

Załącznik 1-PL do wniosku o przeprowadzenie postępowania habilitacyjnego:
Autoreferat

Agnieszka Drużdżel (Oniśko)

Podpis autora:

A handwritten signature in blue ink that reads "Agnieszka Drużdżel". The signature is written in a cursive style.

Białystok

5 września 2016

Spis treści

1. Dane osobowe	3
2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe	3
3. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu	4
4. Wskazanie osiągnięcia naukowego do celów habilitacji	5
4.1 Tytuł osiągnięcia naukowego.....	5
4.2 Publikacje stanowiące osiągnięcie naukowe i oszacowanie udziałów habilitanta	5
4.3 Ogólna charakterystyka osiągnięcia naukowego.....	7
4.4 Omówienie celu naukowego przedkładanych publikacji oraz najważniejszych wyników	8
4.4.1 Konstruowanie modeli sieci bayesowskich.....	8
4.4.2 Badanie czułości parametrów numerycznych modeli sieci bayesowskich	11
4.4.3 Badanie czułości struktury modeli sieci bayesowskich	14
Bibliografia	15
5. Omówienie pozostałych osiągnięć naukowo – badawczych	17
5.1 Publikacje po doktoracie (2003-2016).....	17
5.2 Wskaźniki cytowań wg Web of Science.....	17
5.3 Wskaźniki cytowań wg Google Scholar	17
5.4 Wskaźniki cytowań wg Research Gate	17
5.5 Kierowanie międzynarodowymi i krajowymi projektami badawczymi oraz udział w takich projektach	18
5.6 Patenty i zgłoszenia patentowe.....	18
5.7 Międzynarodowe i krajowe nagrody za działalność naukową	18

1. Dane osobowe

Agnieszka Drużdżel (Oniśko)

Chciałabym wyjaśnić, że pomimo zmiany stanu cywilnego i zmiany nazwiska na Drużdżel, publikując swoje prace naukowe posługuję się nazwiskiem panieńskim Oniśko.

Katedra Oprogramowania Wydział Informatyki Politechnika Białostocka adiunkt email: a.onisko@pb.edu.pl http://aragorn.pb.bialystok.pl/~aonisko/ tel. +48-85-746-9086 tel. kom. +48-608-158-612	Magee-Womens Hospital Department of Pathology University of Pittsburgh Medical Center Pittsburgh, USA research associate email: oniskoa@upmc.edu tel. +1-412-621-4652
---	---

2. Posiadane dyplomy, stopnie naukowe

Praca doktorska:

Probabilistic Causal Models in Medicine: Applications to Diagnosis of Liver Disorders

Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej, Polska Akademia Nauk, Warszawa, 2003

Promotor:

prof. dr hab. Leon Bobrowski, Wydział Informatyki, Politechnika Białostocka, Białystok; Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej, Polska Akademia Nauk, Warszawa

Recenzenci:

(1) prof. dr hab. inż. Juliusz Kulikowski

Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej, Polska Akademia Nauk, Warszawa

(2) prof. dr hab. Sławomir Wierzchoń

Instytut Podstaw Informatyki, Polska Akademia Nauk, Warszawa

Praca magisterska:

Selekcja cech z wykorzystaniem algorytmów genetycznych

Instytut Informatyki, Politechnika Białostocka, Białystok, 1996

Promotor:

prof. dr hab. Leon Bobrowski, Wydział Informatyki, Politechnika Białostocka, Białystok; Instytut Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej, Polska Akademia Nauk, Warszawa

3. Informacje o dotychczasowym zatrudnieniu

kwiecień 2003-obecnie	Politechnika Białostocka Katedra Oprogramowania Wydział Informatyki	<i>adiunkt</i>
marzec 2007-obecnie	University of Pittsburgh Medical Center Magee-Womens Hospital Department of Pathology Pittsburgh, USA	<i>research associate</i>
marzec 2005-luty 2006	University of Pittsburgh Real-time Outbreak and Disease Surveillance laboratory (RODS) Center for Biomedical Informatics Pittsburgh, USA	<i>postdoctoral scholar</i>
wrzesień 1998-sierpień 1999	University of Pittsburgh Decision Systems Laboratory School of Information Sciences Pittsburgh, USA	<i>research associate</i>
styczeń 1997-marzec 2003	Politechnika Białostocka Katedra Oprogramowania Wydział Informatyki	<i>asystent</i>
styczeń 1996-czerwiec 1997	Centrum Informatyki ZETO S.A. Białystok	<i>programista bazodanowy</i>

4. Wskazanie osiągnięcia naukowego do celów habilitacji

4.1 Tytuł osiągnięcia naukowego

Inżynieria wiedzy w konstruowaniu modeli sieci bayesowskich w medycynie.

