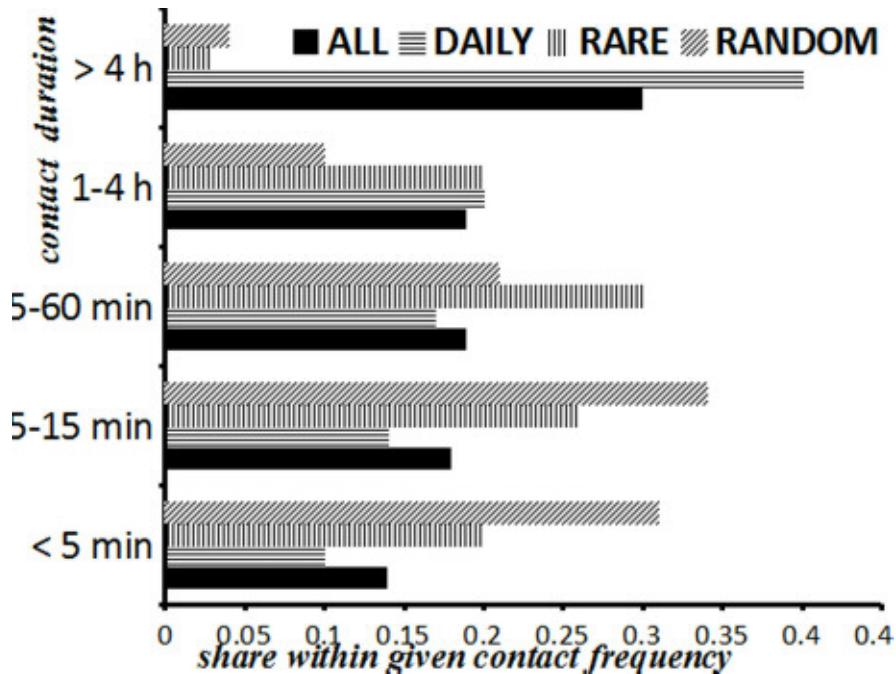
Na podstawie tego badania ułatwione będzie modelowanie procesów w których kontakt fizyczny jest potrzebny (jak przenoszenie chorób), dzięki rozkładowi natężenia poszczególnych kontaktów.



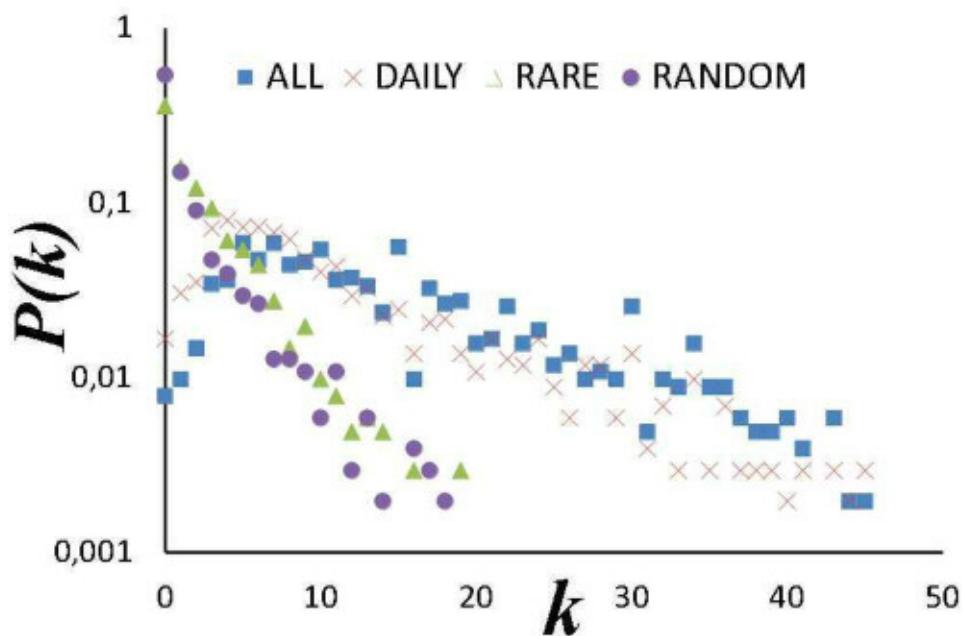
Rys 29. Schemat propagacji na siatce (po lewej) z kolorami zgodnie ze schematem S (zielony), I (czerwony), R (niebieski) (opracowanie własne)



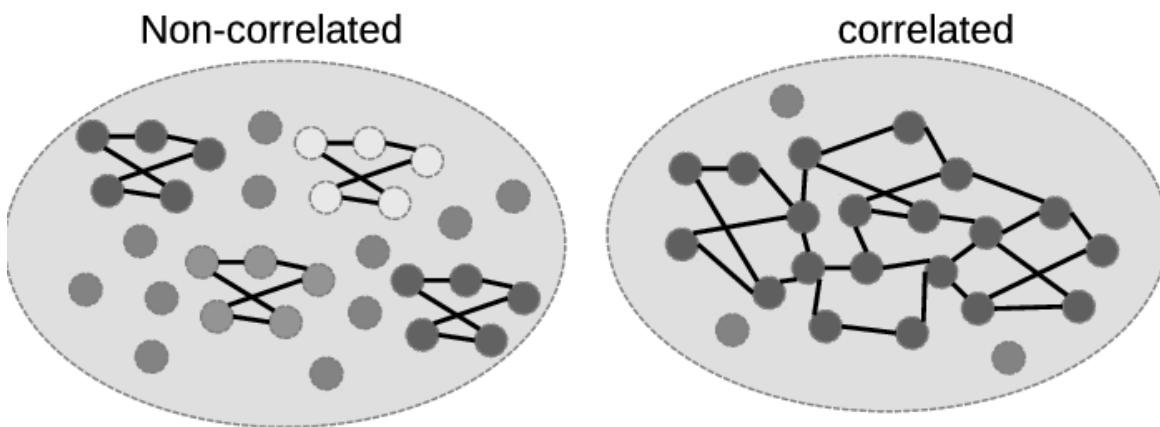
Rys 30. Sieci Ego dynamiczne z wywiadów (opracowanie własne na podstawie X3)



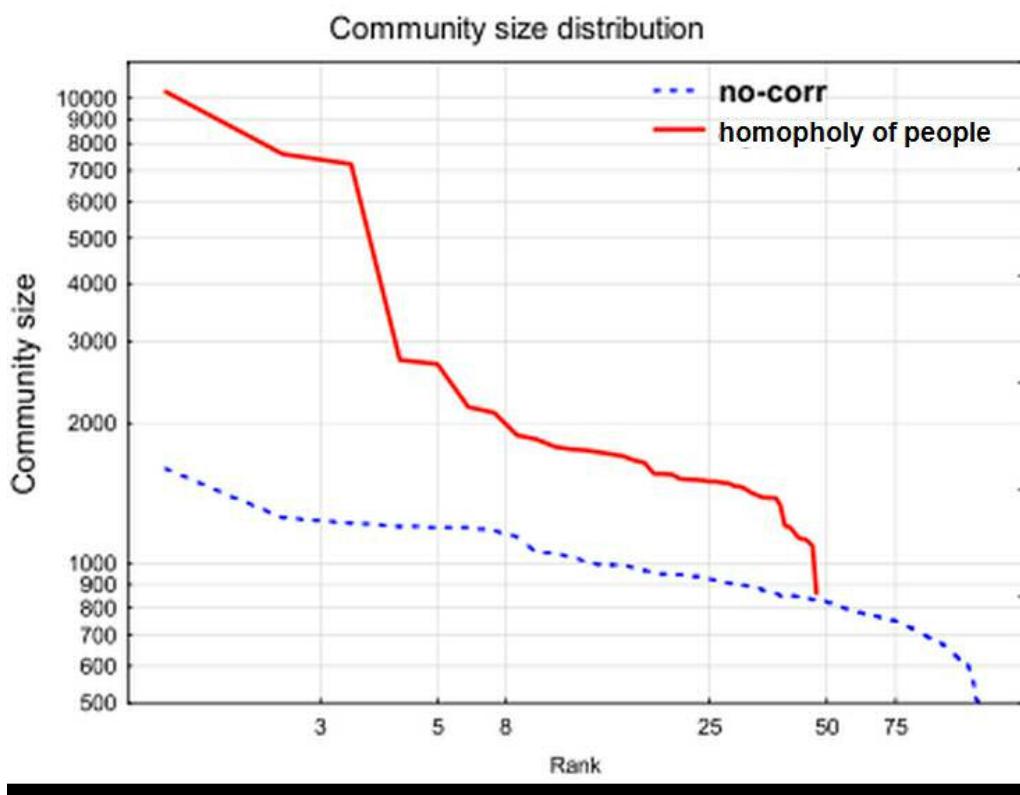
Rys 31. Statystyki kontaktów ze względu na ich powtarzalność oraz intensywność (opracowanie własne na podstawie C3)



Rys 32. Rozkłady kontaktów ze względu na ich powtarzalność (opracowanie własne na podstawie C3)



Rys 33. Tworzymy z sieci dynamicznych sieci Ego sieć między potencjalnymi osobami (pacjentami/personelem). Możemy wymusić połączenia między osobami poprzez preferowane dołączanie, tak żeby kontaktowały się częściej ze swoimi rówieśnikami (np. pacjenci-pacjenci, personel-personel) (opracowanie własne na podstawie C3)



Rys 34. Struktura społeczności (wykrytych za pomocą algorytmów detekcji społeczności) (opracowanie własne na podstawie C3)

Badamy zależność dynamiki połączeń (rzeczywistego umiejscowienia kontaktów w czasie) oraz istotności czasów trwania kontaktów w stosunku do sieci statycznej, bez wag kontaktów. Taki uproszczony obraz jest często analizowany przez epidemiologów szpitalnych, ze względu na ograniczenia percepcyjne ludzkiego przetwarzania informacji.

Wyniki naszych symulacji przedstawiają różnice między podstawowymi modelami propagacji wykorzystywany w modelowaniu chorób zakaźnych:

Epidemic (SIR) – Model Epidemii ty SIR



prawdziwa ewolucja przełączeń – sprzyja propagacji

prawdziwe czasy trwania kontaktów – spowalnia propagację

Model Isinga dynamiki ludzkiej



prawdziwa ewolucja przełączeń bez prawdziwych czasów trwania – sprzyja propagacji

brak prawdziwych czasów trwania – przeciwdziała propagacji

Rumor - Model typu plotki



prawdziwa ewolucja przełączeń – spowalnia propagację ,

prawdziwe czasy trwania kontaktów- spowalnia propagację

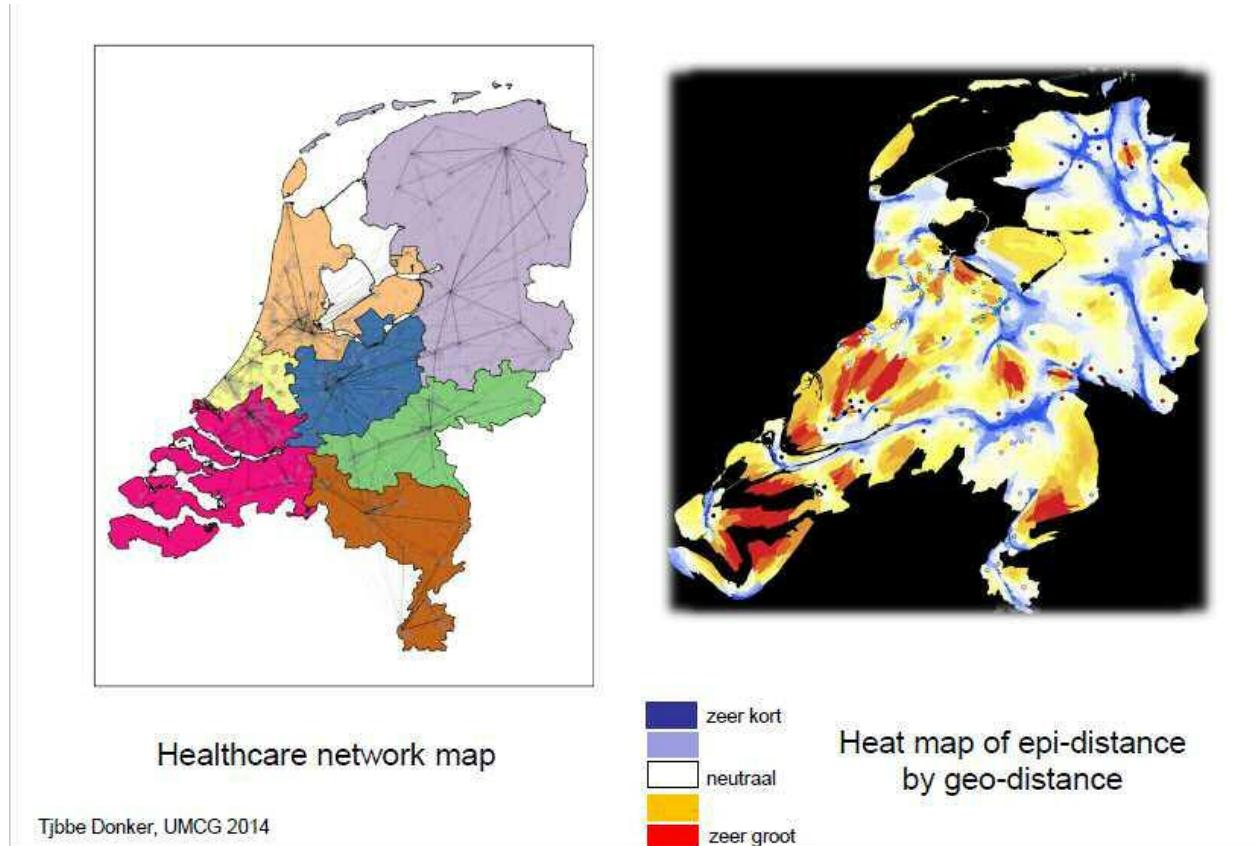
7.1 Najważniejsze efekty badania teoretycznego

- Tymczasowość ma znaczenie i nie należy jej pomijać w modelach rozprzestrzenienia się chorób
- Należy zauważać, że te same czynniki tymczasowości w różnych modelach propagacji chorób mają odwrotny efekt (Model SIR a model Rumor).
- Artykuł na ten temat to C3, a kody plików źródłowych analizy tu:
http://platforma.sirsz.pl/pluginfile.php/262/mod_folder/content/0/sieci_tymczasowe_propagacja.zip?forcedownload=1

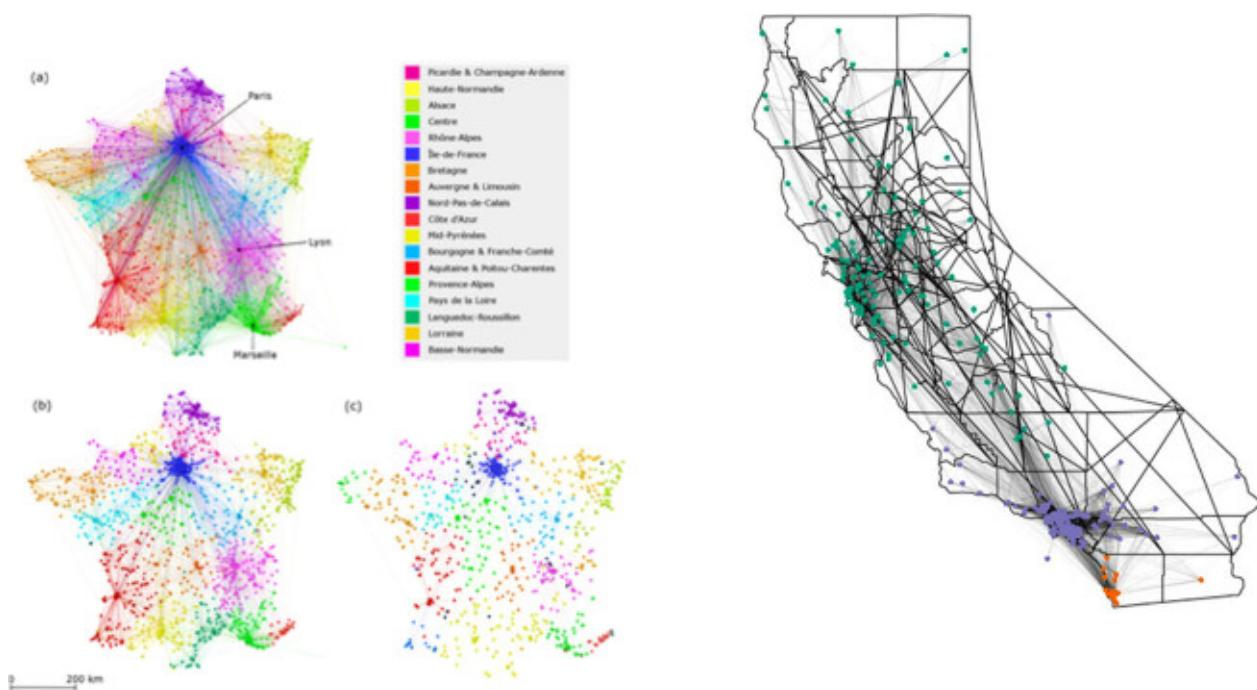
8 Badanie literaturowe sieci szpitalnych

Od powstania ostatniego powszechnego artykułu przeglądowego o modelowaniu zakażeń szpitalnych minęło ponad 10 lat (Grundmann, Hellriegel, 2006), zwłaszcza że nastąpiło przesunięcie metodologii z równań różniczkowych na metody sieciowe. Pikanterii dokłada fakt, że bardzo często wnioski z różnych analiz są wręcz przeciwnie i np. wciąż horyzontalny/wertykalnych układ kadry może w Japonii przynosić odwrotny wkład niż w Europie. Ostatnio dużą popularność mają badania sensoryczne, gdzie kontakt mierzony jest przez ubieralne czujniki. My wykorzystujemy predefiniowane wagę między różnymi poziomami kontaktów właśnie na podstawie badań sensorycznych we Włoszech i Francji (SOCIOPATTERNS). Największe osiągnięcia w dziedzinie modelowania zakażeń mają jednak Holendrzy. W tym małym kraju prowadzi się najaktywniejszą politykę zwalczania i modelowania HAI. M.in. na przyjęciu każdego pacjenta bada się go obecność, np. MRSA. Dzięki temu, skądinąd bardzo kosztownemu zabiegowi, można każdorazowo ustalić sposób postępowania z pacjentem. Każdy szpital jest tam właściwie jednostką

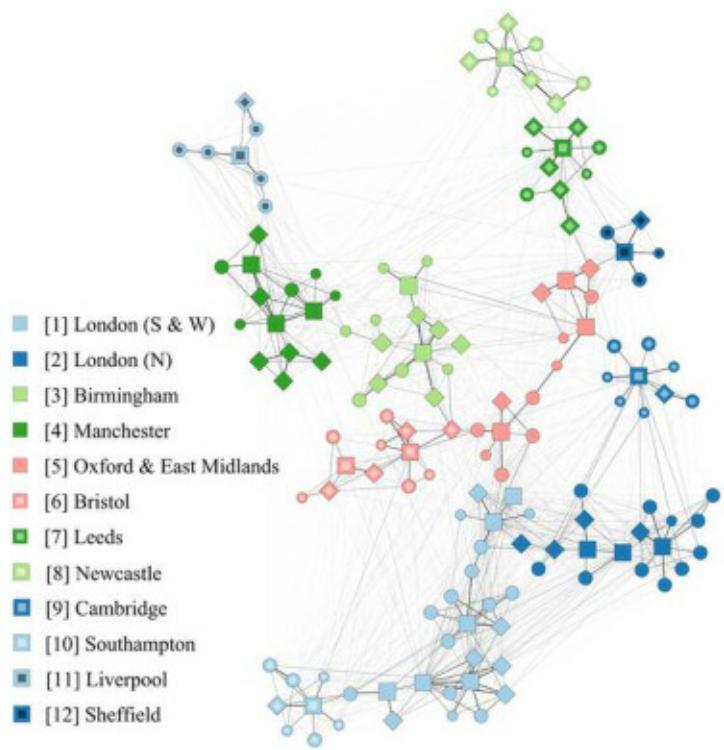
badawczą, więc liczba innowacji prowadzonych tak jest ogromna i wiele ma związek właśnie z metodami intelligentnymi.



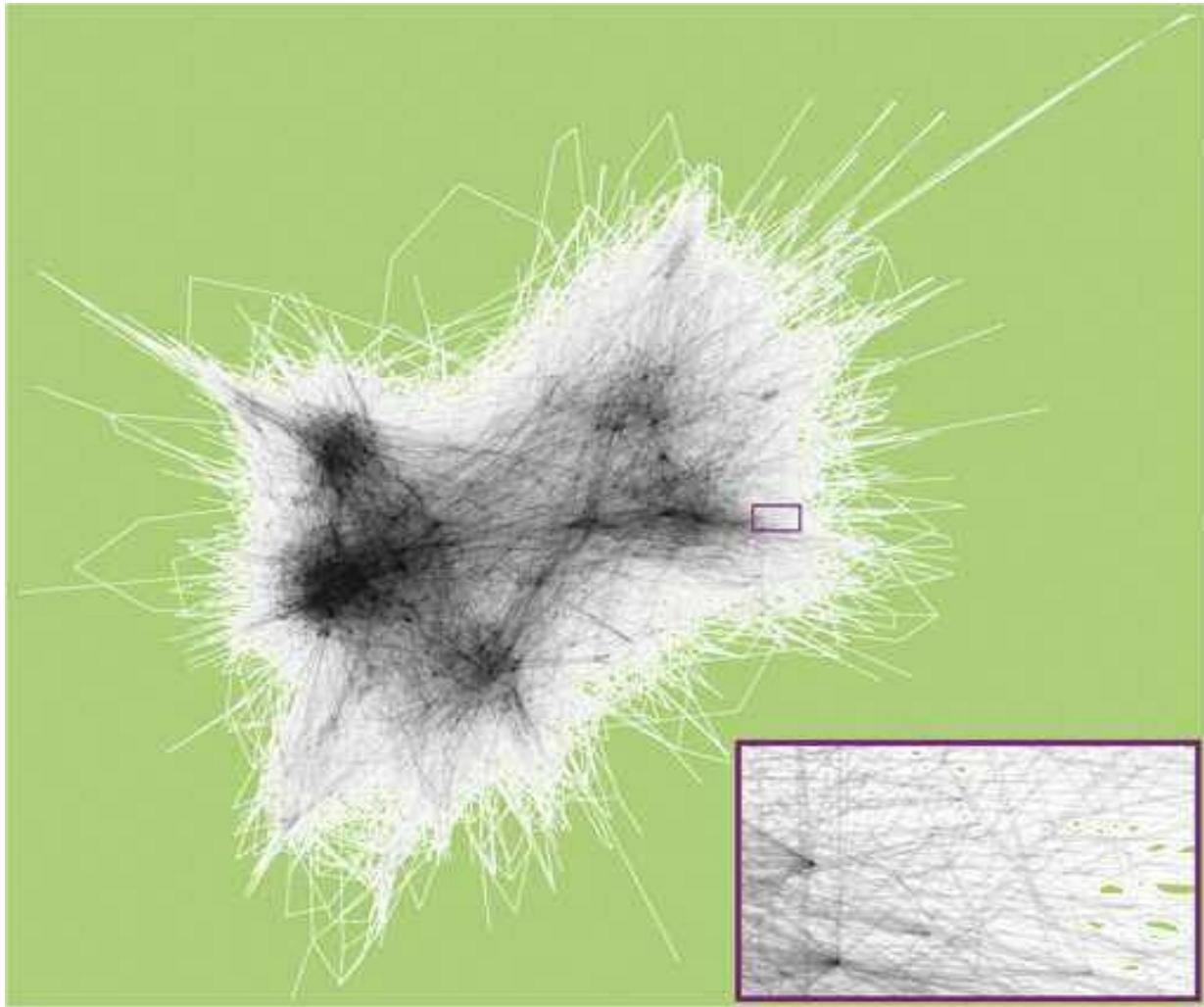
Rys 35. Rola sieci regionalnych – Ministerstwo Zdrowia dostosuje podział administracyjny kraju na podstawie analizy wykonanej przez grupę T. Donkera wykorzystującą rzeczywisty przepływ pacjentów. (źródło: T. Donker)



Rys 36. Sieci przepływu pacjentów: (lewy) we Francji (źródło: Nekkap), (prawy) w Kalifornii (źródło: Lee)