4.2 Publikacje stanowiące osiągnięcie naukowe i oszacowanie udziałów habilitanta

- [1] R. Marshall Austin, Agnieszka Oniśko. Increased Cervical Cancer Risk Associated with Extended Screening Intervals after Negative Human Papilloma Virus (HPV) Test Results: Bayesian Risk Estimates using the Pittsburgh Cervical Cancer Screening Model. *Journal of American Society of Cytopathology*, 5 (1):9-14, 2016.

Swój udział w powstaniu publikacji oceniam na 70%. Przetworzyłam i zinterpretowałam dane medyczne, stworzyłam model *Pittsburgh Cervical Cancer Screening Model*. Przygotowałam treść manuskryptu, która opisuje materiał, metody, oraz wyniki włącznie z rysunkami i tabelami.

1 cytowanie wg Google Scholar

Zasopismo jest wydawane przez Elsevier, indeksowane przez Scopus

- [2] Agnieszka Oniśko, R. Marshall Austin. Dynamic Bayesian Network for Cervical Cancer Screening, In Peter J.F. Lucas and Arjen Hommersom (eds), *Foundations of Biomedical Knowledge Representations. Methods and Applications*, Springer, *Lectures Notes in Artificial Intelligence* 9521: 207-218, 2015.

Swój udział w powstaniu publikacji oceniam na 90%. Przetworzyłam i zinterpretowałam dane medyczne, stworzyłam model dynamicznej sieci bayesowskiej. Przygotowałam w całości treść manuskryptu włącznie w rysunkami i tabelami.

- [3] Agnieszka Oniśko, Marek J. Druzdzel. Impact of Bayesian network model structure on the accuracy of medical diagnostic systems, *Proceedings of 13th International Conference on Artificial Intelligence and Soft Computing (ICAISC'2014)*, eds. Leszek Rutkowski, Marcin Korytkowski, Rafal Scherer, Ryszard Tadeusiewicz, Lofti A. Zadeh, Jacek M. Zurada, Heidelberg, Springer, *Lecture Notes in Computer Science*, Vol. 8467: 167-178, Zakopane, 1-5 czerwca, 2014.

Swój udział w powstaniu publikacji oceniam na 80%. Zaprojektowałam oraz zaimplementowałam eksperymenty, których wyniki są opisane w publikacji. Przygotowałam treść manuskryptu, która opisuje wstęp, materiał, metody, oraz wyniki włącznie w obrazkami i tabelami.

2 cytowania wg Google Scholar

Konferencja indeksowana przez Web of Science, 10 punktów wg listy MNiSW

- [4] Agnieszka Oniśko, Marek J. Druzdzel. Impact of Precision of Bayesian Networks Parameters on Accuracy of Medical Diagnostic Systems, *Artificial Intelligence in Medicine*, 57(3):197-206, 2013.

Swój udział w powstaniu publikacji oceniam na 80%. Zaprojektowałam oraz zaimplementowałam eksperymenty, których wyniki są opisane w publikacji. Przygotowałam treść manuskryptu, która opisuje materiał, metody, oraz wyniki włącznie w obrazkami i tabelami.

13 cytowań wg Web of Science, 28 cytowań wg Google Scholar

Artykuł w czasopiśmie znajdującym się w bazie JCR, 25 punktów wg listy MNiSW

Impact Factor: 2.142, 5-Year Impact Factor: 2.136

- [6] Agnieszka Oniśko, Marek J. Druzdzel. Impact of Quality of Bayesian Networks Parameters on Accuracy of Medical Diagnostic Systems: An Empirical Study. In *Working Notes of the Workshop Probabilistic Models in Biomedicine. European Conference on Artificial Intelligence in Medicine (AIME-11)*, Bled, Słowenia, 2011.

Swój udział w powstaniu publikacji oceniam na 80%. Zaprojektowałam oraz zaimplementowałam eksperymenty, których wyniki są opisane w publikacji. Przygotowałam treść manuskryptu, która opisuje wstęp, materiał, metody, oraz wyniki włącznie w obrazkami i tabelami.