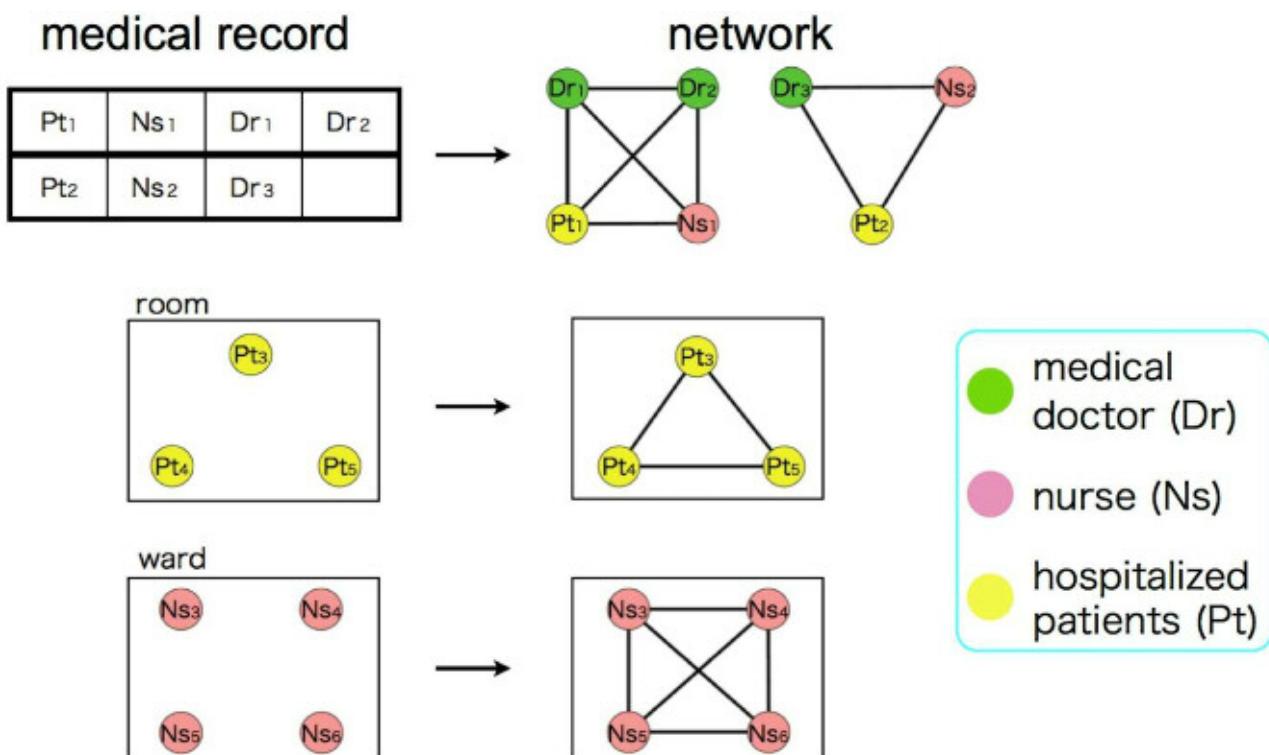


Rys 37. Mapa transferów pacjentów między szpitalami angielskimi (źródło: T. Donker)

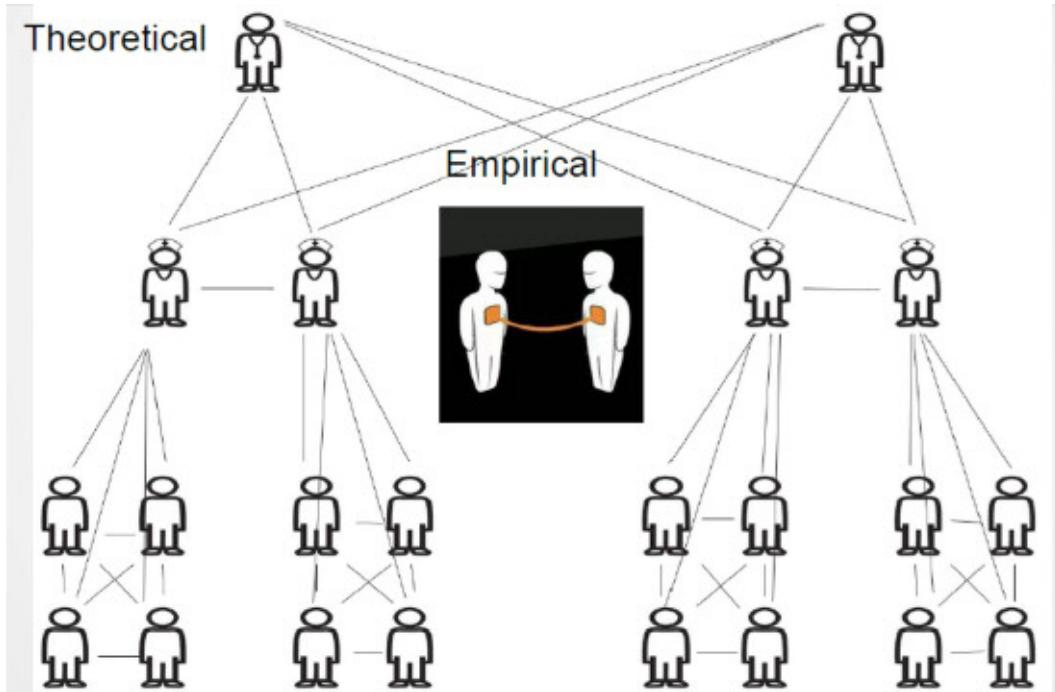


Rys 38. Poziom skomplikowania przepływu pacjentów między jednostkami medycznymi (Ohst, et al. 2014)

Na poziomie wewnętrzszpitalnym kontakty również są zbierane i wykorzystywane w modelowaniu.

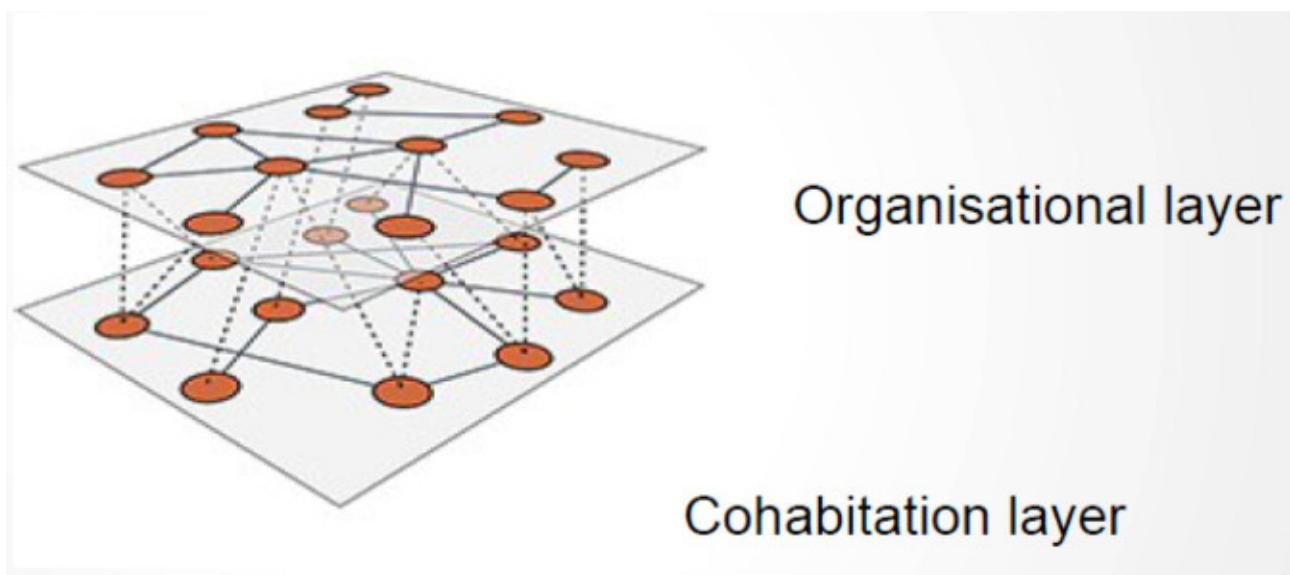


Rys 39. Model kontaktów wewnętrzszpitalnych w koncepcji Masudy (źródło: Masuda)



Rys 40. Rozkrok między sieciami teoretycznymi (hierarchicznymi) a empirycznymi (sensorycznymi). (opracowanie własne z wyjątkiem grafiki sensorów - źródło Internet)

Wypracowaliśmy koncepcję połączenia modelu teoretycznego (warstwa organizacyjna) w modelem kontaktów przez przebywanie w jednym pomieszczeniu



Rys 41. Sieć szpitalna wielowarstwowa (Opracowanie własne)

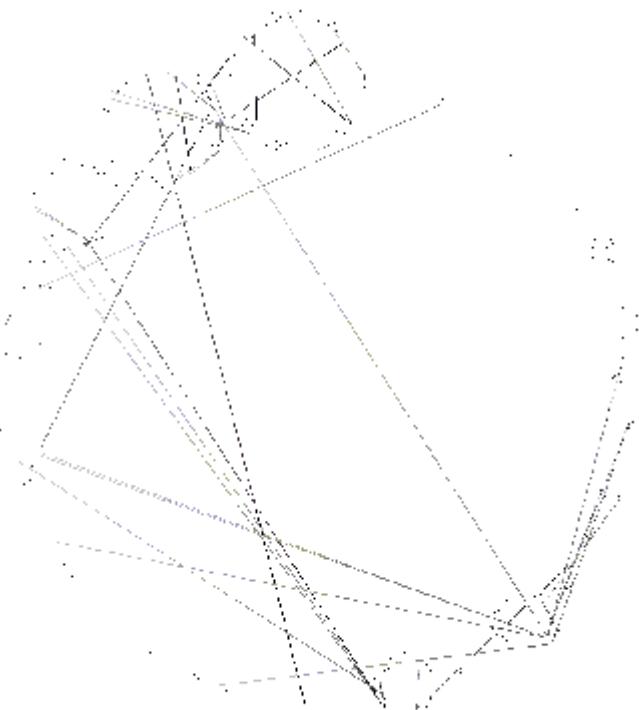
8.1 Najważniejsze efekty analizy literaturowej

- Istnieją już instytucjonalne narzędzia do analizy sieciowej szpitali, np. w Holandii
- Znaleźliśmy lukę w badaniach w połączeniu sieci organizacyjnych z sieciami przebywania w tych samych miejscach

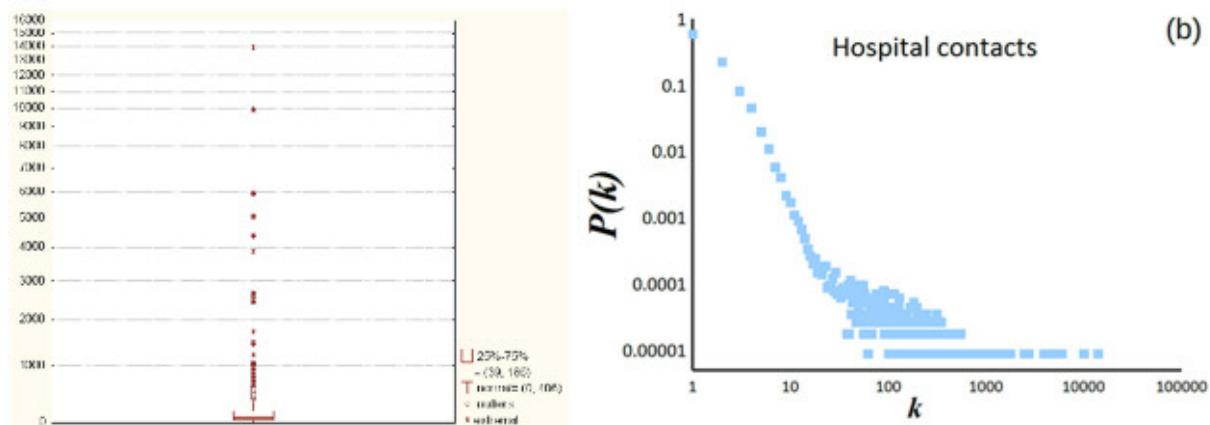
9 Badanie nr 1 Analiza danych szwedzkich (Sztokholm/Paryż)

Przykładem danych na których pracowaliśmy, jest baza danych wszystkich rejestrowanych hospitalizacji w obrębie hrabstwa sztokholmskiego, gdzie zawarte są informacje o dacie przyjęcia i zwolnienia oaz kod jednostki szpitalnej każdego pacjenta. Dla uzmysłowienia skali projektu zaznaczmy, że przez rejestr (przez 7 interesujących nas lat) przewinęło się ponad 2 miliony pacjentów, co stanowi ponad 70% populacji hrabstwa). Ujęcie globalne pozwoliło na detekcję zakażeń które nastąpiły w wyniku przeniesienia skolonizowanego/zarażonego pacjenta z jednej jednostki szpitalnej do drugiej. Zgodnie ze schematem epidemiologii HAI a dokładnie MRSA (ponad 2000 przypadków) uwzględniliśmy bezpośrednie relacje między pacjentami w przebywającymi w poszczególnych jednostkach (salach, czy klinikach) oraz pośredni wpływ personelu jako wektorów zarażenia. W przypadku wielu HAI, należy poza kontaktami społecznymi uwzględnić pozaludzie rezerwuary patogenu (jak środowisko), co niezmiernie utrudniło by modelowanie). Niestety w tym jak i w wielu innych europejskich projektach, kadra szpitalna nie zgodziła się na rejestrowanie jej czynności prawdopodobnie ze względu na lęk przed indywidualnymi konsekwencjami, wynikającymi z ujawnienia personalnej roli poszczególnych osób szerzeniu epidemii. Również dane o typie jednostki medycznej były tu niedostępne.

Warunki do modelowania między Szwecją a Polską różnią się znacząco. Porozumienie krajów nordyckich: Szwecja, Dania, Norwegia, Finlandia i Islandia wypracowały wspólny system identyfikacji obywateli wykorzystywany również w służbie zdrowia. Każdy obywatel posiada indywidualny numer (Personnummer) i każda czynność obsługiwana przez państwową służbę zdrowia jest rejestrowana z tym numerem w krajowej centralnej bazie danych. Istnieją tam też krajowe centra kontroli zakażeń, które koordynują działania prewencyjne oraz zarządzają sytuacją kryzysową. Z tego względu, to właśnie tam pierwsze epidemiologiczne modele HAI znalazły zastosowanie i tak epidemia MRSA w szpitalach Kopenhagi stała się materiałem dydaktycznym dla europejskich adeptów epidemiologii. Oczywiście do analizy danych używa się anonimowych identyfikatorów personalnych, które jednak w każdej chwili mogą zostać odszyfrowane przez administratora danych. Ze względu na szczegółowość rejestrowanych danych, symulacje komputerowe są prowadzone praktycznie przed każdą ważniejszą decyzją służb epidemiologicznych. Co więcej, na podstawie modeli można budować najbardziej prawdopodobne ścieżki zakażeń, a co za tym idzie oznaczać najbardziej prawdopodobne umiejscowienie w łańcuchu epidemicznym każdego zakażenia.

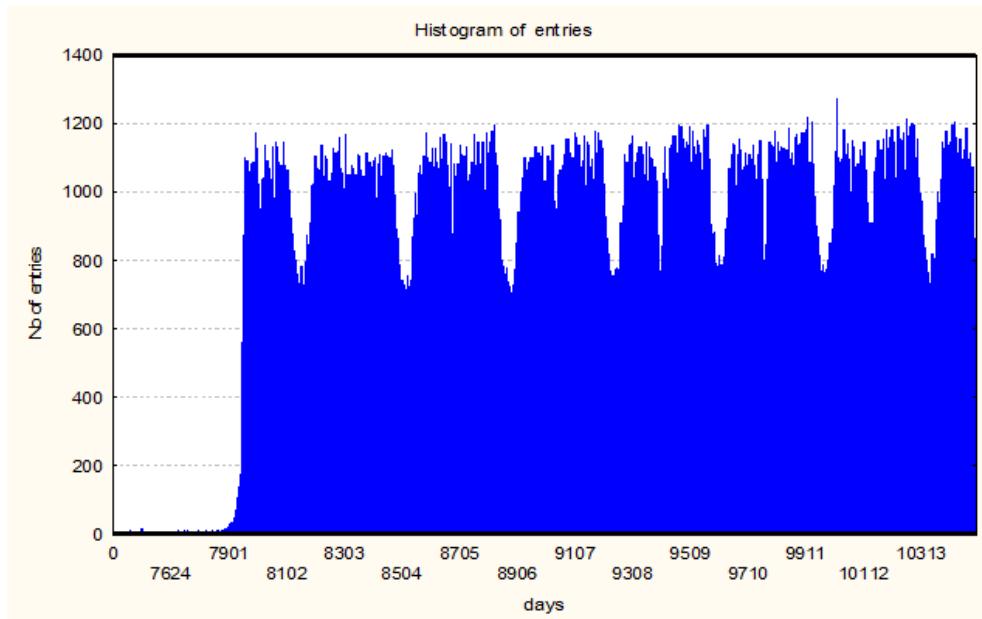


Rys 42. Układ przemieszczeń pacjentów między poszczególnymi jednostkami szpitalnymi (opracowanie własne przy współpracy z F. Liljerosem)



Rys 43. (Lewy) Boxplot liczby kontaktów zakażonych z resztą populacji szpitalnej. (Prawy) Rozkład częstotliwości krotności wierzchołka (liczby kontaktów) zakażonych z resztą populacji. (opracowanie własne przy współpracy z F. Liljerosem, A1 i X3)

W badanej populacji zakażonych odnajdujemy osoby, które były w kontakcie z ponad 10 000 innymi pacjentami, które mogą pełnić rolę hubów lub super-spreaderów.



Rys 44. Sezonowość przyjęć do szpitali (opracowanie własne przy współpracy z F. Liljerosem – A1)

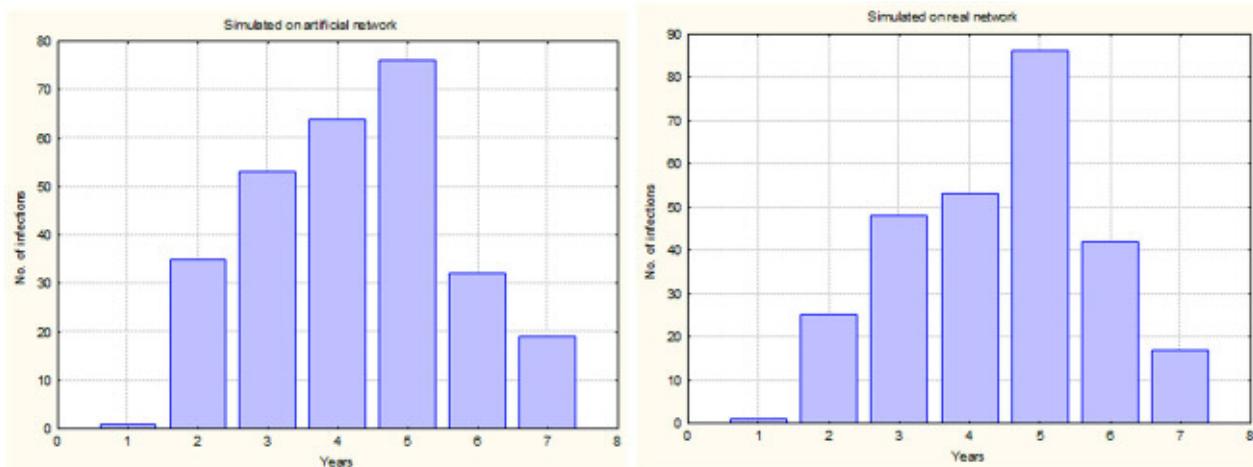
Tab 2. Wnioskowanie na temat szansy zakażenia wykorzystujące „źle dobrane” testy może prowadzić do zafałszowanych wyników – przykład regresji z której wynika, że zwiększając czas spędzany z zakażonymi, zmniejszamy prawdopodobieństwo nabycia infekcji (opracowanie własne przy współpracy z F. Liljerosem – A1)

predictor	binomial log-regression 0-Susceptible, 1-Infected		
	effect	std. error	p-Value
days	-0,0004	0,0005	0,42
visits	0,0112	0,0095	0,24

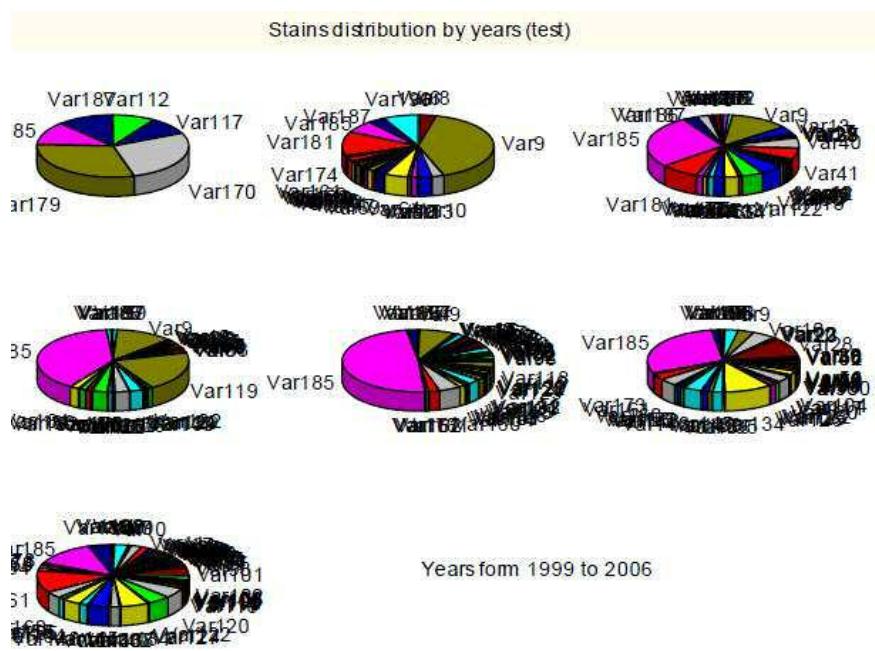
Wynik tej regresji sugeruje, że musimy brać pod uwagę charakterystykę oddziału, gdyż bycie w kontakcie na oddziale intensywnej terapii ma zdecydowanie większą wagę niż np. na oddziale rehabilitacyjnym.

Badanie mało na celu znalezienie najbardziej prawdopodobnych ścieżek zakażeń (na podstawie agentowego algorytmu procesów Markowa – Monte - Carlo MCMC wykorzystujący analizę sieci społecznych SNA), klasyfikacja grup ryzyka, identyfikacja ognisk (miejsc i osób).

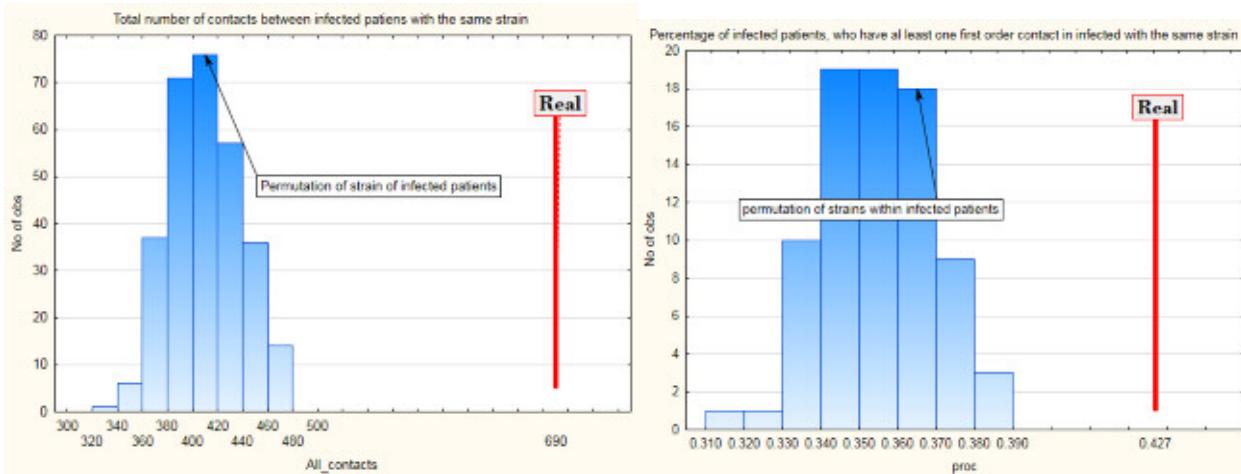
Symulowane jest 291 przypadków jednego klonalnego szczepu MRSA.