7 cytowań wg Google Scholar

- [6] R. Marshall Austin, Agnieszka Oniśko, Marek J. Druzdzel. The Pittsburgh Cervical Cancer Screening Model. A Risk Assessment Tool. *Archives of Pathology and Laboratory Medicine* 134:744–750, 2010.

Swój udział w powstaniu publikacji oceniam na 70%. Przetworzyłam i zinterpretowałam dane medyczne, które zostały wykorzystane do zbudowania modelu *Pittsburgh Cervical Cancer Screening Model*. Przygotowałam treść manuskryptu, która opisuje materiał, metody, oraz wyniki włącznie w obrazkami i tabelami.

15 cytowań wg Web of Science, 23 cytowania wg Google Scholar

Artykuł w czasopiśmie znajdującym się w bazie JCR, 35 punktów wg listy MNiSW

Impact Factor: 2.52

- [7] Agnieszka Oniśko. Medical Diagnosis. In Patrick Naim, Olivier Pourret, and Bruce Marcot (eds), *Bayesian Networks: A Practical Guide to Applications*, Wiley & Sons, s. 15-32, marzec 2008.

12 cytowań wg Google Scholar

- [8] Carmen Lacave, Agnieszka Oniśko, Francisco J. Díez. Use of Elvira's Explanation Facility for Debugging Probabilistic Expert Systems. *Knowledge-Based Systems*, Elsevier, vol. 19(8): 730-738, 2006.

Swój udział w powstaniu publikacji oceniam na 30%. Przeprowadziłam analizę modelu Hepar II używając oprogramowania Elvira, które pozwala na kalibrację modeli sieci bayesowskiej. Jestem autorem tekstu manuskryptu, który opisuje wyniki tej analizy.

6 cytowań wg Web of Science, 22 cytowania wg Google Scholar

Artykuł w czasopiśmie znajdującym się w bazie JCR, 35 punktów wg listy MNiSW

Impact Factor: 3.325, 5-Year Impact Factor: 3.433

- [9] Agnieszka Oniśko and Marek J. Druzdzel. Effect of Imprecision in Probabilities on Bayesian Network Models: An Empirical Study. In *Workshop on Model-based and Qualitative Reasoning in Biomedicine, European Conference on Artificial Intelligence in Medicine (AIME-03)*, Protaras, Cypr, 19-22 października 2003.

Swój udział w powstaniu publikacji oceniam na 80%. Zaprojektowałam oraz zaimplementowałam eksperymenty, których wyniki są opisane w publikacji. Przygotowałam treść manuskryptu, która opisuje wstęp, materiał, metody, oraz wyniki włącznie w obrazkami i tabelami.

12 cytowań wg Google Scholar

Liczby punktów Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego określiłam na podstawie wykazu z dnia 23 grudnia 2015.

4.3 Ogólna charakterystyka osiągnięcia naukowego

Cykl publikacji wymienionych w części 4.2 obejmuje:

- 3 artykuły opublikowane w czasopismach z bazy JCR
- 1 artykuł opublikowany w czasopiśmie spoza bazy JCR
- 2 rozdziały w monografiach opublikowanych w wydawnictwach Springer oraz Wiley&Sons
- 1 artykuł opublikowany w materiałach konferencyjnych (Springer Lecture Notes in Computer Science)
- 2 artykuły z warsztatów konferencji AIME (Conference on Artificial Intelligence in Medicine in Europe).

Publikacja [7] opisuje proces tworzenia diagnostycznego modelu sieci bayesowskiej na przykładzie modelu Hepar II, który rozwijałam w ramach swoich prac badawczych nad doktoratem. Chciałabym jednak nadmienić, że monografia ta zawiera treści poszerzone w stosunku do tego, co znalazło się w mojej pracy doktorskiej.

Eksperymenty, których wyniki prezentuję w swoich publikacjach przeprowadziłam w oparciu o programy zaimplementowane przez mnie w C/C++. Programy te korzystały z ogólnodostępnej biblioteki SMILE (Structural Modeling, Inference, and Learning Engine). Do konstruowania modeli sieci bayesowskiej korzystałam z programu GeNIe (Graphical Network Interface). Biblioteka SMILE oraz program GeNIe są oprogramowaniem dostępnym bezpłatnie do użytku akademickiego na stronie:

<http://www.bayesfusion.com>. W publikacji [8] korzystałam z programu Elvira, który jest projektem badawczym rozwijanym przez naukowców z kilku uczelni w Hiszpanii (<http://www.ia.uned.es/proyectos/elvira/#proyecto>).

4.4 Omówienie celu naukowego przedkładanych publikacji oraz najważniejszych wyników

Tematyka mojej pracy naukowej w ciągu ostatnich 13 lat (po uzyskaniu doktoratu) koncentrowała się na budowaniu modeli probabilistycznych opartych na sieciach bayesowskich w dziedzinie medycyny (np. [Makal *et al.* 2004], [Oniśko 2008], [Szczygieł *et al.* 2014], [Oniśko & Austin 2015]). W pracy mojej kładłam szczególny nacisk na praktyczne zastosowania, w których zainteresowana byłam inżynierią wiedzy. Problem ten jest trudny, ponieważ mamy do czynienia z dużą różnicą pomiędzy rachunkiem prawdopodobieństwa a intuicyjnym przetwarzaniem niepewności przez człowieka, a więc zarówno eksperta, od którego pozyskujemy wiedzę, jak i użytkownika systemów wspomagania decyzji, któremu przedstawiamy wyniki w warunkach niepewności.

Inżynieria wiedzy w budowaniu modeli sieci bayesowskich sprowadza się między innymi do pozyskiwania wiedzy w danej dziedzinie, transformacji tej wiedzy do acyklicznego grafu skierowanego oraz wyznaczania warunkowych rozkładów prawdopodobieństwa. Proces ten wymaga niejednokrotnie łączenia danych, które pochodzą z różnych źródeł. Źródłem danych może być opinia eksperta, bądź też dane kliniczne, dane z badań przesiewowych, czy też dane ankietowe. Ważną rolę odgrywa w tym procesie inżynier wiedzy, który powinien opanować techniki pozyskiwania wiedzy od eksperta, rozumieć modelowaną dziedzinę, posiadać umiejętności przetwarzania danych medycznych, również w sytuacji, gdy są one niekompletne. Pomimo, że istnieją metody automatycznego wyznaczania struktury i parametrów numerycznych modeli sieci bayesowskich, w przypadku medycyny trudno jest zbudować model bez pomocy eksperta oraz inżyniera wiedzy, który ma wgląd w modelowaną dziedzinę.

4.4.1 Konstruowanie modeli sieci bayesowskich

Sieci bayesowskie w ciągu ostatnich dwóch dekad stały się popularnym narzędziem do modelowania trudnych problemów w warunkach niepewności. Modele sieci bayesowskich znalazły zastosowania zarówno w medycznym diagnozowaniu jak i prognozowaniu. Sieć bayesowska składa się z (1) części jakościowej, która jest acyklicznym grafem skierowanym modelującym zmienne losowe i zależności probabilistyczne między nimi oraz z (2) części ilościowej reprezentowanej przez warunkowe rozkłady prawdopodobieństwa. Zdecydowaną zaletą sieci bayesowskich jest ich reprezentacja graficzna, która pozwala na wgląd w modelowaną dziedzinę.

Konstruowanie modelu sieci bayesowskiej jest procesem iteratywnym, na który składa się: wybór zmiennych, stworzenie struktury graficznej modelu, wyznaczenie warunkowych rozkładów prawdopodobieństwa oraz zweryfikowanie poprawności działania modelu. Tworząc modele sieci bayesowskiej, jako inżynier wiedzy, za każdym razem musiałam zapoznać się z modelowaną dziedziną. Spotykając się z ekspertem w danej dziedzinie medycyny musiałam posługiwać się fachową terminologią używaną przez eksperta. Dodatkowo, eksperci niejednokrotnie posługują się zestawem skrótów, które odnoszą się do określonych terminów medycznych. Aby prowadzić z nimi rozmowę i właściwie interpretować ich wypowiedzi, musiałam wcześniej zapoznać się z językiem, jakim się posługują.