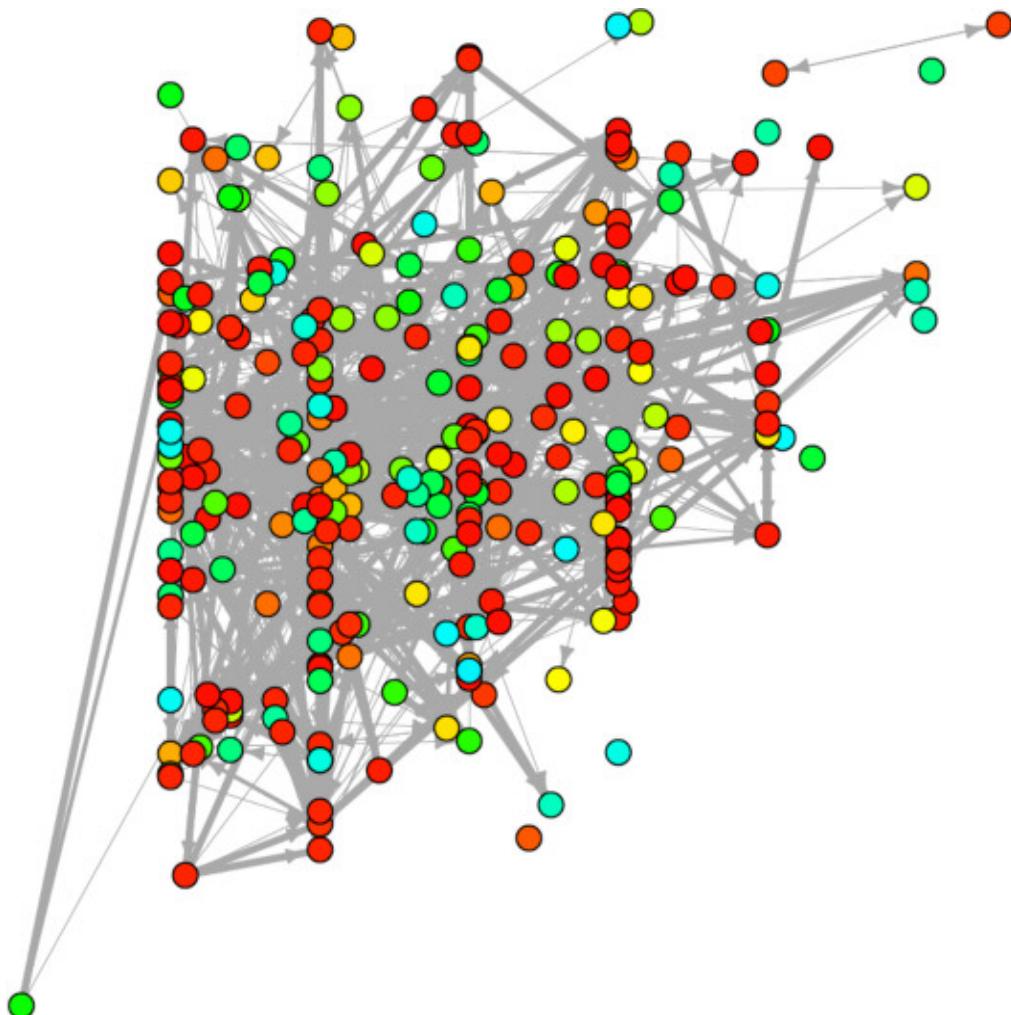
Rys 45. Porównanie wyników symulacji MCqMC omówionej w rozdziale teoretycznym. Obie przedstawione krzywe epidemiczne (zapadalność latami) są wysymulowane, z tym że lewa jest na sieci przetasowanej a prawa na rzeczywistej. (opracowanie własne przy współpracy z F. Liljerosem - A1)



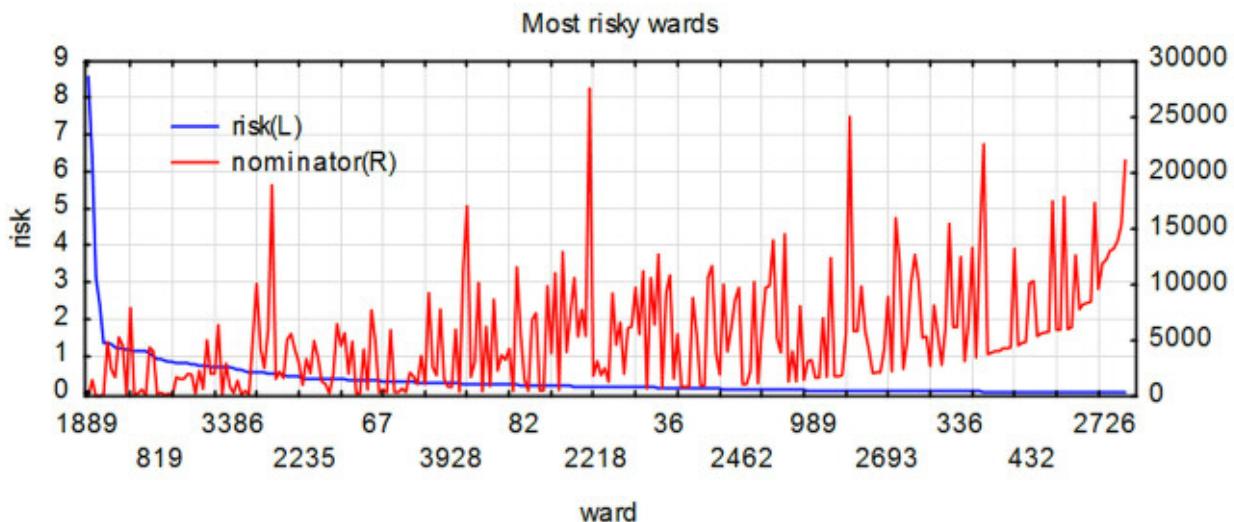
Rys 46. Dystrybucja poszczególnych szczepów bakterii MRSA (opracowanie własne przy współpracy z C. Poletti)



Rys 47. Test istotności sieci kontaktów w wyjaśnieniu prawdopodobieństwa zakażenia (opracowanie własne przy współpracy z C. Poletti)



Rys 48. Wysymulowana sieć 281 zakażeń – Najbardziej prawdopodobne ścieżki (opracowanie własne przy współpracy z F. Liljerosem)



Rys 49. Klasyfikacja ryzyka poszczególnych sal w szpitalach sztokholmskich (opracowanie własne przy współpracy z F. Liljerosem)

9.1 Najważniejsze efekty analizy danych szwedzkich

- Potrzeba dokładniejszych danych o oddziałach (stąd rozwinięcie ankiety inicjacyjnej opisującej typowe zachowania kontaktowe)
- Odkrywanie najbardziej prawdopodobnych ścieżek problemem wciąż otwartym (duża liczba równie prawdopodobnych drzew transmisji)
- Jest to unikalny zbiór danych ze względu na wielkość liczby kontaktów ale też kompletność kontaktów oraz dostęp do kart zakażeń
- Część wyników opublikowana jest w A1, a analizy:
http://platforma.sirsz.pl/pluginfile.php/262/mod_folder/content/0/symulacje_szwecja.zip?force_download=1

10 Badanie nr 2 Inspekcja Sanitarna – analiza sprawozdawczości okresowej

Dokonano analizy bieżących raportów epidemiologicznych połowy z ponad 50 małopolskich szpitali.

10.1 Wprowadzenie do badania zapadalności

Do analizy zawężono listę czynników etiologicznych na podstawie 3 przesłanek:

- 1) Listy czynników alarmowych
- 2) Opracowań ogólnopolskich GIS (Główny Inspektorat Sanitarny)
- 3) Opracowań dla województwa Małopolskiego
- 4) Szczególnie zjadliwe i uciążliwe czynniki

Tabela 3. Wybrane czynniki etiologiczne (Opracowanie własne wraz z M. Wszołek i A. Orzeł-Wnętrzak)

inne	Nieokreślony	M(VP)RSA	SSA	Staph. epidemidis	Enterokoki	VRE	Enterokoki
E. coli	E. coli ESBL (+)	Klebsiella Pneumonoiae		Klebsiella Pneumonoiae ESBL (+)	Proteus		
spp. ESBL (+)	Proteus spp.	Citrobacter freundii	ESBL (+)	Citrobacter freundii			
	Enterobacter spp.	Pseudomonas aeruginos	- alarm		Pseudomonas aeruginosa		
	Acinetobacter spp.	Acinetobacter KPC (+)		Clostridium difficile	Clostridium		
perfringens	Streptococcus pneumoniae	Candila		Aspergillus	Norovirus	Rotavirus	
	HBV	HCV	Adenovirus	grypa Agrypa Enterobacteriacea CPA	Klebsiella P. VRE (+)		
wszawica	Klebsiella P. KPC (+)	Klebsiella P. NDM (+)	Klebsiella P. MBL (+)		świerzbowiec		

Tabela 4. Kategorie zakażeń szpitalnych dla poszczególnych form zakażenia (zgodnie z definicją ECDC – Europejskie Centrum Kontroli Zakażeń) (Opracowanie własne wraz z M. Wszołek i A. Orzeł-Wnętrzak)

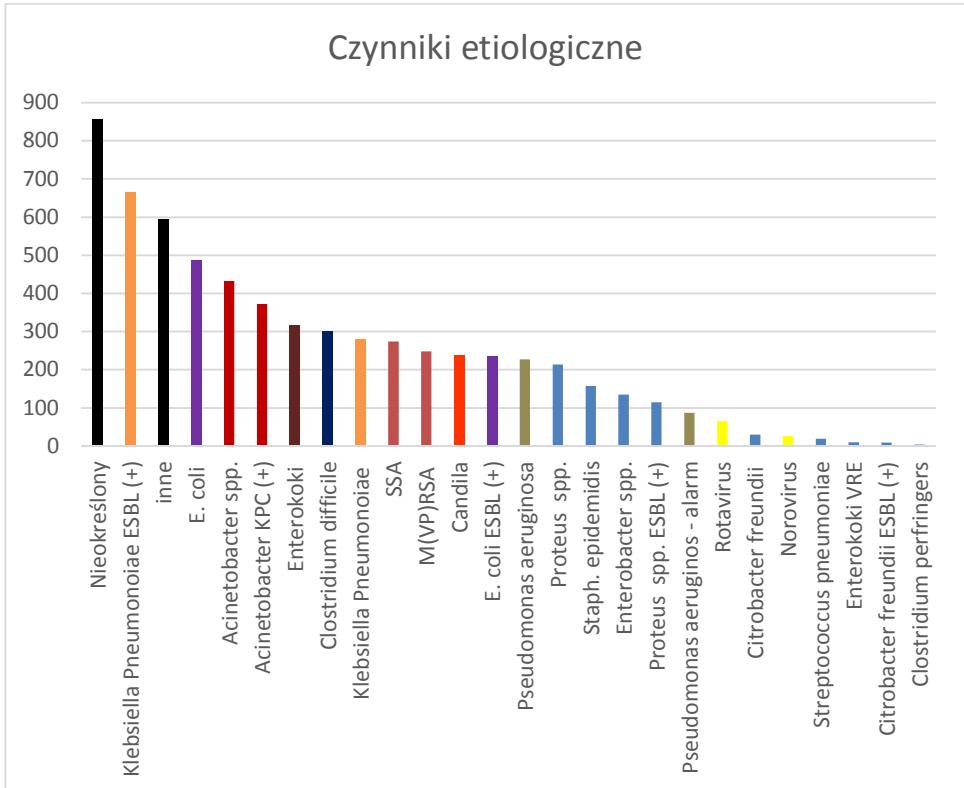
SSI	PN	UTI	BSI	CRI	BJ	CNS	CVS	EENT	LRI	GI	REPR	SST	SYS	NEO	inne
-----	----	-----	-----	-----	----	-----	-----	------	-----	----	------	-----	-----	-----	------

10.2 Wyniki badania zapadalności

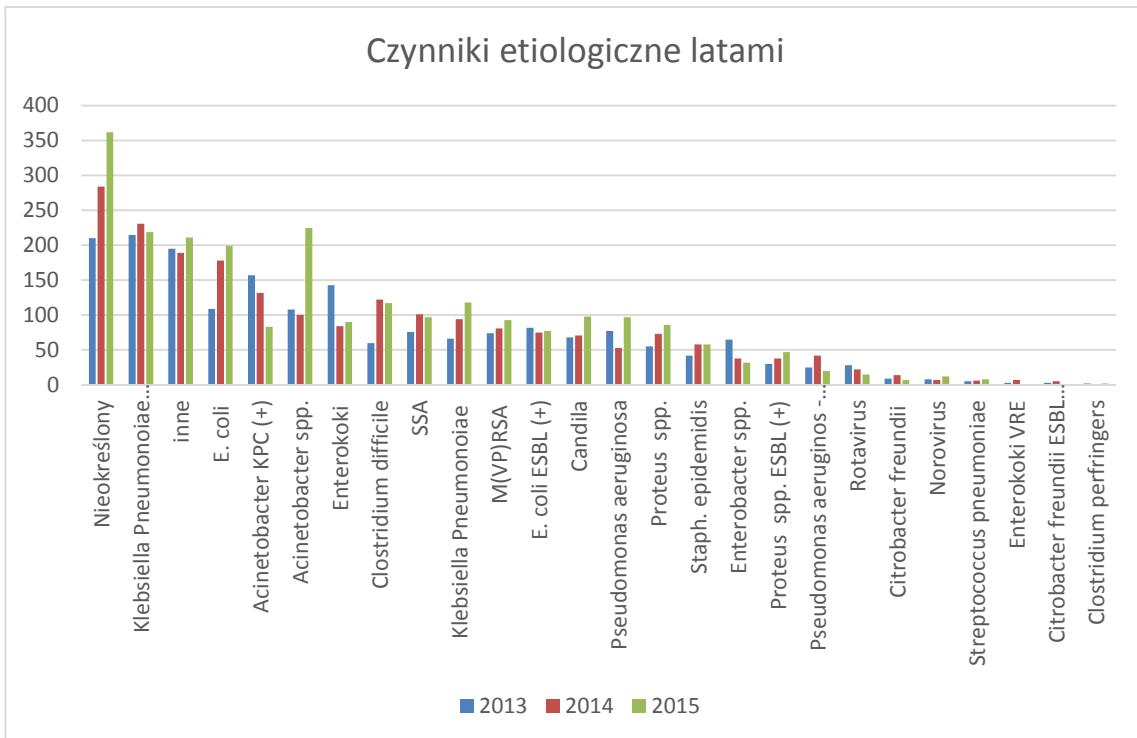
Wprowadziłmy na życzenie WSSE raporty zbiorcze ponad 320 Oddziałów za lata 2013-2105.

Tabela 5. Podstawowe całkowite statystyki (Opracowanie własne wraz z M. Wszołek i A. Orzeł-Wnętrzak)

LATA	Liczba pacjentów u których stwierdzono zakażenie szpitalne	Liczba zarejestrowanych kart zakażenia szpitalnego	Odsetek zakażeń szpitalnych dla oddziału	Zużycie środka do dezynfekcji <small>(brak zgody na umieszczenie jej wartości w raporcie)</small>	Suma wypisanych patogenów
2013	1436	1630	3,63%	?	1916
2014	1933	2193	3,84%	?	2106
2015	2012	2330	4,12%	?	2374
całość	5381	6153	3,86%	?	6396



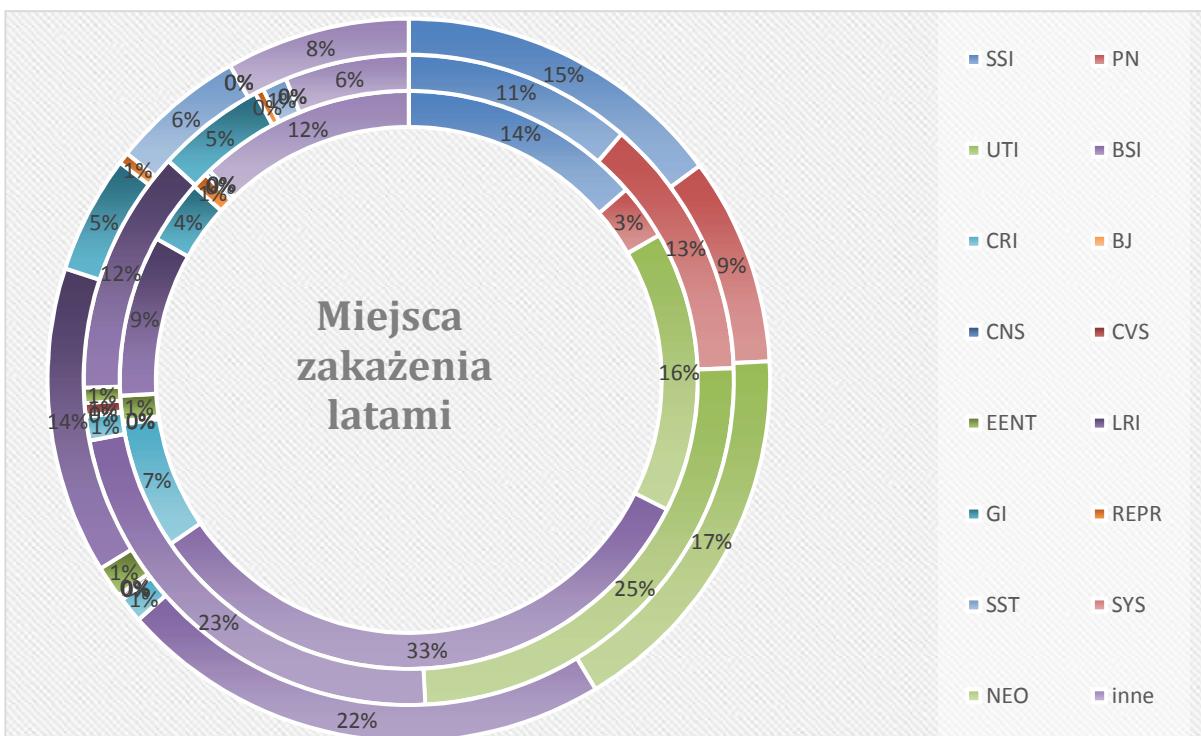
Rys 50. Najczęstsze czynniki etiologiczne (Opracowanie własne wraz z M. Wszołek i A. Orzeł-Wnętrzak)



Rys 51. Patogeny latami (Opracowanie własne wraz z M. Wszołek i A. Orzeł-Wnętrzak)



Rys 52. Rozkład zakażeń ze względu na miejsce (Opracowanie własne wraz z M. Wszołek i A. Orzeł-Wnętrzak)



Rys 53. Rozkład zakażeń ze względu na miejsce bez kategorii 'brak' (Opracowanie własne wraz z M. Wszołek i A. Orzeł-Wnętrzak)

10.3 Dyskusja wyników badań zapadalności

Analizowana próba badawcza jest obciążona ze względu na:

- niedoreprezentacje dużych szpitali
- brak szpitali trzeciorzędowych i referencyjnych
- niedoreprezentacje szpitali dziecięcych.

Przekazane dane budzą zastrzeżenia i nie są kompatybilne z badaniem ze względu na:

- częsty brak zgody między liczbą karta zakażeń, a wypisanymi patogenami
- różnorodną klasyfikację czynnika etiologicznego (najczęstszym problemem jest interpretacja oznaczenia odporności)
- różnorodną klasyfikację miejsca zakażenia (rzadko wykorzystywana jest definicja ECDC)
- błędne uznawania za współczynnik zapadalności dla poszczególnych kategorii miejsca zakażenia taki wielkości jak liczba zakażeń, czy proporcja zakażeń.
- inne błędy.

10.4 Dalsze analizy w badaniach nad zapadalnością

- Propozycja stworzenia ujednoliconego arkusza ze względu na konieczność ręcznego przepisywania i kontrolę błędów
- Podział na specyfikę lecznictwa (analiza grupami oddziałami)
- Analiza latami
- Analiza zużycia środków higienicznych (choć może to się wydawać kontrowersyjne, zwłaszcza że dane zbierałyby organ nadzorujący)
- Możliwość uzupełnienia danych poprzez kontakt ze szpitalami

Wynikiem tego badania było pierwsze wdrożenie naszego systemu dla klienta instytucjonalnego – Państwowej Inspekcji Sanitarnej

10.1 Najważniejsze efekty analizy zapadalności

- **Potrzeba ujednolicenia standardów prowadzenie sprawozdawczości zakażeń szpitalnych**
- **Potrzeba stworzenia systemu elektronicznego do wymiany informacji między szpitalami o zakażonych pacjentach**

11 Wdrożenie nr 1 Inspekcja Sanitarna – Elektroniczny system monitoringu zakażeń szpitalnych

Celem wdrożenia jest stworzenie aplikacji webowej ułatwiającej dobrowolne zgłoszanie zakażeń szpitalnych przez placówki województwa małopolskiego do WSSE oraz umożliwienie wymiany informacji o pacjentach między szpitalami (za pośrednictwem WSSE). Elektroniczny System Monitoringu Zakażeń Szpitalnych zapewni możliwość rejestracji zakażeń co ułatwi nadzór nad zakażeniami, rozumiany jako aktywna profilaktyka ograniczenia ryzyka pojawienia się i rozwoju zakażeń u pacjentów. Proponowany system uzupełni obecny system monitoringu o zakażenia wywoływane przez drobnoustroje nie alarmowe, czy nie ogniskowe, które są monitorowane dla potrzeb szpitali, ale nie sprawozdawane do Państwowej Inspekcji

Sanitarnej. Przeprowadzony pilotaż (badanie) ujawnił, iż przekazywanie rejestrów poprzez tabele w Excelu wiąże się ze stratą informacji w wyniku interpretacji nieścisłych danych, a na podstawie listów przewodniczych przekazanych przez szpitale wysnuwa się potrzeba budowy ujednoliconego a zarazem prostego w obsłudze systemu rejestracji zakażeń.

Słownik pojęć dla użytkownika końcowego w celu wypełnienia każdorazowo formularza **Zakażenie**, czyli pojedynczy rekord zawierający następujące pola informacyjne o zakażeniu w danym szpitalu:

Miejsce zakażenia – Możliwość wyboru miejsca z listy wyboru na postawie klasyfikacji ECDC, np. SSI.

Patogen – Możliwość wyboru patogenu z listy wyboru na postawie klasyfikacji ECDC, np. Gronkowiec Złocisty.

Oznaczenie odporności – Możliwość wyboru kategorii odporności z listy wyboru na postawie klasyfikacji ECDC, np. Podatny.

Data rejestracji – Data stwierdzenia zakażenia.

Diagnoza – Możliwość wyboru sposobu stwierdzenia zakażenia z listy wyboru, np. Test mikrobiologiczny.

Oddział – Kod oddziału zdefiniowanego w trakcie inicjowania konta.

Pacjent – Osoba z indywidualnym ID oraz zespołem cech. Możliwość opatrzenia tagami w formie pola tekstowego informacyjnego (np. sala, data przyjęcia, data zwolnienia, zabiegi, skąd trafił).

Dane przechowywane na serwerze WSSE. Topologia danego szpitala oraz rejestr zakażeń danego szpitala jest dostępna dla danego użytkownika końcowego wraz z możliwością edycji. Nie ma konieczności rejestracji edycji wprowadzonych danych przez użytkownika końcowego. WSSE może mieć jednak prawo do tworzenia kopii wprowadzonych danych w celu pogłębionej analizy. Specyfikacja tabel Zakażenia oraz Oddziały poniżej.

Tabela 6. Specyfikacja tabeli do wprowadzania zakażeń

Tabela Zakażenia		Wpisywana na bieżąco ręcznie z kart zakażeń						
Pola:	Pacjent (ID)	Miejsce zakażenia	Patogen	ID Oddziału	Czas rejestracji	Diagnoza	Oznaczenie oporności	Pacjent (informacje)
Typ:	L. naturalna	L. naturalna	L. naturalna	L. naturalna	Data	Binarna	L. naturalna	Text
Jak wpisywać:	Ręcznie	Lista wyboru	Lista wyboru	Lista wyboru	Ręcznie	Lista wyboru	Lista wyboru	Ręcznie

Tabela 7. Specyfikacja inicjacji szpitala

Tabela Odziały		Wpisywana w czasie inicjacji szpitala						
Pola:	Odział ID	Typ Odziału	Max obłożenie	Średnie obłożenie	Liczba pacjentów	Zużycie środka higienicznego	Szpital ID	
Typ:	L. naturalna	L. naturalna	L. naturalna	L. naturalna	L. całkowita	L. całkowita	L. naturalna	
Jak wpisywać:	Automatycznie nadawane przez system	Lista wyboru	Ręcznie	Ręcznie	Ręcznie	Ręcznie	Automatycznie nadawane przez system	

Dane wejściowe będą wprowadzane za pomocą formularzy np. w PHP, a zapisywane w formie tabelarycznej w formacie bazodanowym, np. w SQL. Tabele Odziały i Zakażenia są powiązane poprzez zmienną Oddział ID.

- 1) Użytkownik Końcowy: Formularz do wprowadzania struktury szpitala oraz jej edycji (odziały wraz z średnim/maksymalnym obłożeniem łóżek).
- 2) Użytkownik Końcowy: Formularz do rejestracji zakażenia oraz jego edycji (miejsce zakażenia, patogen, oznaczenie oporności, data rejestracji, diagnoza, pacjent, oddział).