Ostatnia dekada przyniosła rozwój systemów komputerowych, które gromadzą duże ilości danych. Również w dziedzinie medycyny gromadzone są różnego rodzaju informacje. Inżynier wiedzy, który konstruuje model sieci bayesowskiej, ma zazwyczaj dostęp do danych medycznych. Inżynier wiedzy

powinien posiadać umiejętność poprawnej interpretacji danych medycznych. Dane, które gromadzą systemy komputerowe w klinikach, przychodniach, czy też innych instytucjach służby zdrowia mogą reprezentować dane kliniczne, dane z badań przesiewowych, dane histopatologiczne, czy też dane ankietowe. Każda grupa tych danych ma swoje charakterystyczne cechy i zazwyczaj reprezentuje inną populację. Na przykład, dane histopatologiczne zazwyczaj będą reprezentować grupę pacjentów, którzy są chorzy, z kolei dane z badań przesiewowych reprezentują w większości zdrową populację. Modelując zmienną za pomocą węzła grafu inżynier wiedzy powinien pamiętać, że kolejne wartości zmiennej powinny wzajemnie się wykluczać. Jest to szczególnie istotne przy mapowaniu zmiennych ze zbioru danych na węzły modelu – nie zawsze jest to mapowanie, w którym dana zmienna jest reprezentowana przez jeden węzeł w grafie. Niejednokrotnie należy dokonać połączenia kilku zmiennych w jeden węzeł lub też reprezentować daną zmienną przez kilka węzłów.

Ważnym elementem procesu tworzenia modelu jest weryfikacja poprawności jego działania. Jeśli dostępne są dane medyczne, weryfikacja modelu może być przeprowadzona w oparciu o takie techniki jak walidacja krzyżowa. W przypadku sieci bayesowskich istnieją też inne metody weryfikacji, które pozwalają na wgląd w modelowaną dziedzinę oraz na kalibrację modelu. Metody te sprowadzają się do wyjaśniania tego, co się dzieje w modelu. W oparciu o program Elvira przeprowadziłam kalibrację modelu Hepar II [Lacave *et al.* 2006]. Elvira umożliwia wgląd w model poprzez szereg narzędzi, które ułatwiają kalibrację modelu sieci bayesowskiej. Na przykład pozwala na identyfikację pozytywnego lub negatywnego wpływu poszczególnych krawędzi modelu, tzn. jeśli wpływ ma być pozytywny wówczas zaobserwowanie wartości danego węzła-rodzica zwiększy prawdopodobieństwo wystąpienia zmiennej modelowanej przez węzeł-dziecka. Elvira odpowiednim kolorem zaznacza, czy dana krawędź ma pozytywny czy negatywny wpływ. Funkcjonalność ta ułatwia inżynierowi wiedzy kalibrację modelu i sprawdzenie, czy określone krawędzie poprawnie są modelowane. Inna istotna cecha programu Elvira to możliwość porównywania rozkładów prawdopodobieństwa a posteriori. Jest to szczególnie ważny element w przypadku modeli medycznych, w których chcielibyśmy sprawdzić, jak zmienia się rozkład prawdopodobieństwa dla kolejnych jednostek chorobowych pod warunkiem określonych cech występujących u pacjenta. Elvira pozwala na zdefiniowanie tzw. grupy obserwacji, czyli zestawu wyników wybranych cech pacjenta. Taką grupą obserwacji mogą być np. wyniki testów przesiewowych, inna grupa może stanowić historię chorób w rodzinie, etc. Program graficznie prezentuje, jak zmienia się rozkład prawdopodobieństwa a posteriori dla kolejnych jednostek chorobowych pod warunkiem zaobserwowania różnych zestawów cech. Analiza tego typu pozwala na wgląd w model i jego weryfikację. Ma to szczególne znaczenie w przypadku modeli, które są tworzone wyłącznie w oparciu o wiedzę eksperta. Na przykład, w wyniku kalibracji modelu Hepar II w wersji, która została w całości stworzona w oparciu o wiedzę eksperta, jakość diagnostyczna wzrosła o 43%.

Pittsburgh Cervical Cancer Screening Model

Sieci bayesowskie są również stosowane w modelowaniu prognozy medycznej. Jeden z modeli, który stworzyłam, Pittsburgh Cervical Cancer Screening Model (PCCSM), jest narzędziem wyznaczającym ryzyko zachorowania na raka szyjki macicy [Austin *et al.* 2010], [Oniśko & Austin 2015], [Austin & Oniśko 2016]. Model ten jest dynamiczną siecią bayesowską złożoną z 15 zmiennych. Model PCCSM został zbudowany w oparciu o wiedzę eksperta oraz wyniki badań przesiewowych zgromadzonych na przestrzeni 11 lat w Magee-Womens Hospital, University of Pittsburgh Medical Center, USA. Dane, do

których miałam dostęp, to głównie dane z badań przesiewowych takich jak wynik cytologii oraz wynik testu HPV¹. Badania te są częścią programu profilaktyki raka szyjki macicy w USA. Dane te zawierają ponad milion wyników badań przesiewowych i opisują ponad 300 tysięcy kobiet, które wykonały te badania w ciągu 11 lat. Inne dane, do których miałam dostęp przy tworzeniu modelu PCCSM to dane demograficzne takie jak wiek i rasa, dane kliniczne, które opisują historię korzystania z antykoncepcji, historię nowotworów, infekcji wirusowych i bakteryjnych, czy też historię opisującą cykl menstruacyjny. Około 11% wszystkich danych posiadało wynik badania histopatologicznego – był to zazwyczaj wynik biopsji szyjki macicy, histerektomii, lub innej procedury chirurgicznej. Dane histopatologiczne były reprezentowane w bazie danych przez opis tekstowy lekarza patologa, który musiałam przetworzyć i zinterpretować. W tym celu zaimplementowałam zestaw programów i zapytań, które w opisie tekstowym wyszukiwały odpowiednie wyrażenia i zwroty i przekształcały go na diagnozę w formie rozpoznawalnej przez model PCCSM.

Ważną zaletą modelu PCCSM jest możliwość zbadania wpływu historii pacjenta na ryzyko zachorowania na raka szyjki macicy. Model pozwala na przeanalizowanie wpływu danych historycznych na ryzyko zachorowania. Jest to szczególnie istotne w identyfikacji grup podwyższonego ryzyka zachorowania w zależności od bieżących wyników testów przesiewowych, jak i danych historycznych. Czyli na przykład, model PCCSM generuje bardzo niską wartość prawdopodobieństwa zachorowania na raka szyjki macicy dla kobiet, które w ciągu ostatnich kilku lat miały wyniki negatywne badań przesiewowych, z kolei prawdopodobieństwo to rośnie dla kobiet, u których zaobserwowano nieprawidłowe wyniki cytologii czy też pozytywne wyniki testu HPV. Identyfikacja grup podwyższonego ryzyka zachorowania na raka szyjki macicy jest szczególnie istotna w odniesieniu do procedur medycznych (ang. *medical guidelines*), które determinują sposób postępowania z pacjentem, tj. określenie okresu, po jakim powinno być powtórzone badanie przesiewowe, czy też wskazanie do wykonania badania diagnostycznego, czy też określenie jakiego rodzaju procedura powinna być przeprowadzona w celu leczenia danego schorzenia. Modele sieci bayesowskich pozwalają na personalizację medycyny. Na przykład, model PCCSM pozwala wyznaczyć ryzyko zachorowania na raka szyjki macicy dla danej pacjentki poprzez wprowadzenie do modelu jej wyników badań przesiewowych z ostatnich lat oraz wyniki innych zmiennych, które zostały uwzględnione w modelu.

W ramach badań, które prowadziłam w ciągu ostatnich lat, zbudowałam szereg modeli sieci bayesowskich, których nie wymieniam w przedkładanych publikacjach. Są to modele wspomagające diagnozowanie i prognozowanie medyczne. Na przykład model BPH do diagnozowania łagodnego przerostu prostaty [Makal *et al.* 2004], czy też model AutismNET [Szczygieł *et al.* 2014], który wspiera wczesne diagnozowanie autyzmu i jest dedykowany rodzicom. Oba modele, BPH i AutismNET, zostały zbudowane w oparciu o literaturę medyczną oraz wiedzę eksperta. Kolejny model, który stworzyłam pozwala na diagnozowanie różnicowe pomiędzy dwoma typami nowotworów [Jones *et al.* 2013]. Model został skonstruowany w oparciu o wiedzę eksperta oraz dane immunohistochemiczne reprezentujące biomarkery. Dodatkowo model ten pozwala na wyznaczanie wartości diagnostycznej biomarkerów wskazując jednocześnie, które z nich najlepiej różnicują uwzględnione diagnozy. Kolejny model sieci bayesowskiej, który stworzyłam, to model do prognozowania nowotworu endometrium [Yu *et al.* 2016].

¹ HPV to skrót od Human Papilloma Virus i oznacza wirus brodawczaka ludzkiego, który jest uważany za główną przyczynę zachorowania na raka szyjki macicy.