Dane wyjściowe:

- 1) Użytkownik Analityczny: Eksport rejestru zakażeń i bieżący monitoring wprowadzanych przez użytkownika końcowego danych
- 2) Użytkownik Końcowy: Formularz zapytania o pacjenta (czy był zgłoszony jako zakażony czy skolonizowany/nosiciel w innym szpitalu)

Rys 54. Propozycja interfejsu graficznego użytkownika końcowego (Opracowanie własne wraz z M. Wszołek i A. Orzeł-Wnętrzak)

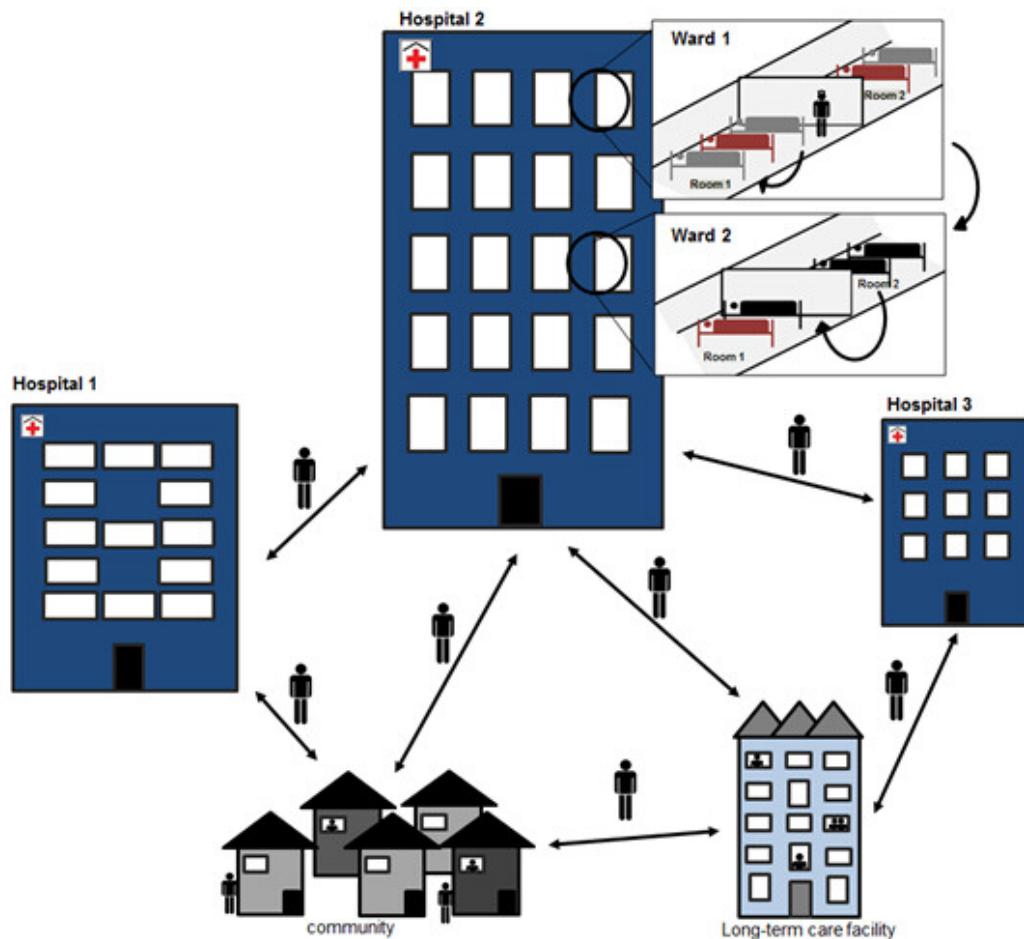
11.1 Najważniejsze efekty przygotowania wdrożenia dla Inspekcji Sanitarnej

- Przygotowanie specyfikacji systemu do wymiany informacji między szpitalami za pośrednictwem Inspekcji Sanitarnej
- Ustalenie zakresu danych przydatnych z punktu widzenia innych końcówek systemu SIRS-Z

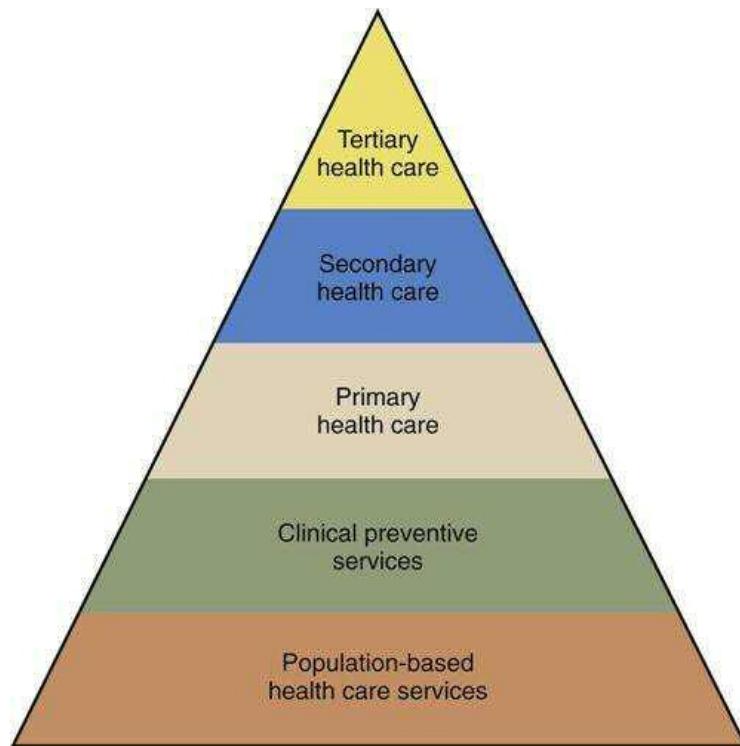
12 Badanie nr 3 Sieci połączeń szpitalnych w regionie (Dolina Saksonia)

Przepływ pacjentów między instytucjami medycznymi może nieść ze sobą przeniesienie patogenu (wraz z pacjentem). Z taką sytuacją mamy do czynienia na Mazowszu w związku z rozprzestrzenianiem się bakterii KP NDM i od początku epidemii w roku 2015 odnotowano ponad 1500 przypadków (stan na listopad 2017)

głównie w Warszawie, czego jedną z przyczyn jest przenoszenie patogenów między szpitalami oraz innymi ośrodkami medycznymi jak domy opieki.



Rys 55. Schemat Przemieszczania się pacjentów między różnymi miejscami (Źródło : Rafael Mikolajczyk oraz Mirjam Kretzschmar)

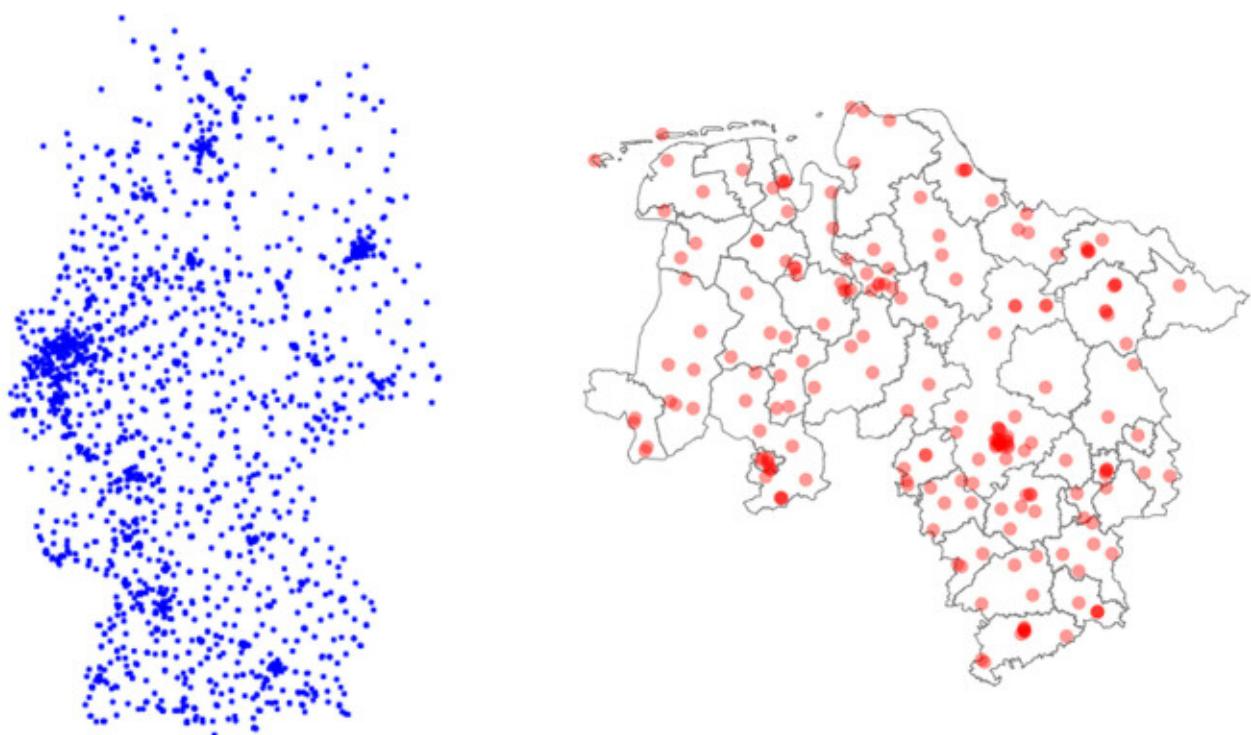


Rys 56. Hierarchia referencyjności szpitali jako czynnik wpływający na przepływ pacjentów między szpitalami (źródło – Internet)

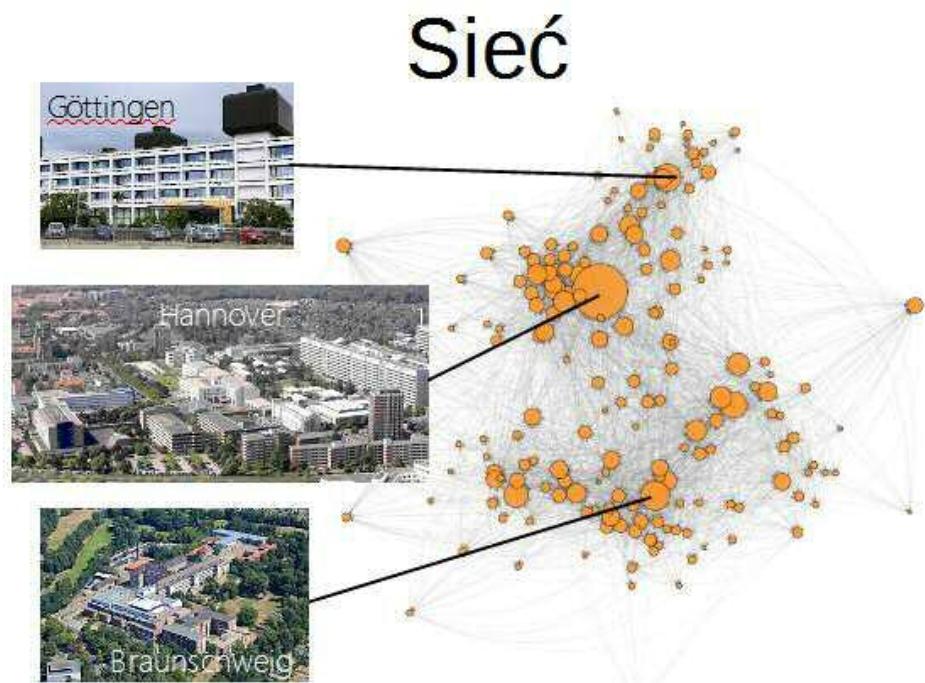


Rys 57. Teoretyczna struktura sieciowa szpitali (w ujęciu szerszym niż reforma ministra Radziwiłła z 2017) jako czynnik wpływający na przepływ pacjentów między szpitalami (opracowanie własne – współpraca z F. Liljerosem)

W przypadku danych z Dolnej Saksonii analizować można tylko połowę pacjentów, bo takie dane są w posiadaniu ubezpieczyciela



Rys 58. Mapa szpitali w Niemczech i wraz z Obszarem regionalnym Dolnej Saksonii (Opracowanie własne, współpraca z V. Belikiem)



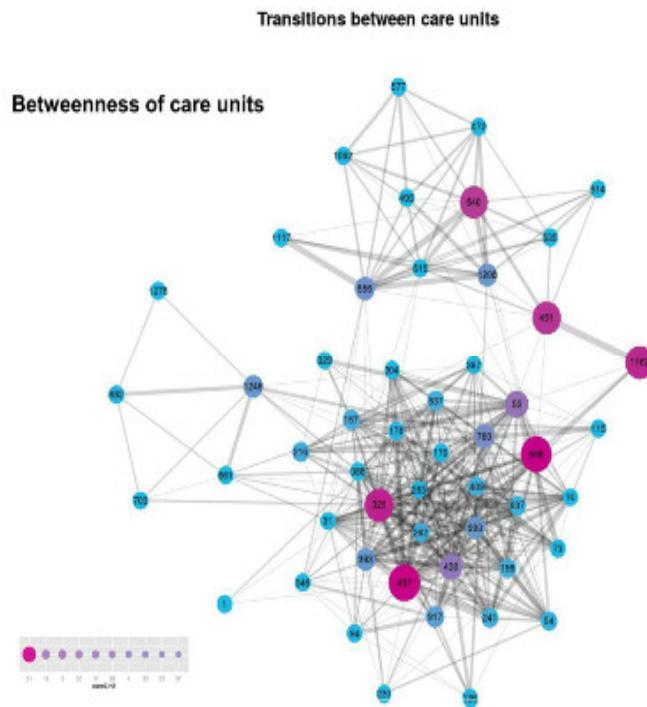
Rys 59. Kliniki uniwersyteckie jako huby przekazywania pacjentów między szpitalami (Opracowanie własne, współpraca z V. Belikiem)

In/Out-degree



Rys 60. Statystyki sieciowe (krotność wierzchołka) jako informacja o wpływie i wypływie pacjentów
(Opracowanie własne, współpraca z V. Belikiem)

Rozwój technik komputerowych ułatwiających gromadzenie i analizowanie dużych ilości danych, umożliwił dokładne zbadanie struktury sieci rzeczywistych kontaktów oraz procesów epidemiologicznych występujących na nich (Jarynowski, Serafimovic, 2014). Tymczasowe dane o kontaktach wymagają specjalnego podejścia (Obadila, et al., 2015; Valdano, et al., 2015) i wylicza się współczynniki typu fidelity, czy tymczasowy próg epidemiczny (Valdano et al., 2015).



Rys 61. Miary centralności wskazujące na rzeczywiste ryzyko epidemiologiczne – narzędzie igraph
(Opracowanie własne, współpraca z V. Belikiem)

12.1 Najważniejsze efekty przygotowania wdrożenia dla Sieci Regionalnej

- Zrozumienie swojej własnej struktury przepływu pacjentów

- Rozwój algorytmów analizy danych tymczasowych

13 Wdrożenie nr 2 Inspekcja Sanitarna – Regionalny system zarządzania ryzykiem zakażeń

CEL: Darmowe narzędzie wspomagające zespoły regionalne ds. zakażeń szpitalnych w ocenie podatności regionalnej na rozprzestrzenianie się zakażeń, poprzez analizę podobieństwa „fenotypu” epidemiologicznego - nadbudowa naszego Systemu Informatycznego Redukcji Zakażeń do szacowania ryzyka w czasie rzeczywistym.

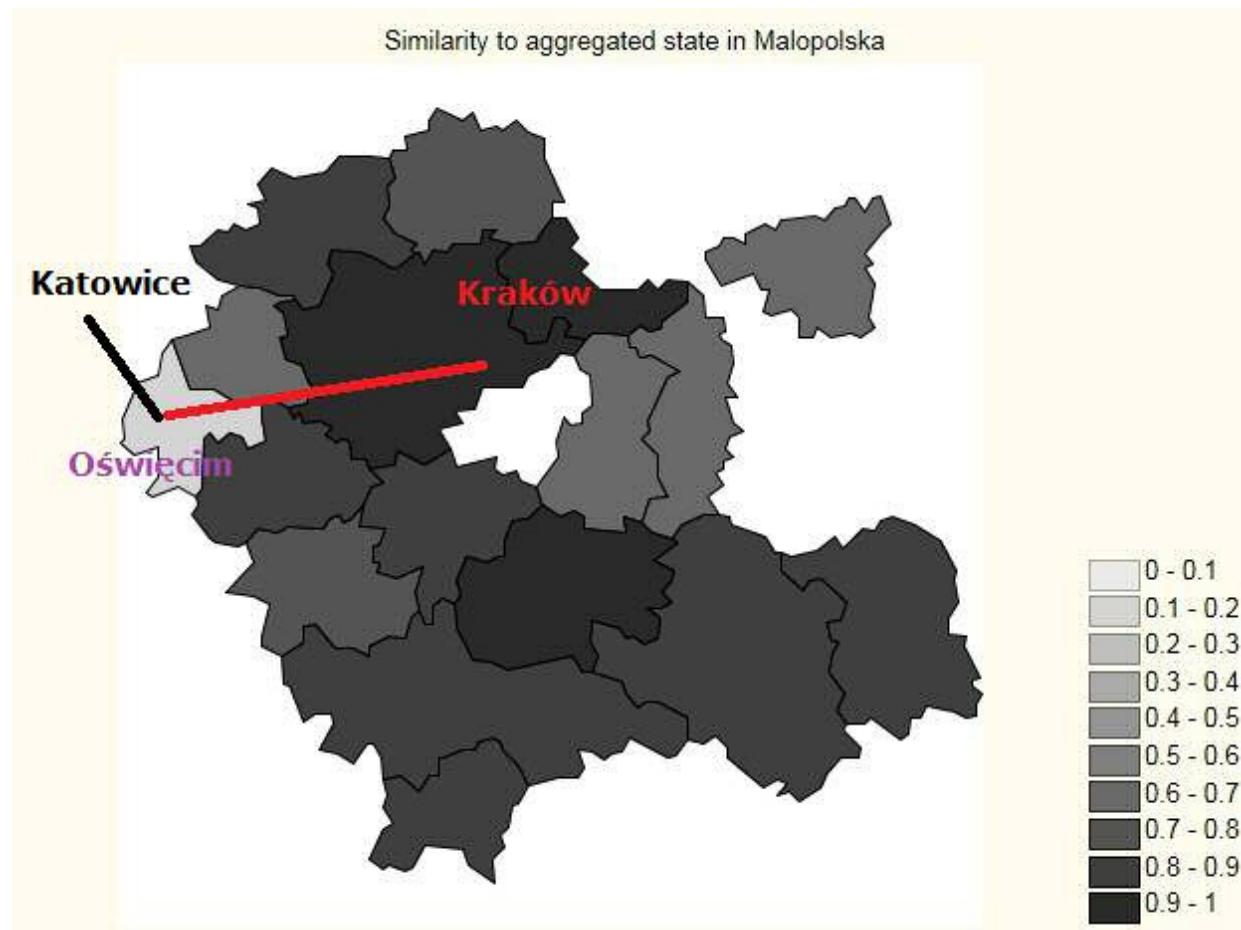
MATERIAŁY I METODY: Przeanalizowaliśmy rejestr zakażeń szpitalnych w Małopolsce, który zawiera ponad 10.000 zdarzeń podczas hospitalizacji w 2015 r. z około 60 szpitali. Każdy powiat został opisany poprzez wektor współczynników zapadalności 19 zakażeń szpitalnych, będący swoistym fenotypem”. Baza danych została wykorzystywana do budowy sieci przestrzennej, gdzie wierzchołkami są powiaty a krawędzie przedstawiają podobieństwo sytuacji epidemiologicznej. Przeprowadzono analizę aglomeracyjną oraz klasteryzację przestrzenną.

Tabela 8. Cechy „fenotypu” poszczególnych powiatów (Opracowanie własne, współpraca z V. Belikiem i M. Wszołek)

Zapadalnosc MRSA /1000 Pacjentów
Zapadalnosc MsSA /1000 Pacjentów
Zapadalnosc E. faecalis VRE /1000 Pacjentów
Zapadalnosc E. faecium VRE /1000 Pacjentów
Zapadalnosc E.coli ESBL /1000 Pacjentów
Zapadalnosc E.coli KPC/1000 Pacjentów
Zapadalnosc Klebsiella spp. ESBL /1000 Pacjentów
Zapadalnosc Klebsiella spp. KPC /1000 Pacjentów
Zapadalnosc Enterobacter spp. ESBL/1000 Pacjentów
Zapadalnosc Enterobacter spp. KPC/1000 Pacjentów
Zapadalnosc Pseudomonas aeruginosa spp3/ 1000 Pacjentów
Zapadalnosc Acinetobacter spp4./ 1000 Pacjentów
Zapadalnosc Clostridium difficile5/ 1000 Pacjentów
Zapadalnosc Clostridium perfringens5/1000 Pacjentów
Zapadalnosc Streptococcus pneumoniae6/1000 Pacjentów
Zapadalnosc Candida7 /1000 Pacjentów
Zapadalnosc Aspargillus /1000 Pacjentów
Zapadalnosc Rotavirus/1000 Pacjentów
Zapadalnosc Norovirus/1000 Pacjentów

WYNIKI:

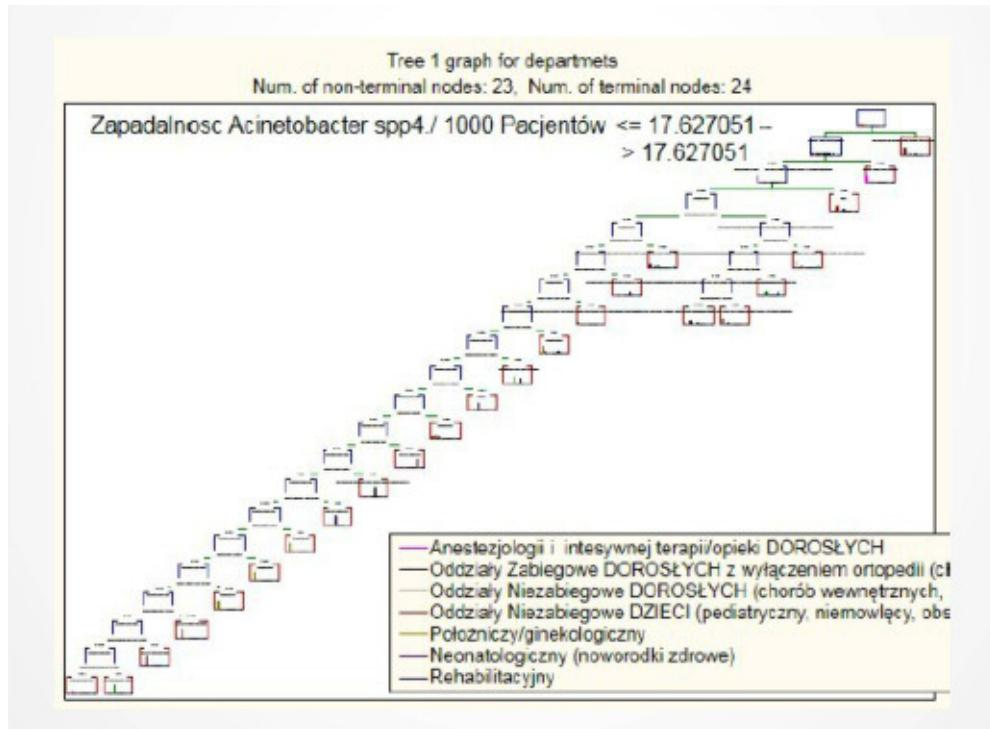
- Niskie podobieństwo „fenotypu” oświęcimskiego do reszty województwa);
- Statystycznie istotny spadek podobnośc zapadalności na zakażenia wirusowe (Rotavirus i Norovirus) wraz - ze wzrostem odległości między powiatami;
- Brak istotnego statystycznie związku między zapadalnością na zakażenia baryjkowe z odległości między powiatami za wyjątkiem Klebsielli KPC;



Rys 62. Podobieństwo „fenotypów” powiatów z uśrednionym podobieństwem agregowanym
(Opracowanie własne, współpraca z V. Belikiem i M. Wszołek)

Tabela 9. Regresja liniowana różnicy zapadalności między powiatami jako funkcja odległości między powiatami

Zmienna	effect	p- Value
Zapadalnosc Klebsiella spp. ESBL	-0.0504	0.034417
Zapadalnosc Candida	0.0842	0.008405
Zapadalnosc Rotavirus	-0.0193	0.008245
Zapadalnosc Norovirus	-0.0371	0.018998



Rys 63. Drzewo decyzyjne klasyfikacji typu oddziału na podstawie „fenotypu” mikrobiologicznego

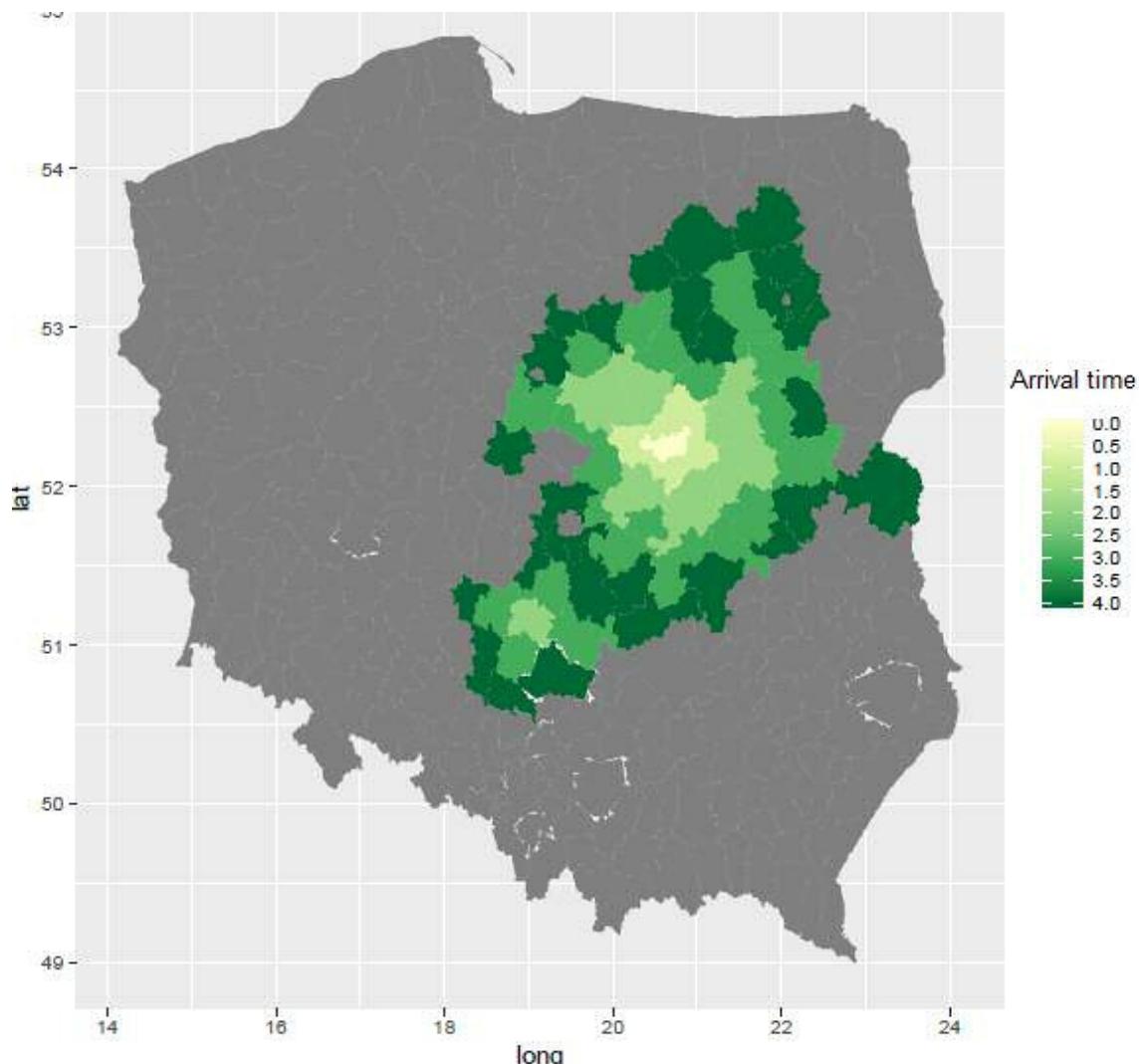
WNIOSKI:

- Oświęcim możliwie zwiążany jest bardziej epidemiologicznie z Województwem Śląskim;
- Wirusowe zakażenia szpitalne rozprzestrzeniają się epidemicznie, a bakteryjne zakażenia endemicznie.