Model został skonstruowany w oparciu o wiedzę eksperta oraz wyniki badań przesiewowych. Celem modelu było zidentyfikowanie kobiet, które mają zwiększone ryzyko zachorowania na nowotwór endometrium i jednocześnie wskazanie kobiet, dla których to ryzyko jest minimalne i które nie muszą być poddawane dodatkowym inwazyjnym badaniom diagnostycznym takim jak biopsja endometrium. Model ten pokazał, że obecność komórek endometrium w wyniku cytologii nie ma wysokiej jakości prognostycznej w kierunku nowotworu endometrium. W obecnych procedurach medycznych w profilaktyce nowotworu endometrium w USA zalecana jest biopsja za każdym razem gdy wynik cytologii zawiera komórki endometrium. Wyniki modelu sugerują, że biopsja nie jest wskazana, ponieważ obecność komórek endometrium ma niską jakość prognostyczną z powodu dużej liczby przypadków fałszywie pozytywnych.

4.4.2 Badanie czułości parametrów numerycznych modeli sieci bayesowskich

Część ilościową sieci bayesowskiej stanowią warunkowe rozkłady prawdopodobieństwa, które mogą być wyznaczone albo w oparciu o wiedzę eksperta albo na podstawie dostępnych danych. Wyznaczone wartości parametrów numerycznych sieci bayesowskiej nie są zazwyczaj wartościami dokładnymi. Dlatego też jednym z zadań mojej pracy naukowej było zbadanie jaka jest czułość parametrów numerycznych sieci bayesowskiej. Badanie czułości parametrów numerycznych sieci bayesowskiej jest istotnym elementem inżynierii wiedzy w konstruowaniu tych modeli; szczególnie w sytuacji, gdy inżynier wiedzy tworzy modele sieci bayesowskich w oparciu o wiedzę ekspertów lub gdy parametry numeryczne modeli są estymowane z nielicznych lub niekompletnych zbiorów danych.

W ramach swoich badań przeprowadziłam szereg eksperymentów, które sprawdzały czułość parametrów numerycznych modeli sieci bayesowskich. Eksperymenty te sprowadzały się do modyfikacji oryginalnych parametrów modelu sieci bayesowskiej poprzez wprowadzanie szumu, a następnie do badania wpływu tej modyfikacji na jakość diagnostyczną modelu [Oniśko & Druzdzel 2003], [Druzdzel & Oniśko 2008], [Oniśko & Druzdzel 2011]. Druga grupa eksperymentów polegała na badaniu wpływu zaokrąglania parametrów numerycznych modelu sieci bayesowskiej na jej jakość diagnostyczną [Oniśko & Druzdzel 2011], [Oniśko & Druzdzel 2013]. W wszystkich eksperymentach jakość diagnostyczna była wyznaczana w oparciu o walidację krzyżową typu *leave-one-out*.

Szum symetryczny w parametrach numerycznych sieci bayesowskich

Badanie czułości parametrów numerycznych sieci bayesowskich rozpoczęłam od zreplikowania eksperymentu Pradhana *et al.* [1996]. Wyniki eksperymentów przeprowadzonych przez Pradhana *et al.* pokazały, że sieci bayesowskie nie są czułe na szum wprowadzany do ich parametrów numerycznych. Eksperyment był przeprowadzony dla sieci CPCS, natomiast jakość diagnostyczna modelu oparta była o miarę reprezentującą średnie prawdopodobieństwo a posteriori poprawnej diagnozy. Eksperyment Pradhana *et al.* powtórzyłam dla sieci bayesowskiej Hepar II [Oniśko *et al.*, 2000] opierając jednakże badania o dwie miary jakości diagnostycznej: (1) miarę Pradhana, tj. średnie prawdopodobieństwo a posteriori poprawnej diagnozy oraz (2) miarę bazującą na prawdopodobieństwie a posteriori konkretnego pacjenta.