REKOMENDACJE: Dane potrzebne do dalszych analiz:

- DATA 1 dane genetyczne zidentyfikowanych patogenów
- DATA 2 rejestr wizyt pacjentów w poszczególnych jednostkach
- DATA 3 regionalny rejestr wyników dodatnich badań mikrobiologicznych na wybrane patogeny

13.1 Propagacja przestrzenna nowych patogenów - przykład NDM



Rys 64. Symulacja rozprzestrzeniania się szczepów NDM ze źródłem w Warszawie (Opracowanie własne, współpraca z A. Poznańską)

W celu analizy propagacji NDM w Polsce (zaczynającej się w Warszawie) używamy pseudo-grawitacyjnych modeli interakcji krótko i daleko zasięgowych nawiązujących do transferów społeczno-migracyjnych pacjentów oraz łańcucha referencyjnego szpitali. Czas propagacji apriorycznie został początkowo zainicjowany z obserwacji a parametry nie były estymowane tylko apriorycznie wybieranie.

Parametry w modelu przestrzennym:

$$p_{ij} \sim \frac{a(H_i * H_j)}{1 + d_{ij}}, \quad g_{ij} \sim p_{ij} * c$$

a, c – parametr symulacji;

i, j – powiaty;

P – populacja powiatu;

p_{ij} – prawdopodobieństwo zarażenia od sąsiada;

g_{ij} – prawdopodobieństwo zarażenia z całej sieci;;

dij – kątowa odległość między centroidami powiatów.

13.2 Najważniejsze wnioski z wdrożenia dla Inspekcji Sanitarnej

- Wykazanie związku regionalnego w Małopolsce oraz epidemiczności patogenów alarmowych wirusowych
- Możliwość precyzyjnej klasyfikacji typu oddziału na podstawie wiedzy o patogenach tam występujących
- Przygotowanie modelu propagacji NDM, kod dostępny:
http://platforma.sirsz.pl/pluginfile.php/262/mod_folder/content/0/symulacja%20dla%20rozprzestrzeniania%20sie%20NDM.zip?forcedownload=1

14 Badanie nr 4 Polskie Towarzystwo Zakażeń Szpitalnych – Poród a ryzyko zakażenia

Podstawą bezpiecznego, zakończonego sukcesem porodu jest poprawny wybór scenariusza porodu w zależności od ustaleń rodzącej z położną i lekarzem położnikiem. Z zasady inwazyjne (zabiegowe i operacyjne) techniki porodu stwarzają ryzyko zakażenia miejsca operowanego. Polskie Towarzystwo Ginekologiczne nie rekomenduje wykonywania cięć cesarskich (CC) „na życzenie”, bez wskazań medycznych i w razie wątpliwości diagnostycznych lub terapeutycznych preferowane są drogi naturalne (Rekomendacje PTG, 2008).

Jednocześnie należy podkreślić, że z uwagi na coraz większy odsetek cięć cesarskich (pierwszorazowych oraz wielokrotnych), a także możliwość wzrostu zachorowalności związanej z powikłaniami okooperacyjnymi, kryteria kwalifikacji do tej operacji położniczej wymagają nieustannej aktualizacji (Wójkowska-Mach et al. 2008). Ma to na celu nie tylko minimalizowanie ryzyka związanego z operacją, ale także zmniejszenie odsetka porodów rozwiązywanych tą drogą (Skrynik et al. 2015). Obecnie na świecie występuje tendencja wzrostowa odsetka porodów rozwiązywanych metodą cięcia cesarskiego (Rekomendacje PTG, 2008). W Polsce 45% porodów w roku 2014 to porody drogą cięcia cesarskiego. Są to duże liczby biorąc pod uwagę fakt, iż Światowa Organizacja Zdrowia (*World Health Organization*, 1988) zaleca by odsetek tego rodzaju porodów w żadnym kraju nie przekraczał 15% (WHO, 1989). Zalecenia te wynikają przede wszystkim z próby minimalizowania ryzyka jakie wiążą się z tym sposobem ukończenia ciąży. Całkowita zapadalność z powodu zakażeń po porodach metodą cięcia cesarskiego jest około dwukrotnie większa niż po porodach siłami natury. Dla zakażenia miejsca operowanego współczynniki zapadalności raportowane przez różnych autorów wahają się w bardzo szerokim zakresie. Według danych ECDC za lata 2010-2011 w krajach raportujących dane dotyczące ZMO (Zakażenie Miejsca Operowanego) po zabiegach cięcia cesarskiego współczynnik zachorowalności wahał się od 0,4% na Litwie do 6,7% w Wielkiej Brytanii oraz 6,8% w Norwegii (Hamilton et al. 2014). W badaniach tureckich oraz brazylijskich zapadalność przy CC sięga nawet 40%. Rejestracja punktowa, budząca wiele zastrzeżeń związanych z niedoszacowaniem, przeprowadzona w polskich szpitalach w roku 2012 oraz 2013 wykazała natomiast chorobowość w oddziałach położniczych wynoszącą 1,2%.

Ocena ryzyka zakażenia szpitalnego stanowi jeden z filarów profilaktyki zakażeń szpitalnych. Indywidualna ocena ryzyka pacjenta może się okazać skuteczną, a zarazem tanią metodą profilaktyki (Skibińska, 2016). W tym celu szacuje się ryzyko nabycia zakażenia bądź bycia siewcą zakażenia, np. na postawie kart oceny

ryzyka. Jest to bardzo czasochłonny oraz nieprecyzyjny zadaniem dodatkowo zwiększającym biurokrację. Ponadto karty oceny ryzyka są tworzone „na wyczucie” przez ekspertów ze szpitali, uniwersytetów, czy instytucji nadzoru nad zakażeniami, bez większego umocowania w medycynie opartej na dowodach. W związku z tym, w rzeczywistości zalecenia wynikające z indywidualnej oceny ryzyka, stosowane są wybiórczo przez pracowników medycznych. Dogłębna analiza czynników za pomocą zalgorytmizowanych narzędzi badawczych daje podwaliny pod nowoczesny system zarządzania ryzykiem.

Omawiana analiza może być rozumiana jako forma aktywnej profilaktyki pojawiienia się i rozwoju zakażeń u pacjentów. Dane wykorzystane w aplikacji pochodzą z:

1) przeglądu literaturowego;

2) bazy danych programu czynnej rejestracji zakażeń szpitalnych Polskiego Towarzystwa Zakażeń Szpitalnych.

W ramach przeglądu literaturowego przede wszystkim dokonano przeglądu polskich i zagranicznych kart oceny ryzyka zakażenia. Ze względu na brak źródeł co do wyboru pytań oraz ich wkładu czynnikowego nie wykorzystano krajowych kart oceny ryzyka w dalszej analizie. Skupiono się na międzynarodowych standardach, a zwłaszcza amerykańskich rekomendacjach typu *National Nosocomial Infections Surveillance* (Walraven i Musselman, 2013).

Podstawową bazą do analizy był rejestr procedur w pięciu polskich szpitalach (z województwa Małopolskiego, Śląskiego i Kujawsko-Pomorskiego) w latach 2013-2015 uwzględniających ponad 7 tys. cięć cesarskich (Rożańska, Jarynowski, et.al. 2017). Dodatkowo wykorzystano rejestr 1,5 tys. noworodków z oddziałów Polskiej Sieci Neonatologicznej w latach 2011-2013. W pierwszej wersji kalkulator ryzyka liczy prawdopodobieństwo zakażenia u matki, aczkolwiek wiele czynników ryzyka u położnicy pokrywa się z tymi u dziecka.

W związku z tym, że wykorzystano dane heurystyczne – np. tabele jakościowej oceny ryzyka oraz wyliczone empirycznie czynniki, model docelowo powinien zostać zwalidowany i skalibrowany w planowanym badaniu pilotażowym.

Celem analizy jest oszacowanie wpływu układu zmiennych zależnych na prawdopodobieństwo zakażenia. Do objaśniania ryzyka zakażenia (zmiennej jakościowej opisanej rozkładem dwumianowym: zakażony, bądź niezakażony) w zależności od poziomu zmiennych egzogenicznych (jakościowych oraz ilościowych) zastosowano rzutowanie za pomocą regresji logistycznej. Wielkość wpływu zmiennych ciągłych oceniana jest współczynnikiem regresji, a dla porównania różnic między poziomami zmiennych nominalnych, zastosowano miarę OR (*odds ratio*). Referencje do ilorazów szans są ustalone z góry jako podstawowe kategorie (de Almeida et al. 2016). W przypadku zbioru pytań pomocniczych, dla których nie zna się wielkości wpływu w polskich warunkach, zastosowano sumaryczne skale punktowe adaptowane z kart ocen ryzyka. Pytania są dobrane pod kątem opisanych powyżej znanych czynników, aczkolwiek siła czynników w różnych badaniach była inna i zadaniem autorów będzie dobranie optymalnych wartości efektów. Póki co część efektów wprowadzono ręcznie, więc model daje poprawny wynik tylko w rozumieniu rzędu wielkości i jedynie część odpowiadająca cięciu cesarskiemu jest estymowana na polskich danych, ale docelowo każdy czynnik będzie potwierdzony parametrem literaturowym z cytowaniem. Słownictwo jak i treść pytań jest póki co arbitralne, a empiryczne postrzeganie kategorii poznawczych będzie dopiero badane w pilotażu.

Tabela 10. Analiza kowariancji zmiennych istotnie wyjaśniających ryzyko zakażenia. W przypadku zmiennych nominalnych podano OR w stosunku do wyznaczonego poziomu referencyjnego (gdzie OR=1) –

opracowanie własne (Opracowanie własne, współpraca z A. Różańska i J. Wójkowską Mach na podstawie C4)

Zmienna niezależna nominalna	Iloraz Szans (OR)
Czystość pola	
czyste	1,7
czysto-skażone	1
skażone	3,1
Wartość ASA	
1	1
2	1,34
3	8,85
Antybiotykowa profilaktyka okołooperacyjna	
Tak	1
Nie	2
Nagła/planowa	
planowa	1
Nagła (w ramach NFZ)	1,3 (nie istotne statystycznie)
Nagła (poza NFZ)	3,5
Zmienna niezależna ciągła	współczynnik
długość operacji	
(min)	1,013

14.1 Najważniejsze wnioski z badania zakażeń położnic

- **Dopasowanie modelu regresyjnego do ponad 7 tyś operacji cięcia cesarskiego**
- **Zauważanie niedoszacowania liczby zakażeń oraz poszukiwanie ich przyczyn (w tym analiza Bedforda wykrywania nieprawidłowości w raportach)**
- **Opis badania w artykule C4**

15 Wdrożenie nr 3- Poród a ryzyko zakażenia, aplikacja dla pacjentki

Ekspansja medycyny spersonalizowanej opartej na sztucznej inteligencji jest w stanie zaspokoić coraz więcej potrzeb obywateli – pacjentów. Wkładem autorów w e-zdrowie jest stworzenie aplikacji na

telefon/webowej, która pozwoliłaby określić prawdopodobieństwo zakażenia chorobami zakaźnymi, w tym wypadku patogenem szpitalnym. Proponowane jest rozwiązanie dla położnic, którego docelowym zastosowaniem będzie:

- 1) estymacja ryzyka (szacowanie ryzyka zakażenia w ujęciu indywidualnym), to jest aplikacja webowa pozwalająca samemu określić prawdopodobieństwo zakażenia.
- 2) e-diagnoza (klasyfikacja stanu chorobowego na podstawie objawów), to jest aplikacja na telefon ułatwiająca przedmedyczną identyfikację zakażenia.
- 3) self-reporting (elektroniczne metody zgłaszania zakażeń szpitalnych), to jest system dla Państwowej Inspekcji Sanitarnej pozwalający na indywidualne zgłaszenie prawdopodobnych zakażeń w celu pominięcia szpitala jako ustawowego

Stan zdrowia kobiety		Okoliczności okoloporodowe	
<input type="checkbox"/> Wiek powyżej 35 lat	<input type="checkbox"/> Brak profilaktyki antybiotykowej		
<input type="checkbox"/> Ma trudności z pójściem na spacer	<input type="checkbox"/> Odpływ płynu owodniowego powyżej 12h		
<input type="checkbox"/> Ma trudności z wejściem na piętro po schodach	<input type="checkbox"/> Gorączka powyżej 37,5 °C		
<input type="checkbox"/> W trakcie ciąży lub niezależnie zmaga się z niezbyt nasioną chorobą układową, np. nadciśnienie tętnicze, wyrównana cukrzycą, przewlekłe zapalenie i układowo oddechowego, niewielkiego stopnia choroba niedokrwienienna mięśnia sercowego, otyłość, itp. (ASA 2)	<input type="checkbox"/> Zielony płyn owodniowy		
<input type="checkbox"/> W trakcie ciąży lub niezależnie zmaga się z ciężką chorobą układową, np. niestabilna dusznica bolesna, ciężkie schorzenie układu oddechowego, nieuregulowana cukrzycą, lekka niewydolność nerki lub wątroby, itp. (ASA 3)	<input type="checkbox"/> Biegunka		
<input type="checkbox"/> Alkoholizm, inne uzależnienia od substancji odurzających / leków	<input type="checkbox"/> Poród wymuszony farmakologicznie		
<input type="checkbox"/> Zakażenia HIV lub/ i innymi chorobami przenoszonymi drogą płciową z wynikiem dodatnim w czasie ciąży	<input type="checkbox"/> Nieplanowany poród poza szpitalny		
<input type="checkbox"/> Hospitalizacje w okresie ostatnich 6 miesięcy	<input type="checkbox"/> Czy noworodek otrzymał poniżej 10 punktów w skali Apgar		
<input type="checkbox"/> Rozwiązanie przynajmniej jednej poprzedniej ciąży poprzez cięcie cesarskie			
<input type="checkbox"/> Pozytywny wynik badania na pacjorkowce (GBS)			
<input type="checkbox"/> Infekcje pochwy i szyszki macicy w czasie ciąży			

SPRAWDZ **ANULUJ**

Prawdopodobieństwo

2%

W postaci graficznej pytania zostały zaimplementowane na testowej stronie internetowej

Rys 66. Layout aplikacji do szacowania ryzyka w wersji konkursowej (Opracowanie własne na podstawie C5)

Źródła elektroniczne nowej generacji, a szczególnie tak dziś powszechny Internet, dają możliwości poszukiwania informacji w szybkim tempie. Internet jest pierwszym źródłem, z którego Polacy czerpią informacje o symptomach powszechnych chorób (Raport IMM, 2017). Ogólnodostępność informacji (wyszukiwarka internetowa „Doktor Google”, encyklopedie medyczne, czy ogromna ilość portali tematycznych czy forów dyskusyjnych), sprawiły, że ludzie stali się niecierpliwi i coraz bardziej wymagający. Mimo zaangażowania społeczeństwa oraz dostępności różnych aplikacji prozdrowotnych, wciąż na polskim rynku brakuje produktów charakteryzujących się „inteligencją” epidemiologiczną.

Algorytm docelowo ma dołączyć do działań profilaktyki zakażeń szpitalnych. W obszarze wyzwań nauk medycznych, gdzie poprzez dostępność i powszechność cyfrowych danych dotyczących działań, np. w Internecie, powstała przestrzeń do zastosowań innowacyjnych dla nauk o zdrowiu technik. Mowa tu o

metodach ekstrakcji informacji jak analiza hierarchiczna, analiza sieci społecznych, czy przetwarzanie języka naturalnego, które wydają się być technologiami przyszłości. Badania autorów dotyczące zakażeń szpitalnych pasują do tego typu analiz (m. in. poprzez aplikację webową pozwalającą określić prawdopodobieństwo zakażenia) i też dotyczą rozwiązywania problemów przyszłości.

Kobiety w ciąży oraz w trakcie opieki nad niemowlętami należą do kategorii osób ponadprzeciętnie zaangażowanych w świat wirtualny (Jiang et al. 2015). Ponadto jest to kategoria społeczna mocno nastawiona na konsumpcje dóbr, w tym usług wirtualnych. Stąd dostępnych jest wiele usług typu e-zdrowie jak monitory ciąży, czy aplikacje dietetyczne. W najnowszych trendach kładzie się nacisk na edukację własną poprzez Internet, więc coraz więcej można usłyszeć o „zdrowiu w telefonie”. Polki coraz częściej doceniają korzyści wynikające z ich użytkowania (np. możliwości uzyskania porady bez konieczności spotykania się „na żywo”). Ponadto świadomość cyfrowa kobiet, jeśli chodzi o możliwość wykorzystania porad on-line, jest wyraźnie wyższa niż mężczyzn, którzy zauważalnie rzadziej deklarują użytkowanie internetowych poradników. Ponad 99% młodych Polek korzysta z Internetu. Autorzy raportu o kobietach w Internecie stwierdzają, że to właśnie młode Polki nie różnią się od swoich rówieśniczek z Europy Zachodniej oraz mają szansę stać się tytułowymi Agentkami Cyfrowej Zmiany, upowszechniającymi kompetencje cyfrowe w społeczeństwie polskim (Pokojska, 2015). I tak młode Polki (16-24 lata) deklarują najwyższą częstotliwość korzystania z komputera w całej Unii Europejskiej i są szczególnie aktywne w obszarze korzystania z serwisów poradnictwa. Prezentowany projekt to przyjazna dla pacjentki - położnicy aplikacja Internetowa do klasyfikacji ryzyka zakażeniem szpitalnym.

Stosowana w algorytmie regresja logistyczna jest modelem matematycznym, pozwalającym opisać wpływ wielu zmiennych $\mathbf{X}=(X_1, \dots, X_i, \dots)$ na prawdopodobieństwo wystąpienia zakażenia P . Współczynniki regresji \mathbf{b} wraz z stanem zmiennych niezależnych \mathbf{X} za pośrednictwem funkcji stanu Z dają indywidualne oszacowanie ryzyka dla badanej pacjentki.

$$P(\bar{X}) = \left(\frac{1}{1+e^{-z}} - 0,5 \right) * 2, \text{ gdzie}$$

$$Z = Los + \sum b_i * X_i + \sum b_{i,j} * X_i * X_j$$

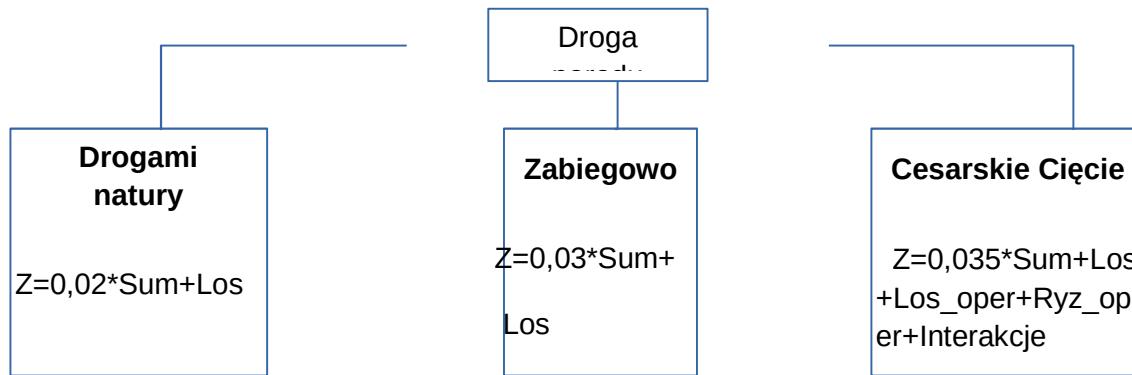
I tak na funkcję stanu Z składa się wyraz wolny – Los , wyrazy czynnikowe oraz wyrazy interakcyjne. Wszystkie zmienne niezależne poza jedną opcjonalną zmienną (czas trwania operacji) są zmiennymi nominalnymi. Zmienne dychotomiczne z części A i C kwestionariusza tworzą sumaryczny indeks zakażeń - Sum - wyliczany jako prosta suma (zliczenie) odpowiedzi tak. Reguły decyzyjne rozpoczynają się od wyboru drogi porodu. Pierwszą wartością w wyznaczaniu funkcji stanu jest wyraz Los – czyli naturalne ryzyko zachorowania w idealnych warunkach (bez obecności uwzględnionych w badaniu czynników ryzyka). Wyraz wolny Los nie różnicuje metody drogi porodu, więc jest wartością stałą. Dla uproszczenia dla drogi naturalnej oraz zabiegowej nie uwzględniono pełnej funkcji Z i wyrazy czynnikowe zostały ucięte na zmiennej Sum z uwzględnieniem właściwego dla tej formy drogi porodu współczynnika.

W przypadku cięcia cesarskiego funkcja Z charakteryzuje się:

zwiększym wyrazem wolnym o naturalne ryzyka operacyjne - Los_oper

rozszerzonymi wyrazami czynnikowymi o pytania z części D o okoliczności operacyjne (przy wtórnym wykorzystaniu pytań z A i C) - Ryz_oper

dodatkowym wyrazem interakcyjnym - $Interakcje$



Rys 67. Schemat wyboru funkcji stanu w zależności od drogi porodu (opracowanie własne na podstawie C5)

Świadomość ryzyka związanego z zakażeniem szpitalnym w czasie porodu – polski webowy kalkulator dla pacjentki, technicznie jest gotowy do używania, jednak wiąż jego społeczna walidacja jest przez nas rozważana.

Komputerowe systemy wspierające podejmowanie decyzji w medycynie chorób zakaźnych już od dawno pomagają zdrowie publiczne oraz służą społeczeństwom krajów bogatych. Ostatnie badania (np. prof. Leiboviciego) dowiodły, że już istniejące systemy informatyczne w sposób statystycznie istotny skuteczniej dobierają leczenie zakażeń szpitalnych.

W związku z brakiem tego typu narzędzi w Polsce postanowiliśmy rozwijać algorytmy oceny ryzyka chorób zakaźnych i zaprezentować taki kalkulator (darmowy, na wolnej licencji) dla zakażeń szpitalnych położnic. Naszym celem było stworzenie i zwalidowanie kalkulatora ryzyka zakażeń na polskich danych. Pierwotną grupą docelową naszego systemu były szpital, ale części funkcjonalności postanowiliśmy oddać wszystkim polskim pacjentom.

Na początek wybraliśmy kobiety, ponieważ istotnie bardziej dbają o zdrowie oraz istotnie częściej sięgają do porad w Internacie niż mężczyźni, stąd być może częściej będą stosować rozwijane przez nas narzędzia w okresie okołoporodowym. Za pomocą naszego kalkulatora każda zainteresowana osoba posiadająca dostęp do Internetu uzyska w czasie rzeczywistym (po odpowiedzi na szereg pytań) numeryczne prawdopodobieństwo zakażenia. Opracowany model matematyczny który za tym stoi to drzewista regresja logistyczna. Pytania zostały dobrane pod kątem znanych z innych badań czynników ryzyka indywidualnych oraz krzyżowych. Współczynniki oraz struktura drzewa decyzyjnego zostały wprowadzone ręcznie na podstawie danych literaturowych. Następnie współczynniki zostały doszacowane w procedurze iteracyjnej na bazie ponad 7000 porodów w Polsce. Drugą część walidacji modelu przeprowadziliśmy w badaniu ankietowym, w którym poza wypełnieniem internetowej karty oceny ryzyka zakażenia poprosiliśmy o udzielenie odpowiedzi dotyczące samego narzędzia. Główny nacisk położyliśmy na szacowania ryzyka i odbiór pytań w kalkulatorze.

Zanim upowszechnimy nasze rozwiązanie (<http://platforma.sirsz.pl/ankieta/zak/index.php>), postanowiliśmy sprawdzić odbiór prezentowanego przez nas numerycznego prawdopodobieństwa, gdyż nawet wykwalifikowana kadra medyczna ma problemy z poprawną oceną i interpretacją ryzyka (zgodnie z eksperymentami prof. Gigerenzera większość lekarzy błędnie komunikuje liczbowo ryzyko). Przeprowadziliśmy pilotaż na 10 ekspertach związanych z położnictwem. Stopień zgodności numeryczny

prawdopodobieństwa wyznaczonego przez algorytm, a prawdopodobieństwem szacowanym przez ekspertka okazał się niższy niż oczekiwaliśmy. Jednocześnie nasi eksperci w zdecydowanej większości prawidłowo jakościowo klasyfikowali ryzyko oraz wyznaczali najistotniejsze czynniki ryzyka (przez nas definiowane jako posiadający największy wkład czynnikowy w funkcji ryzyka). Kolejnym etapem był pilotaż na 37 kobietach – potencjalnych pacjentkach. W tej kohortie spotkaliśmy się często z niezrozumieniem terminologii medycznej (klasyfikacja ASA i czystość pola operacyjnego), co powodowało błędne wypełnienie karty oceny, a co za tym idzie niepoprawne oszacowanie prawdopodobieństwa przez nasz algorytm. Opis jakościowy czynników ryzyka wypadł w kohortie pacjentek zdecydowanie gorzej niż u ekspertów, jednak co najważniejsze – stopień zgodności numerycznej był na tym samym niskim poziomie.

Chcemy również uniknąć potencjalnych negatywnych skutków na kobiety, gdyż już na etapie rozmów ze specjalistami zdrowia publicznego wyłaniają się pewne przeciwwskazania. Przykładowo nasza aplikacja może wzbudzać poczucie winy u kobiet o wskazaniach medycznych do cięcia cesarskiego, więc pokazywanie im zwiększonego ryzyka niczego nie zmieni w sensie medycznym, a może wpływać negatywnie na psychikę.

Pomimo dostępnych technologii informatycznych i wiedzy medycznej, narzędzi dedykowane chorobom zakaźnym natrafiają wciąż na wiele barier. Z przeprowadzonego pilotażu wynika, że komunikacja z użytkownikiem za pomocą numerycznego prawdopodobieństwa zakażenia chorobą zakaźną nie spełnia swojej roli poznawczej i komunikat słowny/wizualny jest koniecznym elementem przekazu. Zauważaliśmy, że krytycznym okazuje się posiadanie wiedzy medycznej w celu poprawnej oceny karty ryzyka, aczkolwiek spróbujemy w następnej wersji w bardziej przystępny sposób opisać kategorie o które pytamy. Zwróciliśmy również uwagę na psychologiczne aspekty podejmowania ryzykownych zachowań (np. cięcie cesarskie na życzenie).

15.1 Najważniejsze wnioski z wdrożenia kalkulatora ryzyka dla pacjentek

- **Innowacja na skale krajową – odpowiedź na zapotrzebowanie na mobilne aplikacje okoliczowe**
- **Ryzyko „on-line” - wypełniając krótką ankietę online, utrzymuje się numeryczne prawdopodobieństwo oszacowane na podstawie naszego algorytmu**
- **Narzędzie zwalidowane numerycznie, ale wciąż możliwe społeczne „skutki uboczne” (problem interpretacji liczbowej ryzyka, czy wzbudzania poczucia winy u kobiet, które nie zawsze decydują o narażeniu na czynniki ryzyka)**
- **Wykorzystanie wtórne danych w postaci regresji drzewiastej oraz modelowania Bayesowskiego**
- **Największa liczba wyróżnień, a artykuł na ten temat to C5 i kody są dostępne: http://platforma.sirsz.pl/pluginfile.php/262/mod_folder/content/0/kalkulator_pacjenta.zip?forcedownload=1**

16 Badanie nr 5 Collegium Medicum UJ – Postrzeganie Zasad Izolacji Standardowej

Fundamentem procedur dedykowanych zapobieganiu zakażeniom jest higiena szpitalna, w tym higiena rąk. W szczególności higiena rąk uważana jest za najprostszą, najtańszą, najszybszą i jednocześnie niezwykle skuteczną procedurę istotnie wpływającą na ograniczenie ryzyka rozwoju zakażeń [cyt6]. Zalecenia WHO oraz innych gremiów eksperckich wskazują sytuacje wymagające wykonania higieny rąk w kontakcie z

pacjentami oraz jej technikę (WHO, 1988). Higiena rąk stanowi podstawę tzw. izolacji standardowej (ZIS), która wymagana jest przy kontaktach z każdym pacjentem, niezależnie od wiedzy personelu o tym, czy pacjent jest skolonizowany drobnoustrojem wymagającym szczególnego nadzoru, czy też zakażonym [cyt8]. Zasady izolacji standardowej są uwzględnione w programach nauczania kierunków studiów medycznych, każda praktyka kliniczna także powinna być poprzedzona stosownym szkoleniem, a w trakcie pracy zawodowej pracownicy medyczni powinni uczestniczyć w regularnie organizowanych szkoleniach prowadzonych przez zespół kontroli zakażeń [cyt9].

I chociaż, jak wspomniano, ZIS i higiena rąk to najszybsze, najprostsza i najtańsza procedura zapobiegania zakażeniom, praktyka pokazuje, że zasady te w różnych sytuacjach, przez różne grupy pracowników medycznych stosowane są wybiórczo bądź nawet pomijane, [cyt10, 11, 12, 13, 14, 15], zarówno w Polsce, jak i innych krajach.

Szeroko pojęta kultura organizacyjna kształtuje postrzeganie i postawy pracowników szpitali wobec ZIS, a szerzej także wobec procedur z obszaru zapobiegania zakażeniom i kwestii bezpieczeństwa pacjentów.

Celem niniejszego badania była samoocena postaw wobec zasad izolacji standardowej różnych grup personelu medycznego, uwzględniająca czynniki mogące ją determinować, jak wiek, staż pracy, miejsce pracy (typ oddziału, tj. oddziały zabiegowe, niezabiegowe, intensywnej terapii oraz szpitalny oddział ratunkowy) oraz zawód medyczny.

Narzędziem wykorzystanym w badaniu była anonimowa ankieta opracowana przez S. Bouchauda, przetłumaczona na język polski, złożona z 25 pytań dotyczących postaw ankietowanych wobec stosowania ZIS przez pracowników medycznych polskich szpitali. W metryczce ankiety zamieszczono także definicję ZIS, oznaczającą konieczność wykonywania higieny rąk oraz stosowania w sytuacjach tego wymagających elementów personal protective equipment, w szczególności rękawiczek ochronnych.

Trzon ankiety stanowiły stwierdzenia opisujące postawy personelu medycznego wobec ZIS, które skonstruowano tak, aby wskazywały jakie czynniki determinują te postawy.

odpowiedzi na pytania dotyczące ZIS. Ze względu na liczne braki odpowiedzi wykazujące właściwości kolektywne (np. konkretne pytanie nr 8 ma istotnie różny współczynnik odpowiedzi od reszty pytań), postanowiliśmy nie odrzucać wszystkich nie w pełni wypełnionych ankiet. Jednakże, w naszym badaniu dodatkowo kontrolowano braki odpowiedzi na pytania dotyczące ZIS poprzez porównanie wniosków wynikających z obu zbiorów ankiet.

Analiza danych przeprowadzona została analizą regresyjną indeksu poparcia wobec, przy początkowym założeniu wykorzystania protokołu i zgodnej z nim kategoryzacji autora ankiety S. Bouchauda:

Podjęto próbę wyjaśnienia, jakie czynniki wpływają na sumaryczny indeks, bądź częstkowy indeks poparcia „ZIS”. W tym celu zdefiniowane zostały indeksy poparcia wobec ZIS. Za każde pytanie – wskaźnik – naliczana była wartość punktowa poparcia od 1 aż do 5 (skala ilorazowa) w zależności od uzyskanej odpowiedzi w skali nominalnej od „wcześniej” do „bardzo”. Główną analizowaną zmienną zależną było tutaj sumaryczne poparcie wobec ZIS (Indeks Sum) jako suma wszystkich 25 (przekodowanych ukierunkowano dodatnio – to znaczy, że wartość punktowa dla pytań o stwierdzenia przeciwne ZIS, będzie odwrotna do bazowej skali nominalnej). Dodatkowy „Indeks Sum kontr”, czyli indeks kontrolny, wyliczany był jedynie dla tych ankiet, dla których na wszystkie pytania uzyskano odpowiedzi. W związku z tym prezentujemy dwa indeksy sumaryczne „Indeks Sum” oraz „Indeks Sum kontr” różniące się innymi procedurami dotyczącymi braków danych. Dodatkowo wyliczano sumy częstkowe dla zespołów pytań (zmiennych latentnych)

wyznaczonych różnymi metodami klasyfikacyjnymi.. Za pomocą analizy kowariancji i regresji wyznaczono wkład poszczególnych zmiennych niezależnych (z metryczki) na zmienne zależne – indeksy poparcia wobec ZIS. Zastosowano model regresji liniowej,

Tabela 11. Statystyki Opisowe (Opracowanie własne, współpraca z A. Różańską, J. Rosińskim i J. Wójkowską-Mach na podstawie D1)

Zmienna	Statystyki opisowe							
	Poziom	N	Wiek	Wiek SD	Staz	Staz SD	Indeks sum	Indeks Sum SD
Total		505.00	41.79	9.47	19.19	10.57	90.52	11.24
Plec	k	465.00	42.59	9.07	20.14	10.21	90.79	11.10
Plec	m	39.00	32.05	8.90	7.56	7.33	88.08	11.97
Plec	bd	1.00	50.00		30.00		63.00	
Miejsce pracy	MED	184.00	42.14	9.06	19.68	10.38	88.70	12.32
Miejsce pracy	ICU	62.00	42.23	8.96	19.18	10.11	89.16	12.36
Miejsce pracy	SUR	160.00	42.21	8.50	19.81	9.33	92.71	9.50
Miejsce pracy	ED	45.00	36.20	12.29	12.73	13.01	92.20	9.04
Miejsce pracy	laboratorium	1.00	26.00		4.00		87.00	
Miejsce pracy	przychod	1.00	23.00		1.00		89.00	
Miejsce pracy	prac.prote	4.00	23.25	0.50	1.00	0.00	84.00	7.07
Miejsce pracy	bd	48.00	46.02	7.78	23.54	9.52	91.08	11.88
Zawód	pielęgniarka	442.00	43.18	8.50	20.81	9.67	90.77	11.32
Zawód	analityk	1.00	67.00		48.00		94.00	
Zawód	lekarz	19.00	39.05	10.10	13.32	9.96	92.53	10.51
Zawód	EMT-P	32.00	27.44	5.45	3.56	3.78	89.06	9.44
Zawód	laborant	1.00	26.00		4.00		87.00	
Zawód	asystent	1.00	23.00		1.00		89.00	
Zawód	techn.dent	4.00	23.25	0.50	1.00	0.00	84.00	7.07
Zawód	bd	5.00	37.80	9.15	14.20	9.58	76.00	14.46

Tabela 12. Regresja liniowa wyjaśniająca całkowity indeks postrzegania ZIS w dwóch podejściach do braku danych Opracowanie własne, współpraca z A. Różańską, J. Rosińskim i J. Wójkowską-Mach, na podstawie D1)

Zmienna	Indeks Sum			Indeks Sum kontrol		
	Poziom	Czynnik	p-Value	Poziom	p-Value	
Wiek		-0.10	0.24	0.02	0.84	
Staz		0.17	0.02	0.06	0.39	
Plec	k	3.44	0.31	2.75	0.54	
Plec	m	0.22	0.95	-0.79	0.87	
Zawod	pielęgniarka	1.12	0.70	0.05	0.99	
Zawod	lekarz	5.15	0.13	4.25	0.20	
Zawod	pomocnicze	-0.36	0.92	-1.51	0.65	
Miejsce pracy	MED	-2.47	0.01	-2.91	0.00	
Miejsce pracy	ICU	-2.48	0.05	-2.95	0.02	
Miejsce pracy	SUR	1.47	0.13	1.84	0.05	
Miejsce pracy	ED	3.76	0.04	3.20	0.06	

16.1 Najważniejsze wnioski z badania postrzegania ZIS

- W polskich warunkach wciąż karanie personelu za łamanie reżimu higienicznego wciąż wnosi największy wkład w całościowe postrzeganie ZIS
- Polskie środowisko szpitalne (zwłaszcza pielęgniarki) cechuje się niskim poziomem cech przywódczych, a na tym kanale bazuje anglojęzyczna literatura dotycząca prewencji zakażeń „Infection Control”
- Artykuł D1 w trakcie przygotowywania

17 Wdrożenie nr 5 Collegium Medicum UJ – Postrzeganie Zasad Izolacji Standardowej

Wprowadzenie

Zasady Izolacji Standardowej (ZIS), czyli przede wszystkim higieny rąk, są skuteczną a zarazem tanią metodą profilaktyki zakażeń szpitalnych.

Kultura organizacyjna badana za pomocą zalgorytmizowanych narzędzi badawczych daje podwaliny pod system zarządzania zmianą w kontekście minimalizacji ryzyka.

Analiza porównawcza oryginalnej (anglojęzycznej) oraz adaptowanej (polskiej) koncepcji układu czynników wpływających na poparcie ZIS na podstawie wyników uzyskanych z badań kwestionariuszowych.

Metodyka

Narzędzie - anonimowa ankieta (25 itemów) przetłumaczona na język polski i rozprowadzona w polskich szpitalach (512 respondentów blisko struktury reprezentatywnej zawodowej, płciowej i wiekowej).

Dostosowanie zmiennych latentnych w specyfice polskich szpitali (analiza quasi-konfirmacyjna) i optymalny empiryczny układ zależności między itemami (maksymalizacja korelacji wewnętrzgrupowych, metoda głównych składowych i k-średnich).



* Zagadnienie klasteryzacyjno – klasyfikacyjne (brak możliwości wskazania kauzalności) na empirycznej próbie z modyfikacją sędziów kompetentnych

Rys 68. Schemat interakcyjny postrzegania ZIS w kulturze anglo-amerykańskiej (Opracowanie własne na podstawie schematu postrzegania S. Bouchauda, współpraca z A. Różańską, J. Rosińskim i J. Wójkowską-Mach)

W pierwszym kroku stworzyliśmy własny projekt podziału na podstawie samych pytań. Następnie przy wykorzystaniu empirycznych wyników ankiet wyznaczyliśmy podziały automatyczne metodą składowych głównych. Znając już jakość dopasowania modeli podziałów oraz ich stopień zgodności (metoda korelacji cząstkowych i normalizowanych k-średnich) na nowo utworzyliśmy ostateczny zespół kategorii: usprawiedliwienie; kultura organizacyjna; kontrkultura; wpływ; samozwańcza ocena ekspercka. Z analizy ładunków czynnikowych wynika, że pytania o usprawiedliwianie czynności zaniechania ZIS (np. poprzez wskazywanie, że inni też tego nie robią) mają u nas wysoką wagę, a pytania o zdolności przywódcze mają małą wagę.



*Teoria zarządzania ryzykiem w kontekście zdarzeń niepożądanych

Rys 69. Polska adaptacja relacji wpływu na postrzegania zasad ZIS (Opracowanie własne, współpraca z A. Różańską, J. Rosińskim i J. Wótkowską-Mach)

17.1 Najważniejsze wnioski z wdrożenia postrzegania ZIS

- W polskich warunkach wciąż karanie personelu za łamanie reżimu higienicznego wciąż wnosi największy wkład w całościowe postrzeganie ZIS
- Polskie środowisko szpitalne (zwłaszcza pielęgniarki) cechuje się niskim poziomem cech przywódczych, a na tym kanale bazuje anglojęzyczna literatura dotycząca prewencji zakażeń „Infection Control”
- Kody algorytmów wykorzystane w adaptacyjnym modelowaniu strukturalnym http://platforma.sirsz.pl/pluginfile.php/262/mod_folder/content/0/postrzeganie%20ZIS%20w%20szpitalach.zip?forcedownload=1

18 Badanie nr 6 Badanie dostępności danych i bieżąca analiza w polskich szpitalach – końcówka szpitalna



Rys 70. Schemat operacji wejścia wyjścia w aplikacji desktopowej (Opracowanie własne)

18.1 Należy wpierw zainicjować szpital poprzez opis:

- funkcjonalnej topologii (zmapowanie oraz otagowanie pomieszczeń);
- personelu (anotowanie struktury przypisań oraz formy dyżurów);
- oznaczeniem najczęstszych procedur (inwazyjnych) oraz ścieżek transportu pacjentów

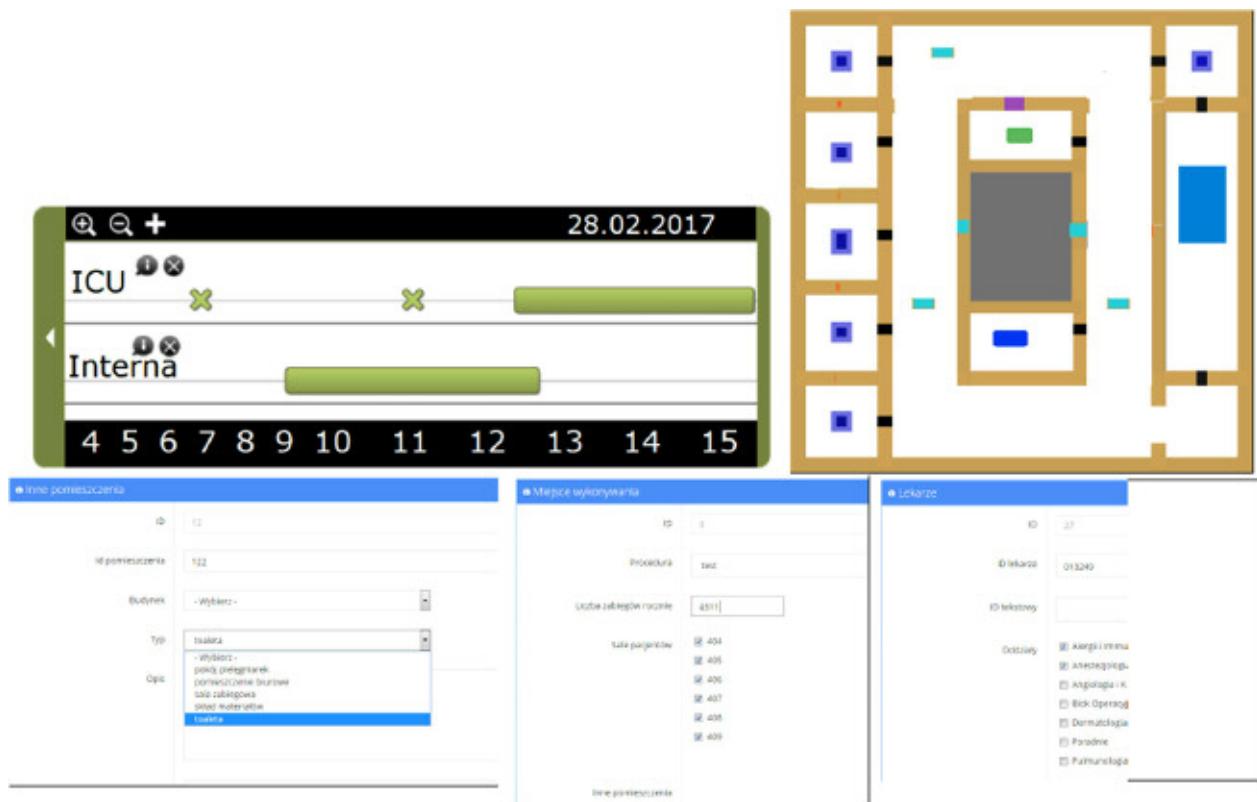
ID	Udzielony w programie	Id Oddziału	Akcja
1		Aneksologiczno-chirurgiczna klinika	
6		Angiologia Kardiologia	
7		Pneumologie	
4		Dermatologia	
5		Alergi i Immunologia	
2		Blok Operacyjny	
1		Paliatywistyka	

Rys 71. Widok ankiety inicjacyjnej – opisy oddziałów (Opracowanie własne)

Do zainicjowania procesu działania aplikacji podstawowe informacje strukturalno-organizacyjne powinny zostać uzupełnione. Kwestionariusz jest przeznaczony jako pomoc w określeniu parametrów algorytmów oraz stworzeniu mapy powiązań funkcjonalno-topologicznych. Prosi się w nim udzielanie rzetelnych odpowiedzi na zadane przez nas pytania, które umożliwią dalsze szczegółowe ukierunkowanie działanie aplikacji w szerokim zakresie prewencji zakażeń tj. przeciecia dróg szerzenia się drobnoustrojów. Ankieta

składała się z 3 grup pytań dotyczących A) obszarów związanych z całym szpitalem; B) konkretnymi oddziałami; C) zależnościami między oddziałami.

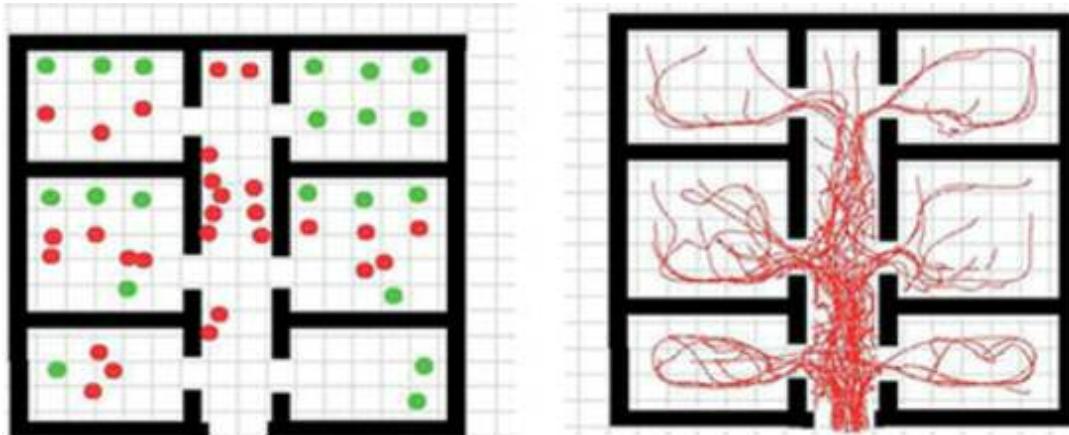
Wypełnienie ankiety polega na podjęciu próby udzieleniu odpowiedzi na każde z pytań, poprzez wybór pasującej i wpisaniu wartości liczbowych bądź kodowych. W kwestionariuszu są zawarte pytania o wspólne interakcje personelu białego badanego szpitala. Niektóre niekrytyczne pytania można pominąć, ale np. po uzyskaniu na nie odpowiedzi z wewnętrznej bazy, czy od innych pracowników, należy do niego wrócić. W kwestionariuszu znajduje się przejścia między pytaniami oraz niektóre informacje np. dotyczące lekarzy, mogą zostać wpisane z poziomu B oraz C.



Rys 72. Widok ankiety inicjalnej u góry w wersji rozszerzonej (ręczne obrysowanie topologii szpitalnej oraz podanie grafiku pracowników) oraz w wersji podstawowej na dole (opis pomieszczeń oraz przypisani pracowniczych) (Opracowanie własne)

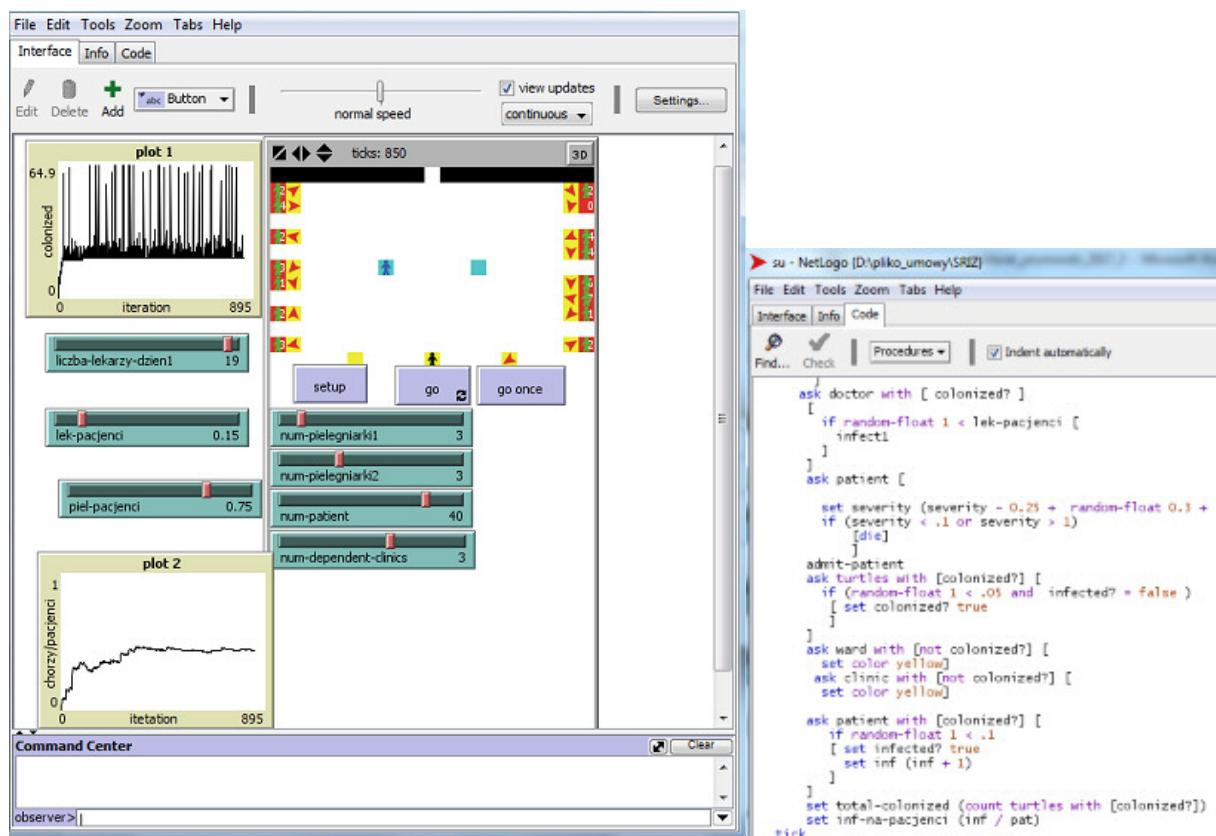
18.2 W ramach proponowanego środowiska można testować m.in.:

- zachowanie w czasie ogniska, izolację kontaktową pacjenta (przypisanie dedykowanego personelu, różne separatki);
- zmianę organizacyjną, skład dyżurów oraz obsadzenie kadrowe, wyznaczanie miejsc procedur;
- przy projektowaniu szpitala ustalanie rozkładu pomieszczeń, ich roli oraz szlaków komunikacyjnych.



Rys 73. Topografia szpitala ze ścieżkami pacjentów (Opracowanie własne na podstawie X1)

W module zmiany możliwe jest testowanie wrażliwości układu np. na patogeny których nie odnotowano jeszcze w danym szpitalu oraz dokonywanie wirtualnych zmian w strukturze organizacyjnej. Główną miarą zwracaną użytkownikowi docelowemu jest podatność na występowanie ognisk, liczona jako sieciowa miara ryzyka dla jednostek szpitala, będącą wypadkową potencjalnych ścieżek zakażeń. Zewnętrzne dane w zakresie regionalnej epidemiologii szpitalnej oraz sieci transferów między szpitalami

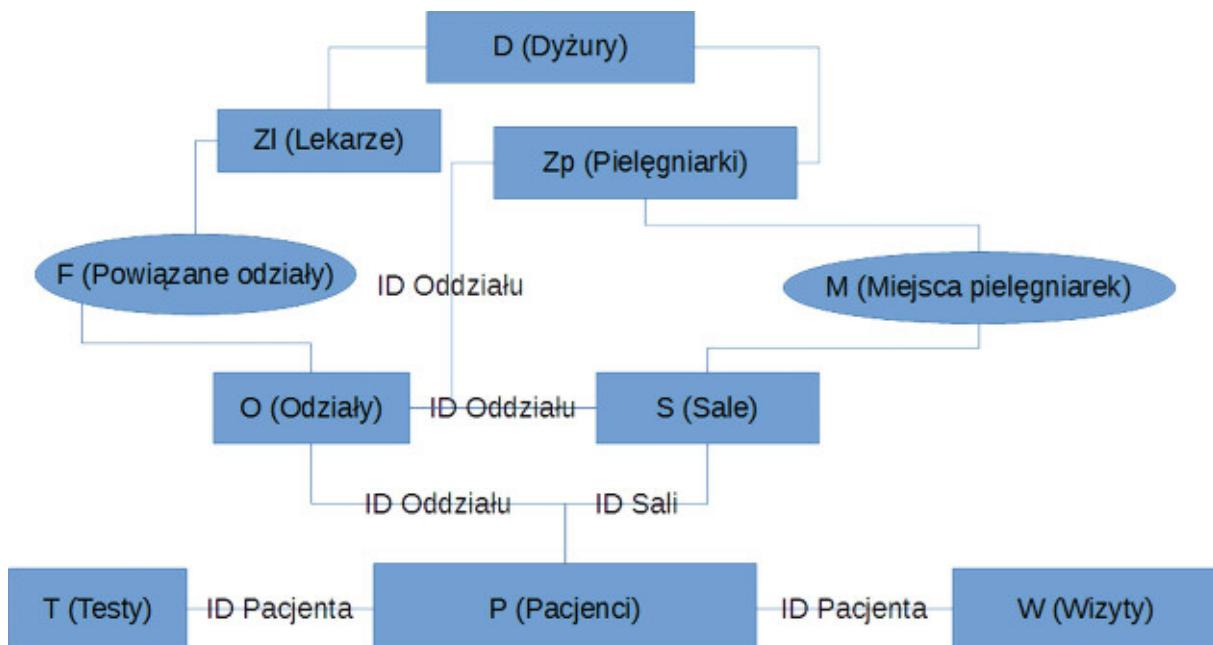


Rys 74. GUI programu w Netlogo opisującego dynamikę kontaktów w klinice przy ustalonej liczbie kadry, pacjentów oraz sposobie przemieszczania się. Dodatkowo fragment kodu wykonywującego się (opracowanie własne na podstawie X1)

18.3 Bieżąca analiza danych i wykorzystywanie danych z Informatycznego Systemu Szpitalnego

Schemat zakresu przetwarzanych danych oraz komunikacji z systemem HIS nasze aplikacji

Algorytm szpitalny działa na podstawie danych z rejestru przyjęć i zwolnień pacjentów z poszczególnych jednostek podległych szpitala (sale, kliniki itp.); układu topologicznego szpitala oraz rejestru personelu medycznego i wyników badań mikrobiologicznych. Rozwój technik komputerowych ułatwiających gromadzenie i analizowanie dużych ilości danych, umożliwił dokładne zbadanie struktury sieci rzeczywistych kontaktów oraz procesów epidemiologicznych występujących na nich. Ponieważ główną drogą rozprzestrzeniania się chorób zakaźnych są kontakty interpersonalne, struktura sieci tych kontaktów ma istotny wpływ na dynamikę oraz rezultaty epidemii.



Rys 75. Struktura danych i powiązania tabel (opracowanie własne)

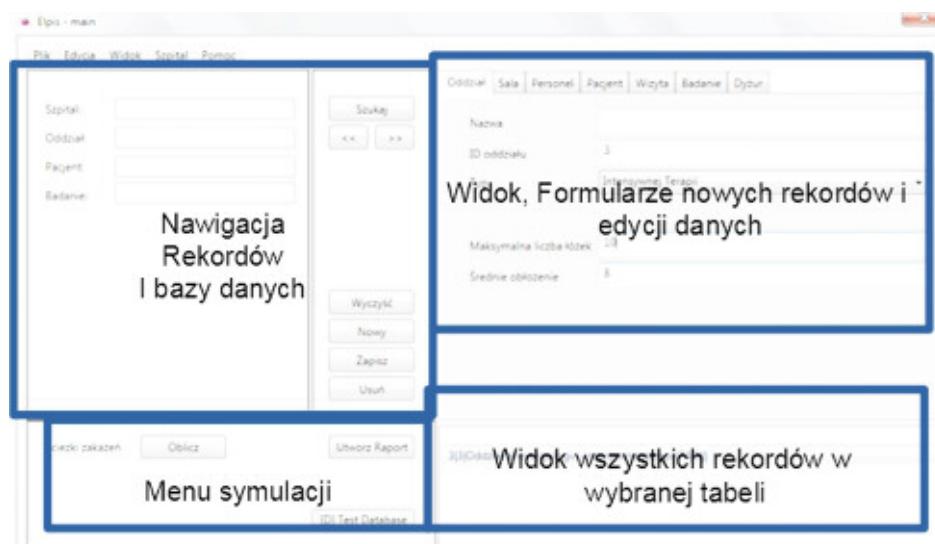
Tabela:	Wizyty (W)	Aktualizowana przez HIS automatycznie 1 dzennie			
Pola:	Data Przyjęcia	Data Wizyty	ID Pacjenta	ID oddziału/ID Sali	Skład
Typ:	Data	Data	L. naturalna	L. naturalna	String

Tabela:	Wizyty (W)	Aktualizowana przez HIS gdy pojawia się nowa unikalna wizyta	
Pola:	ID Pacjenta	ID Testy	Opis
Typ:	L. naturalna	L. naturalna	String

Tabela:	Testy (T)	Wpisywana na bieżąco ręcznie z kart zakażeń								
Pola:	ID Pacjenta	Patogen1 Data Testu	Patogen1 Wynik Testu	Patogen1 Szczep	Patogen2 Data Testu	Patogen2 Wynik Testu	Patogen2 Szczep	Patogen n Data Testu	Patogen n Wynik Testu	Patogen n Szczep
Typ:	L. naturalna	Data	Binarny/Skala nominalna	String	Data	Binarny/Skala nominalna	String	Data	Binarny/Skala nominalna	String

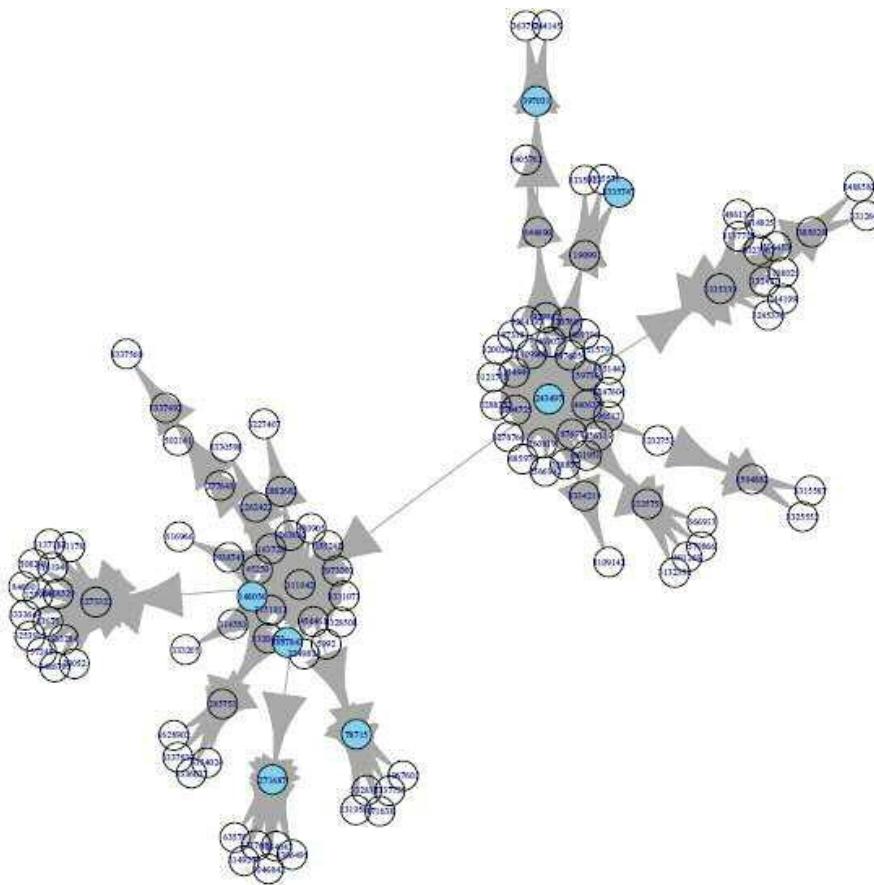
Tabela:	Oddziały (O)	Wpisywana jednorazowo ręcznie w celu zainicjowania systemu			
Pola:	ID Oddziału	Rodzaj oddziału	Max liczba łóżek	Srednie obłożenie	Opis oddziału
Typ:	L. naturalna	Lista wyboru	L. naturalna	L. naturalna	String
Tabela:	Sale (S)	Wpisywana jednorazowo ręcznie w celu zainicjowania systemu			
Pola:	ID Oddziału	Rodzaj Sali	Łóżek	Srednie obłożenie	
Typ:	L. naturalna	Lista wyboru	L. naturalna		
Tabela:	Zasoby Lekarze (ZL)	Wpisywana jednorazowo ręcznie w celu zainicjowania systemu			
Pola:	ID Osoby	ID Oddziału			
Typ:	L. naturalna	L. naturalna			
Tabela:	Zasoby Pielęgniarki (Zp)	Wpisywana jednorazowo ręcznie w celu zainicjowania systemu			
Pola:	ID Osoby	ID Oddziału			
Typ:	L. naturalna	L. naturalna			
Tabela:	Funkcje (F) międzyoddziałowe	Wpisywana jednorazowo ręcznie w celu zainicjowania systemu			
Pola:	Powiązania funkcjonalne				
Typ:	Macierz liczb naturalnych L. oddziałów x L. oddziałów				
Tabela:	Przypisanie pielęgniarskie (M)	Wpisywana jednorazowo ręcznie dla każdego oddziału w celu zainicjowania systemu			
Pola:	Miejsca odpowiedzialności				
Typ:	Macierz L. naturalnych L. sal x L. pielęgniarek				
Tabela:	Dyżury (D)	Generowana przez HIS lista binarna obecności na każdy dzień			
Pola:	Dyżury				
Typ:	Dzienna, binarna lista obecności personelu t_lekarzy + t_pielęgniarek				

Rys 76. Zakres pobieranych danych oraz sposób komunikacji z HIS-em (opracowanie własne)



Rys 77. Interfejs graficzny aplikacji desktopowej do bieżącej pracy z końcówką szpitalną systemu (opracowanie własne)

Poniżej mamy przykładowe wyniki analiz wytworzone, przez naszą aplikację desktopową



Rys 78. Przykładowe najbardziej prawdopodobne ścieżki zakażeń w szpitalu, gdzie w kolorze niebieskim mamy pacjentów rzeczywiście zakażonych (opracowanie własne)

Tabela 14. Tablica wynikowa algorytmu klasyfikacji pacjentów do grup ryzyka (dane fikcyjne). Ryzyko podawane jest jako ryzyko, że pacjent zostanie zakażony oraz że pacjent będzie zakażał innych w formie liczby całkowitej od -3 do 3 (opracowanie własne)

Pacjenci dodatni	Ryzyko zakażenia	Ryzyko zakażenia innych	Centralność in	Centralność out
406635	-1	0	3.2	2.9
46185	2	2	6.7	8.9
3404187	2	2	5.4	4.2
3374971	2	1	6	5.5
211976	3	3	7.3	8.1
589853	2	1	5.7	5.9

Centralność (in) oraz (out) jest miarą podstawową i w ramach pilotażu dokonywano mapowania liczby zmiennoprzecinkowej nieujemnej na dyskretną skalę czytelną dla epidemiologa.

18.4 Analiza ognisk

Nowoczesne techniki sekwencjonowania genetycznego czy fenotypowania pozwalają na systematyczne porównanie populacji patogenów pobranych od różnych chorych w różnych punktach czasowych.

Optymalnym rozwiążaniem jest więc połączenie wiedzy mikrobiologicznej z epidemiologiczną, w celu opracowania rozprzestrzeniania się zakażeń szpitalnych, zwłaszcza że matematyczne podstawy już istnieją.

Odtwarzanie ścieżek matematycznych polega na symulowanej nawigacji (zgodnie z informacjami z wywiadu epidemiologicznego) po macierzy odległości między poszczególnymi populacjami patogenu.

Najczęściej stosowaną w literaturze przedmiotu metodą ustalania odległości (wymagającą jednak wcześniejszego sekwencjonowania pełnych funkcjonalnych fragmentów genomu) jest zliczanie polimorfizmów pojedynczego nukleotydu (zegar ewolucyjny). Jednak w przypadku ograniczonych danych mikrobiologicznych uzyskanych z polskich szpitali w ramach projektu System Informatyczny Zakażeń Szpitalnych, odległość definiujemy porównując wektory cech fenomenologicznych.

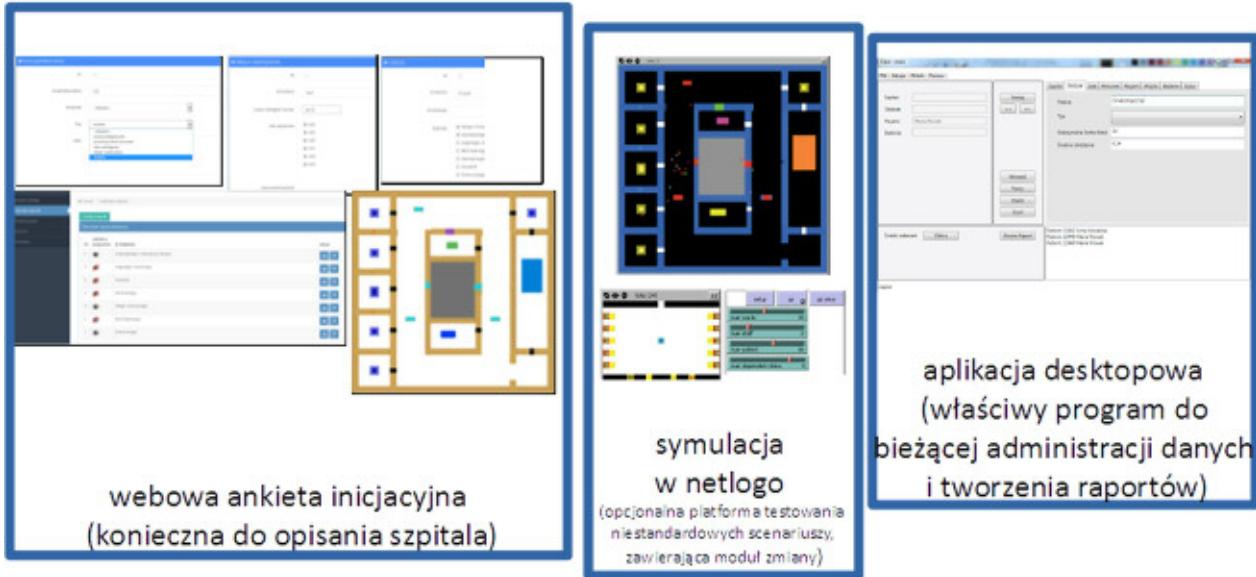
18.5 Najważniejsze obserwacje z badania w trzech szpitalach

- generowanie zestawu danych umożliwiającego badanie wpływu zmian organizacyjnych na funkcjonowanie szpitala – lepsze poznanie własnego szpitala przez mapowanie
- wydłużony czas symulacji wpływający na dokładność otrzymanych wyników (zbieżność algorytmów otrzymana dopiero na klastrach obliczeniowych) ograniczająca desktopowy charakter aplikacji szpitalnej
- przed wprowadzeniem P1 i Elektronicznej Dokumentacji Medycznej niski potencjał wdrożeniowy (zwiększenie kosztów i nakładu czasu związane z uruchomieniem systemu przez przygotowanie stosownych widoków w HIS i ręczne wprowadzanie danych)
- Kody są dostępne: (analiza ognisk)
 - http://platforma.sirsz.pl/pluginfile.php/262/mod_folder/content/0/analiza%20ognisk.zip?forcedownload=1, (wyznaczanie ryzyka)
 - http://platforma.sirsz.pl/pluginfile.php/262/mod_folder/content/0/kody%20pomocnicze%20do%20wyznaczania%20ryzyka.zip?forcedownload=1, (symulacja dla gronkowca)
 - http://platforma.sirsz.pl/pluginfile.php/262/mod_folder/content/0/symulacje%20dla%20gronkowca%20zlocistego%20VB.zip?forcedownload=1, (symulacja środowiska szpitalnego w Netlogo)
 - http://platforma.sirsz.pl/pluginfile.php/262/mod_folder/content/0/symulacja%20dzialania%20szpitala%20%28netlogo%29.zip?forcedownload=1

19 Wdrożenie nr 6-kończówka szpitalna

Proponowany system składa się z algorytmu szacowania ryzyka strukturalnego na wystąpienia ogniska oraz modułu zmiany (interwencji). Algorytm działa na podstawie zadeklarowanej w procesie inicjacji struktury organizacyjnej oraz danych na bieżąco zaciąganych z szpitalnego systemu informatycznego: rejestru przyjęć i zwolnień pacjentów z poszczególnych jednostek podległych szpitala (sale, kliniki itp.), wyników badań mikrobiologicznych, dyżurów personelu medycznego. W module zmiany możliwe jest testowanie wrażliwości układu np. na patogeny których nie odnotowano jeszcze w danym szpitalu oraz dokonywanie wirtualnych zmian w strukturze organizacyjnej. Główną informacją zwracaną użytkownikowi docelowemu

jest podatność na występowanie ognisk, liczona jako sieciowa miara ryzyka dla jednostek szpitala będącą wypadkową potencjalnych ścieżek zakażeń



Rys 79. Trzy-etapowy schemat wdrożenia

19.1 Schemat szczegółowy wdrożenia w szpitalu

Etap. 0 (Nawiązanie współpracy)

Wybranie oddziału/oddziałów zamkniętych funkcjonalnie w celu analizy potrzeb pracowników szpitala.

Etap. 1 Przygotowania

Wybranie oddziału/oddziałów

Celem przygotowania programu będziemy potrzebować w pierwszej fazie projektu:

- Rozkładu pomieszczeń szpitalnych: sal pacjentów (z uwzględnieniem średniej liczby łóżek oraz ich średniego obłożenia), toalet, sal zabiegowych oraz pomieszczeń socjalnych;
- Funkcjonalnej struktury szpitala: ścieżek komunikacyjnych pacjentów oraz kadry wewnętrz oraz pomiędzy oddziałami.

Przygotowaliśmy i udostępniliśmy:

- Zestaw plików wykonywalnych i kody źródłowe
<http://platforma.sirsz.pl/course/view.php?id=5>
- Instrukcja obsługi <http://platforma.sirsz.pl/course/view.php?id=7>
- tutorial <http://platforma.sirsz.pl/course/view.php?id=8>

Etap. 2 Wprowadzanie danych bieżących

Po zbudowaniu przez nas modelu pełnego schematu szpitala przydatne będzie oddelegowanie pracownika (w wymiarze nie większym niż 4h tygodniowo) do którego obowiązków będzie należało zbieranie bieżących i historycznych informacji o zanotowaniu patogenu alarmowego w poszczególnych salach/oddziałach. Algorytm działa na podstawie danych z rejestru przyjęć i zwolnień pacjentów z poszczególnych jednostek podległych szpitala (sale, kliniki itp.) oraz rejestru pracowników służby zdrowia. Dane są importowane z systemu informatycznego służby zdrowia, a następnie wyniki działania algorytmów zostają zaprezentowane szpitalnemu epidemiologowi, bądź osobie pełniącej tą funkcję w celu interpretacji oraz wykorzystaniu w kontroli i prewencji. W celu zapewnienia bezpieczeństwa danych aplikacja będzie miała charakter desktopowy.

Etap. 3 Analiza wyników

Konsorcjum i szpitalny zespół epidemiologiczny analizują uzyskane wyniki. Dokonywana jest walidacja ręczna.

19.2 Walidacja aplikacji w szpitalu

W związku z walidacją prospektywno modelu przeprowadzono badanie prospektywne. Na subiektywnej skali ryzyka zespół ds. zakażeń miał notować ryzyko zakażenia, bądź zakażenia innych.

Tabela 15. Protokół kodowania pacjenta przez zespół zakażeń w szpitalu

Bardzo niskie	niskie	Poniżej przeciętnego	przeciętne	Powyżej przeciętnego	wysokie	Bardzo wysokie
-3	-2	-1	0	1	2	3

Następnie wpisywano do systemu karty zakażeń zgodnie z ustalonymi patogenami Według listy kodowej.

Patogeny (Badania)

Identyfikator szpitalny – kod oddziału:

Indykatorka Pacjenta – numer szpitalny

Patogen 1 – Gronkowiec Złocisty

Patogen 2a – Acinetobacter

Patogen 2b – Klebsiella Pneumonia

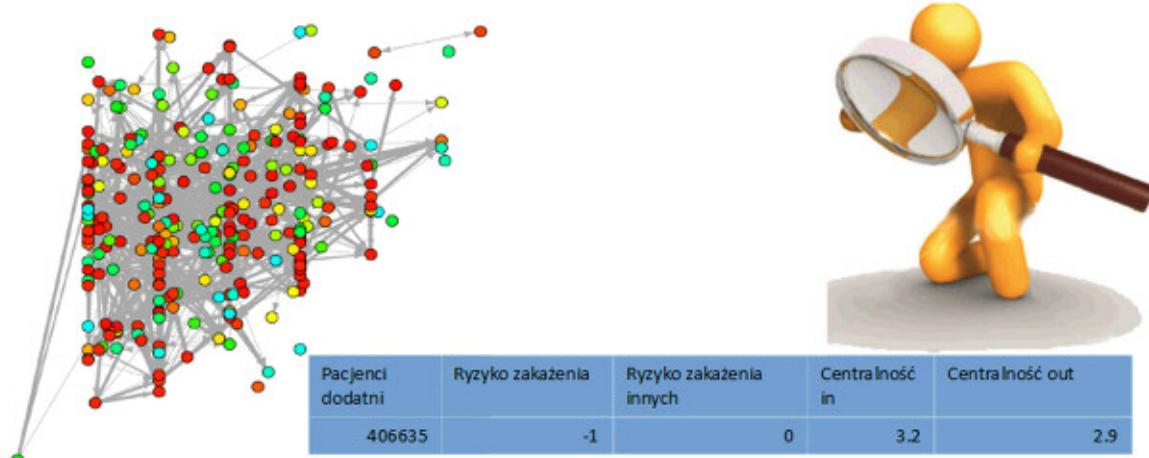
Wyniki 1-dodatni, 0-ujemny

Szczep – 1 zakażenie, 0 – nosicielstwo/kolonizacja

Poziom – 1 (oporny, np. MRSA/NDM), 0 (Podatny, np. MSSA/brak NDM)

Końcowym elementem procesu walidacji było porównanie wyników szacowania przez personel z wynikami z szpitalnej aplikacji desktopowej systemu SIRSZ uruchomionej dla wiedzy z kolejnych dni obserwacji.

Centralność wierzchołka (Page Rank) vs Ludzka percepcja ryzyka



Rys 80. Schemat walidacji przez personel (klasyfikacji pacjenta do grup ryzyka) i wyników symulacji (Opracowanie własne, a element graficzny w postaci ludzika wtórnie wykorzystany, ze źródła – Internet)

Wyniki walidacji po dogłębnej analizie i po uzyskaniu zgód od szpitali zostaną opublikowane jako wyniki badania wielo-ośrodkowego.

19.1 Najważniejsze obserwacje z wdrożeń w dwóch szpitalach

- funkcjonalne narzędzie do analizy danych związanych z topologią i personelem szpitala
- innowacja w skali świata o dużym ryzyku inwestycyjnym - czasochłonne wdrożenie bez jednoznacznego wyniku walidacji
- konieczne usprawnienie interfejsu użytkownika, opracowania widoków w HIS jeżeli nie ma HL7 (bądź stworzenia wtyczki, lecz to zbyt drogie rozwiązanie)
- Podsumowanie walidacji i pilotażu zostanie opublikowane jako D3, a kody – przykłady są dostępne: (Acinetobacter z dyżurami w postaci zbiorowej)
http://platforma.sirsz.pl/pluginfile.php/262/mod_folder/content/0/symulacja%20dla%20dyzurow%20zebranych%20w%20postaci%20zagregowanej_acintetobacter.zip?forcedownload=1

20 Podsumowanie

Współczesna medycyna oferuje pacjentom wiele zaawansowanych metod diagnostyki i leczenia chorób, jednak korzystanie z usług opieki zdrowotnej oznacza dla pacjentów także narażenie na kontakt z drobnoustrojami chorobotwórczymi, które w środowisku szpitalnym jest większe niż poza nim, a bakterie wywołujące zakażenia szpitalne wykazują się większą zjadliwością i lekoopornością niż bakterie występujące w środowisku domowym. W praktyce oznacza to, że nawet u co dziesiątego pacjenta korzystającego z usług szpitalnych dochodzi do rozwoju różnych form zakażeń, których przebieg i konsekwencje mogą być

poważne. W odpowiedzi na ten problem rozpoczęła się era zorganizowanej, opartej na dowodach kontroli zakażeń. Oznacza to powołanie profesjonalnych interdyscyplinarnych zespołów kontroli zakażeń, których celem jest monitorowanie sytuacji epidemiologicznej, tworzenie procedur zapobiegania zakażeniom, ich wdrażanie, obejmujące szacowanie ryzyka oraz analizę ognisk zakażeń. W tej sytuacji wspomaganie podejmowania decyzji w zakresie kontroli zakażeń jest już praktykowane. W dobie rozwoju technologii informatycznych wspomaganie tych procesów przez inteligentne systemy komputerowe wyposażone w bazy wiedzy dziedzinowej wydają się najlepszym rozwiązaniem tego problemu, stąd wywodzi się nasza polska innowacja.

Jak wspomniano na wstępie w rozdziałach teoretycznych, modelowanie różni się od badań klinicznych próbą odnalezienia analogii do układów fizycznych i wykorzystaniu metod wypracowanych w innych dziedzinach. Ciężko mówić w tym momencie o sprawdzalności modelów. Jak każda metodologia, modelowanie ma swoje słabe strony. Wiele modeli jest słabych od samego początku, bądź po prostu błędnych, co niestety bardzo ciężko zweryfikować. Np. do tej pory trwa dyskusja czy czarna śmierć niszcząca średniowieczną Europę to choroba wirusowa (dżuma krwiotoczna), czy bakteryjna (dżuma dymienica) i mimo zupełnie innych mechanizmów opisujących to zjawisko, ciągle oba typy modelowania pojawiają się równolegle. Warunkiem stosowności jest znajomość parametrów medycznych. Czułość na zmianę parametrów i inne efekty chaotyczne, czy numeryczne również może mieć wpływ na wyniki, zwłaszcza że modele często mają setki parametrów. Tak samo modelowanie populacji we współczesnym świecie jest również problematyczne (zmienność genetyczna, czy mobilność). Na zjawiska rozprzestrzeniania się chorób zakaźnych ma wpływ wiele niekontrolowanych czynników jak wizyty rodzin chorych, których zazwyczaj nie da się ująć w modelu nie komplikując go diametralnie. Jednakże największym problemem w Polsce jest brak specjalistów i centrów badawczych w tej dziedzinie. Do budowy i analizy tak skomplikowanych modeli potrzebne są umiejętności matematyczne, programistyczne oraz wiedza epidemiologiczna i medyczna (rzadka kombinacja). W związku z tym matematyczne modelowanie i obliczenia symulacyjne nie są jeszcze stosowane w pracy i szkoleniu specjalistów do spraw życia publicznego, czy w podejmowaniu decyzji rządowych jak sieci szpitali, czy nowelizacja ustawy o zwalczaniu chorób zakaźnych.

Na dzień dzisiejszy szczytem możliwości modeli przez nas opracowywanych jest odtworzenie tego, co epidemiologia już wie i dopiero w niewielu przypadkach pozwoliły one odkryć nowe, nieznane zależności. Dużo większymi sukcesami praktycznymi mogą pochwalić się metody statystyczno-obliczeniowe, ponieważ intelligentne algorytmy nie są już domeną nauki, a wspierają procesy życia codziennego. Opisana metodologia może jednak pomóc w weryfikowaniu hipotez odnoszących się do konkretnych problemów społecznych, ze względu na powtarzalność i ściśłość metodyki. Wspomniane w tym raporcie stworzone przez nas fizyków narzędzia są na tyle uniwersalne, że mogą zostać użyte po dokonaniu niewielkich modyfikacji w analizie innych różnych zagadnień medycznych. Do niedawna weryfikacja modeli była w zasadzie niemożliwa z powodu niedostępności danych i niemożliwości prowadzenia wielkoskalowych eksperymentów. Ostatnim czasem prowadzi się eksperymenty na coraz większą skalę w formie badań prospektywnych, skąd wiadomo że wspierana komputerowa celowana antybiotykoterapia (Leibovici, 2014) jest skuteczniejsza od decyzji ludzkich.

Projekty w obszarze modelowania, układów złożonych, czy analizy danych mogą mieć zastosowanie w wielu miejscach jak firmy komputerowe, firmy telekomunikacyjne, e-firmy, banki, instytuty naukowe w Polsce i za granicą oraz wszędzie tam, gdzie potrzebna jest interdyscyplinarna wiedza na temat modelowania dynamiki układów społecznych. Wierzymy, że niedługo taka możliwość otworzy się w skostniałych instytucjach szpitalnych i szeroko pojętej sfery zdrowia publicznego. Potrzebne są nowe umiejętności aby móc wspólnie prowadzić badania w zakresie:

- prowadzić obserwacje zdarzeń niepożądanych w układach stochastycznych;
- tworzyć wizualizację i analizować zjawiska transmisji patogenów rzeczywistych układach;
- badać izolację personelu i pacjentów;
- tworzyć algorytmy do analizy genetycznej klonalności zakażeń;
- analizować sieci kontaktów w szpitalu;
- symulować dynamikę propagacji zakażeń.

Nasze rozważania o ocenie ryzyka są również niejako w poprzek zasad nauczania mikrobiologii o traktowaniu każdego pacjenta jednakowo. Oznacza to, że każdego chronimy przed zakażeniami tak samo i każdego traktujemy jako zakażonego. Wiedza lekarza/pielegniarki o potencjalnej chorobie zakaźnej pacjenta może pomóc w znaczny sposób przed popełnieniem przez lekarza błędu przy procesie terapeutycznym. Dodatkowo przyczyni się niewątpliwie do większej uwagi w celu uniknięcia przypadkowego zakażenia, gdyż pielegniarka otrzymując sygnał, że dany pacjent jest wyjątkowo ryzykowny zachowa ponadprzeciętny rygor higieniczny i ZIS. Natomiast jak ta wiedza może być przekazana szerszemu kręgowi osób, w szczególności personelowi szpitalnemu? Średni i niższy personel medyczny stanowi bowiem, zespół zajmujący się pacjentem, niejednokrotnie nawet bardziej niż lekarz narażony na przypadkowe zakażenie. Czy lekarz i personel pomocniczy winien traktować wszystkich pacjentów jak potencjalnie zarażonych chorobami zakaźnymi? Odpowiedź na to pytanie znajdziemy w nowym Kodeksie Etyki Lekarskiej, który zwalnia lekarza z obowiązku zachowania tajemnicy, jeśli to miało zagrażać w sposób istotny życiu leczonego lub innych osób (Kodeks Etyki Lekarskiej, 2003). Jednak kolejne niebezpieczeństwo stoi po stronie nowej Dyrektywy Unijnej o Ochronie Danych Osobowych wchodzącej w życie już w roku 2018, a wiąże się z sankcjonowanie wykorzystania wtórnego danych o pacjentach bez ich zgody. Niestety konieczność gromadzenia bardzo szczegółowej wiedzy o wszystkich użytkownikach służby zdrowia, może budzić kontrowersje nie tylko z powodu ingerencji instytucji w życie jednostki, ale przede wszystkim z powodu możliwości wnioskowania na podstawie tych danych. Takie wymuszanie na uzyskanie zgody na możliwość identyfikowania pacjenta (a jest to konieczne ze względu na pojawianie się tego samego pacjenta wielokrotnie w różnych miejscach systemu) w dużym stopniu blokuje rozwój tego typu rozwiązań co prezentowany przez nas system SIRS-Z.

20.1 Analiza realizacji projektu

Wieloaspektowość ludzkich zachowań utrudnia zastosowanie modeli explicite w podejmowaniu decyzji, ale modele pozwalają na lepsze poznanie problemu zakażeń szpitalnych. Jednak wdrożenie naszych modeli pomogło spojrzeć na ten sam problem z innej strony wśród beneficjentów naszego systemu.

Tabela. Efekty Innowacyjne realizacji projektu w perspektywie interdyscyplinarne w zakresie badawczym (badania naukowe) oraz aplikacyjnym (rozwój i stosowalność):

BADAWCZE	APLIKACYJNO-ROZWOJOWE
- nauki ścisłe i matematyczne (np. analiza sieci złożonych, model propagacji)	- algorytmy (np. środowisko symulacyjne dla szpitala, internetowa ankietka inicjacyjna)
- nauki społeczne (np. sieci społecznościowe)	- zmiana społeczne (np. edukowanie, promocja zdrowia,

<ul style="list-style-type: none"> - nauki informatyczne (np. kalkulatory ryzyka, symulacje komputerowe) - nauki medyczne (np. choroby zakaźne, szacowanie ryzyka, estymacja czynników ryzyka) 	<ul style="list-style-type: none"> telemedyczny oraz interdyscyplinarności) - IT (np. internetowa ankieta inicjacyjna)) - medycyna translacyjna (np. walidacja aplikacji poprzez badanie zgodności z ludzką oceną)
--	---

SŁABE STRONY

- Zaangażowanie szpitali
- Środowisko symulacyjne w szpitalu
- IT (np. problem czasu trwania algorytmów i funkcjonalności aplikacji desktopowej)
- Gromadzenie odpowiednich danych przez szpital
- Słabe dostosowanie do aktualnych potrzeb jednostek medycznych

Największym naszym problemem było zaangażowanie szpitali w działanie. Na wynagrodzenia i nagrody dla personelu medycznego przewidzieliśmy budżet równy jednej przerwie kawowej (określenie preza PTZS), to i tak stanowiło prawie 15% kosztów projektu. Wiemy, że lepiej byłoby mieć taki szpital w projekcie, więc w celu utrzymania systemu SIRS-Z będziemy wnioskować o międzynarodowy grant naukowy ze szpitalem jako konsorcjantem. Dyrektywy Unijne nakazują w ogólności raportować wszystkie zdiagnozowane przypadki HAI (co nie wszędzie było wymagane) oraz wymagany jest etat epidemiologa w każdym szpitalu odpowiedzialnego za zapobieganie zakażeń, jak też za przeprowadzanie dochodzeń epidemiologicznych dla zaistniałych przypadków. Niestety w polskiej ustawie o Zakażeniach Zakładowych epidemiolog nie może pełnić żadnych istotnych funkcji ani w Komitecie ani w Zespole ds. Zakażeń Szpitalnych i w tym celu złożyliśmy interpelacje sejmową w ramach prac nad nową ustawą. To właśnie dostęp do danych oraz wspólny język z epidemiologami różnicujący wkład modelowania epidemiologicznego na poziomie decyzyjnym w obszarze zdrowia publicznego, że zajęliśmy się bardziej w Polsce końcówkami instytucjonalnymi.

Kwestie IT i wdrożeniowe również nie wypadły najlepiej i być może zatrudnienie profesjonalnej firmy informatycznie, na którą outsourcowalibyśmy część zadani było by lepszym rozwiązaniem, mimo wysokich kosztów takiego zabiegu

MOCNE STRONY

- Efekt badawczy (np. publikacje 60 pkt. ministerialnych, a oczekiwane 150 pkt.)
- Upowszechnienie badań (np. zainteresowanie zagranicznych jednostek badawczych)
- Promocję zdrowia i epidemiologii obliczeniowej (3 polskie oraz 2 zagraniczne wyróżnienia)
- Interdyscyplinarność (badania na pograniczu badań ścisłych, matematyczno-informatycznych, medycznych i społecznych)

Cyfrowa epidemiologia (technika rozwijana w tym projekcie) to nauka przyszłości, ponieważ możliwość analizy ogromnej liczby danych (Big Data) niskim kosztem pozwala na optymalizację procesów medycznych i tak było w tym przypadku. Liczne wyróżnienia elementów badawczych oraz zainteresowanie środowisk zagranicznych naukowych daje nadzieję na przyszłość i w związku tym, że nasz system jest na otwarty na wolnej licencji, to inne zespoły mogą wykorzystać nasze kody oraz nasze doświadczenie. W związku z tym, spora część dokumentacji projektowej, w tym tutorial i instrukcja obsługi jest też dostępna po angielsku

Bibliografia

- de Almeida Kima JLD, Pessoa de Aguiar RAL, Leite HV, Silva HHRM, Meira de Oliveira W, Sacramento JPT, Wakabayashi EA, de Souza HC, Clementre WT, Romanelli RM. Surveillance of surgical site infection after cesarean section and time of notification. *Am J Infect Control* 2016; 44: 273-277
- de Bruin, J. S., Seeling, W., & Schuh, C. Data use and effectiveness in electronic surveillance of healthcare associated infections in the 21st century: a systematic review. *Journal of the American Medical Informatics Association*, 2014. 21(5), 942-951.
- Barabási, AL, et al. (2002). Statistical mechanics of complex networks. *Rev. Mod. Phys.* 74: s:47–97.
- Batorski, D, et. al. (2001). Wprowadzenie do dynamiki społecznej. Warszawa: Wydawnictwo SWPS Academia.
- Belik, V, Hövel, P and Mikolajczyk R. (2017) "Control of Epidemics on Hospital Networks." *Control of Self-Organizing Nonlinear Systems*
- Bernoulli, D. (1766). "An attempt at a new analysis of the mortality caused by smallpox and of the advantages of inoculation to prevent it". *Mem Math Phy Acad Roy Sci Paris* , (the english translation by Sally Blower).
- Bertrandt, J., & Lasocki, K. (2012). Modelowanie i symulacja procesów oraz określenie komputerowo wspomaganych procedur w zakresie zarządzania ryzykiem bezpieczeństwa żywności i żywienia, redakcja naukowa: Jerzy Bertrandt i Krzysztof Lasocki,. Warszawa: Wojskowy Instytut Higieny i Epidemiologii.
- Białyński-Birula, I, Białyńska-Birula I, (2002) Modelowanie Rzeczywistości, WNT: W-wa.
- Brouwers, L. (2009). MicroSim: Modeling the Swedish Population.
- Brouwers, L. (1995). Microsimulation Models for Disaster Policy Making. PhD Thesis, Stockholm University.
- Buda, A., & Jarynowski, A. (2010). Lifetime of correlation. Wrocław: WN.
- Camitz, M. (2010). Computer Aided Infectious Disease Epidemiology - Bridging to Public Health. Praca doktorska, Karolinska Institutet.
- Donker et al. (2012) "Hospital Networks and the Dispersal of Hospital- Acquired Pathogens by Patient Transfer", *Plos One*, 7 (4): 1–8.
- Dybiec, B., Kleczkowski, A., & Gilligan, C. (2009). Modelling control of epidemics spreading by long-range interactions. *Journal of The Royal Society Interface* , 941-950.
- Dybiec, B. (2014). Dynamiczne sieci społeczne: powstawanie grup społecznych, hierarchii i ich trwałość, CZM
- Eggo, R. M., Cauchemez, S., & Ferguson, N. M. (2011). Spatial dynamics of the 1918 influenza pandemic in England, Wales and the United States. *Journal of The Royal Society Interface*, 8(55), 233-243.
- Fronczak, A., Fronczak P. (2009. Świat sieci złożonych. Od fizyki do Internetu. PWN
- Gigerenzer, G., & Edwards, A. (2003). Simple tools for understanding risks: from innumeracy to insight. *BMJ: British Medical Journal*, 327(7417), 741-744.
- Gigerenzer, G., Hoffrage, U., & Ebert, A. (1998). AIDS counselling for low-risk clients. *AIDS care*, 10(2), 197-211.
- Grabowski, A., & Kosinski, R. (2009). Modelowanie epidemii. Bezpieczeństwo Pracy. Nauka i praktyka , No. 5 (452) .
- Grabowski, A., & Rosinska, M. (2012). The relationship between human behavior and the processof epidemic spreading in a real social network. *Eur.Phys.J D* 83 .
- Grundmann, H, and Hellriegel B. (2006) "Mathematical modelling: a tool for hospital infection control." *The Lancet infectious diseases* 6.1 : 39-45.
- Green, D., & Bossomaier, E. (2000). Complex systems. Cambridge University Press.
- Halley, E. (1692/1693). Estimate of the Degrees of the Mortality of Mankind, drawn from curious. Tables of the Births and Funerals at the City of Breslaw. *Philosophical Transactions* , 196.
- Hedström, P, et al. (2009). *The Oxford Handbook of Analytical Sociology*. Oxford: Oxford University Press.

- Helbing, D. (1994). A mathematical model for the behavior of individuals in a social field, . *Journal of Mathematical Sociology* 19 (3).
- Holme, P. (October 2012). Temporal networks. *Physics Reports* , 519 (3).
- Jacob, C. (2010). Branching Processes: Their Role in Epidemiology. *International Journal of Environmental Research and Public Health* , 7, 1186–1204.
- Jankowski, J., Ciuberek, S., Zbieg, Z., & Michalski, R. (2012). Studying paths of participation in viral diffusion process. *Social Informatics* , 503-618.
- Jaramillo, C., Taboada, M., Epelde, F., Rexachs, D., & Luque, E. (2015). Agent based model and simulation of MRSA transmission in emergency departments. *Procedia Computer Science*, 51, 443-452.
- Jarynowski, A. (2007). Zjawiska krytyczne w przyrodzie. [online]. Wrocław, Uniwersytet Wrocławski. Dostęp: <http://th.if.uj.edu.pl/~gulakov/kracylin.pdf> [27.07.2013].
- Jarynowski, A. (2013). Modelowanie epidemiologiczne przy wykorzystaniu analizy tymczasowych sieci społecznych. W Postępy inżynierii biomedycznej. Rzeszów: Inprona.
- Jarynowski, A., & Pawłowski, J. (2013). Nowe metody wspomagania komputerowego w epidemiologii zakaźnych chorób szpitalnych, a dowód prima facie w postępowaniach sądowych.
- Jarynowski, A., Liljeros F. (2015). Contact networks and the spread of MRSA in hospitals. IEEE, ENIC 2015.
- Jarynowski, A., & Sefimovic, A. (2014). Studying Possible Outcomes in a Model of Sexually Transmitted Virus (HPV) Causing Cervical Cancer for Poland. *Advances in Intelligent Systems and Computing* , 129-141, 229.
- Jarynowski, A., Jankowski, J., & Zbieg, A. (2013). Viral spread with or without emotions in online community. arXiv:1302.3086.
- Jędrychowski, W. (2002) Podstawy Epidemiologii. Metody badań oraz materiały ćwiczeniowe. Kraków: Wydawnictwo Uniwersytetu Jagiellońskiego
- Kahneman, D. (2003). A perspective on judgment and choice: mapping bounded rationality. *American psychologist*, 58(9), 697
- Kasprzyk, R. (2010). Symulator rozprzestrzeniania się złośliwego oprogramowania w sieciach komputerowych. Symulacja w Badaniach i Rozwoju , 139-150.
- Kasprzyk, R., Najgebauer, A., & Pierzchala, D. (2010). Creative Application to Remedy Epidemics. *Risk Analysis VII and Brownfields V* , 545-562.
- Kodeks Etyki Lekarskiej – zbiór zasad etyki i deontologii zawodowej lekarza i lekarza dentysty przyjęty przez samorząd lekarski, 2003
- Komosinski, M. (2011). Życie w komputerze: symulacja czy rzeczywistość?. Nauka 2, PAN
- Kossecki J., (1996) Cybernetyczna analiza systemów i procesów społecznych. Wyd. WZIA WSP, Kielce.
- Kwapień, J., & Drożdż, S. (2012). Physical approach to complex systems. *Physics Reports* , 515 (3), pp. 115-226.
- Leibovici, L., Kariv, G., Paul, M. (2013). Long-term survival in patients included in a randomized controlled trial of TREAT, a decision support system for antibiotic treatment. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 68(11):2664-6.
- Liljeros, F. et al (2001). The web of human sexual contacts. *Nature* , 411 (6840), 907-908.
- Liljeros, F., Giesecke, J., & Holme, P. (2007). The contact network of inpatients in a regional healthcare system. A longitudinal case study. *Mathematical Population Studies*, 14(4), 269-284.
- Lubas, R, Wąs, J, Porzycki, J, Mycek, M. (2013) Wspomaganie projektowania budynków pod kątem optymalnego przepływu ludzi, ISI AGH Kraków.
- Matuszak, M. (2010). Zastosowanie modelu Helbinga w symulacji ewakuacji. Praca mgr (UWr) .
- Mazur M., (1966). Cybernetyczna teoria układów samodzielnych. PWN, Warszawa/
- Mezard, M., Parisi, M., & Virasoro, A. (1987). Spin glass theory and beyond. Singapore: World Scientific.
- Mossong, J., & Rosinska, M. (2008). Social contacts and mixing patterns relevant to the spread of infectious diseases. *Plos Medicine Vol. 5 No. 3* .
- Murray, J. (2002). Mathematical Biology. I. An Introduction (chapter 10: Dynamics if Infectious Diseases: Epidemic Models and AIDS). Springer (dostępne jest polskie tłumaczenie Urszuli Foryś).
- Marcinów, K., & Olejniczak, D. Opinie i oczekiwania pacjentów względem systemu opieki zdrowotnej. *Medycyna Rodzinna*, 2011, 1(14), 99-104.
- Najgebauer, A. (2009). Modele zagrożeń aglomeracji miejskiej wraz z systemem zarządzania kryzysowego na przykładzie miasta stofecznego Warszawy. Warszawa: Wojskowa Akademia Techniczna.
- Nowak, A, et al. (2010). Układy złożone w naukach społecznych. Wybrane zagadnienia. Warszawa: Scholar.

- Oleś, K., Gudowska-Nowak, E., & Kleczkowski, A. (2012). Understanding disease control: influence of epidemiological and economic factors. *PloS one*, e36026.
- Obadia, T., Silhol, R., Opatowski, L., Temime, L., Legrand, J., Thiébaut, A. C., ... & I-Bird Study Group. (2015). Detailed contact data and the dissemination of *Staphylococcus aureus* in hospitals. *PLoS Comput Biol*, 11(3), e1004170.
- Ohst, J., Liljeros, F., Stenhem, M., & Holme, P. (2014). The network positions of methicillin resistant *Staphylococcus aureus* affected units in a regional healthcare system. *EPJ Data Science*, 3(1), 1.
- Oleś, K., Gudowska-Nowak, E., & Kleczkowski, A. (2012). Understanding disease control: influence of epidemiological and economic factors. *PloS one*, e36026.
- Pabjan, B. (2004). The use of models in sociology. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, Volume 336, Issues 1–2, s: 146–152.
- Pokojska, J. (2014). Agentki cyfrowej zmiany – kompetencje cyfrowe kobiet w Polsce, raport DeLab UW
- Porzycki, J. (2013). Model epidemiologiczny dla Krakowa. Kraków: AGH (praca mgr).
- Rakowski, F., Gruziel, M., Bieniasz-Krzywiec, L., & J, R. (2010). Influenza epidemic spread simulation for Poland — a large scale, individual based model study . *Physica A* 389(16) , 3149-3165.
- Rekomendacje PTG. Cięcie cesarskie. *GinPol-MedProject* 2008;2(8): 90-96
- Rocha, L. (2011). Exporting patterns of empirical networks. PhD Thesis, Umea University.
- Rocha, L., Liljeros, F., & Holme, P. (2011). Simulated epidemics in an empirical spatiotemporal network of 50,185 sexual contacts. *PLoS Comp. Bio* , 7 (3).
- Rocha, LEC, Liljeros, F, et al. (2010). Information dynamics shape the sexual networks of Internet-mediated prostitution. *PNAS*, 107 (13), s: 5706-5711.
- Rodríguez, J. P., Ghanbarnejad, F., & Eguíluz, V. M. (2017). Risk of Coinfection Outbreaks in Temporal Networks: A Case Study of a Hospital Contact Network. *Frontiers in Physics*, 5, 46.
- Różańska A, Wójkowska-Mach J, Bulanda M. Is the hospital environment friendly for infection control in Poland? Experience after twenty years of modern infection control. *J Hosp Infect* 2016; 94 (3): 228-229
- Skibińska K. Ocena ryzyka zakażenia przy przyjęciu do szpitala – ewaluacja procesu, *Zakażenia*, 3/2016
- Skrypnik D., Musialik K., Skrypnik K.: Wskazania do cięcia cesarskiego według NICE; *GinPolMedProject*, 2015;2(36):31-38
- Szaniawski, K . (1971) Metody matematyczne w socjologii, Ossolineum.
- Szmatka, J, et al. (1997). Status, Network, and Structure: Theory Development in Group Processes, Nowy Jork: Stanford University Press.
- Sztompka, P. (1973). O osobliwościach nauk społecznych raz jeszcze. *Studia filozoficzne*, nr 8 (105).
- Szostek, G., Jaszuk, M., & Walczak, A. (2012). "Automatyczna budowa semantycznego modelu objawów chorobowych na bazie korpusu słownego.". *Bulletin Instytutu Systemów Informatycznych* , 9, 35-43.
- Szymański, P. (2008), Technologia, a wolność społeczeństw , Wrocław, SunRise, s. 1-2
- Van Walraven C, Musselman R. The Surgical Site Infection Risk Score (SSIRS): A Model to Predict the Risk of Surgical Site Infections. McBryde ES, ed. *PLoS ONE*. 2013;8(6):e67167. doi:10.1371/journal.pone.0067167.
- Valdano, E., Poletto, C., Giovannini, A., Palma, D., Savini, L., & Colizza, V. (2015a). Predicting epidemic risk from past temporal contact data. *PLoS Comput Biol*, 11(3), e1004152.
- Valdano, E., Ferreri, L., Poletto, C., & Colizza, V. (2015b). Analytical computation of the epidemic threshold on temporal networks. *Physical Review X*, 5(2), 021005.
- Watts, D., & Strogatz, S. (1998). Collective dynamics of small worlds networks. *Nature* , 393 (440).
- Weidmann, N. (2014). Agent-Based Modeling in the Social Sciences, Vienna: ECPR
- World Health Organization: Appropriate technology for birth. *Lancet* 1985; 2: 436-437
- Wójkowska-Mach J, Batycki R, Hulbój D, Bulanda M, Różańska A, Haczko P. Zakażenia po operacjach cięcia cesarskiego u pacjentek szpitali Polski południowej. *Ginekol Pol* 2008; 79: 536-543
- Wójkowska-Mach, J., Borszewska-Kornacka, M., Domanska, J., Gadzinowski, J., Gulczynska, E., Helwich, E., ... & Haczko, P. B. Early-onset infections of very-low-birth-weight infants in Polish neonatal intensive care units. *The Pediatric infectious disease journal*, 2012, 31(7), 691-695.
- Zygmunt, A., & Valenta, M. (2005). Pozyskiwanie wiedzy probabilistycznej dla modelu zakażeń szpitalnych. *Prace Naukowe Akademii Ekonomicznej we Wrocławiu* , 290-301.