W moim eksperymencie, podobnie jak u Pradhana, szum był modelowany w oparciu o rozkład normalny z wartościami $\sigma \in \langle 0.0, 3.0 \rangle$. Do każdego prawdopodobieństwa wprowadzany był szum o określonej

wartości σ , a następnie badana była jakość diagnostyczna modelu. Eksperyment powtórzyłam 30 razy, za każdym razem z inną wartością σ z krokiem równym 0.1. Zaskakującym wynikiem był fakt, że jakość diagnostyczna modelu, zdefiniowana przez Pradhana, wzrastała wraz ze wzrostem poziomu szumu wprowadzanego do modelu. Fakt ten można zinterpretować tym, że szum zwiększył powszechność każdej z 11 modelowanych chorób, co spowodowało zwiększenie średniego prawdopodobieństwa a posteriori poprawnej diagnozy. Jednocześnie wyniki eksperymentu pokazały, że stosując inną miarę jakości diagnostycznej, opartej na prawdopodobieństwie a posteriori konkretnego pacjenta, obserwujemy wpływ szumu parametrów numerycznych na pogorszenie jakości modelu. W przypadku modelu Hepar II można zaobserwować systematyczne pogarszanie się jakości diagnostycznej od wartości $\sigma = 0.2$. Eksperyment ten został powtórzony dla trzech dodatkowych modeli sieci bayesowskich, które stworzyłam w oparciu o dane z Irvine Machine Learning Repository [Oniśko & Druzdzel 2011]. Wyniki były spójne z tym, co zaobserwowaliśmy dla modelu Hepar II, tj. jakość diagnostyczna modelu systematycznie malała wraz z poziomem szumu wprowadzanego do parametrów numerycznych.

Przeprowadziłam również modyfikację tego eksperymentu, wprowadzając szum tylko do wybranych grup zmiennych [Oniśko & Druzdzel 2003]. Eksperyment ten przeprowadziłam w oparciu o model Hepar II. Wyróżniłam cztery grupy zmiennych: testy laboratoryjne, badania przedmiotowe i podmiotowe, zmienne pochodzące z wywiadu z pacjentem, oraz zmienne reprezentujące jednostki chorobowe. W kolejnych krokach eksperymentu szum był wprowadzany tylko do wybranej grupy zmiennych, a następnie była badana jakość diagnostyczna modelu. Szum był modelowany w oparciu o rozkład normalny z wartościami $\sigma \in \langle 0.0, 3.0 \rangle$ z krokiem $\sigma = 1.0$. Wyniki tego eksperymentu pokazały, że szum wprowadzany do zmiennych reprezentujących testy laboratoryjne oraz jednostki chorobowe ma większy wpływ na pogorszenie jakości diagnostycznej niż w przypadku badania przedmiotowe i podmiotowe oraz zmienne pochodzące z wywiadu z pacjentem.

Szum modelujący zachowanie eksperta w parametrach numerycznych sieci bayesowskich

Kolejna seria eksperymentów, które miały na celu badanie czułości parametrów numerycznych dotyczyła wprowadzania szumu, który modeluje zachowanie eksperta określającego parametry numeryczne sieci bayesowskiej, tj. ekspert zbyt pewny siebie lub ekspert niepewny swoich estymacji [Oniśko & Druzdzel 2011]. Eksperyment ten został przeprowadzony dla modelu Hepar II oraz dla trzech modeli sieci bayesowskich, które stworzyłam w oparciu o dane z Irvine Machine Learning Repository.

Podobnie jak w przypadku replikacji eksperymentu Pradhana *et al.*, szum był modelowany w oparciu o rozkład normalny z $\sigma \in \langle 0.0, 3.0 \rangle$. Z kolei sama modyfikacja parametrów numerycznych wyglądała inaczej, tzn., najmniejsze prawdopodobieństwo w danym rozkładzie było dodatkowo zmniejszane, z kolei największe prawdopodobieństwo w rozkładzie było dodatkowo zwiększane o wartość, o którą zmniejszyliśmy najmniejsze prawdopodobieństwo. Taka transformacja miała na celu modelowanie eksperta, który jest zbyt pewny swoich estymacji. Po wprowadzeniu szumu o określonym poziomie badana była jakość diagnostyczna modelu. Eksperyment był powtórzony 30 razy, za każdym razem z inną wartością σ . Podobnie wyglądał eksperyment, w którym modelowane było zachowanie eksperta, który jest niepewny swoich estymacji, z tymże największe prawdopodobieństwo w rozkładzie było zmniejszane, z kolei najmniejsze prawdopodobieństwo w tym samym rozkładzie było zwiększane o wartość, o którą zmniejszyliśmy największe prawdopodobieństwo. Po wprowadzeniu szumu o

określonym poziomie badana była jakość diagnostyczna modelu. Eksperyment był powtórzony 30 razy, za każdym razem z inną wartością σ z krokiem równym 0.1.

Wyniki tych eksperymentów pokazały, że jakość diagnostyczna modelu jest najbardziej czuła na szum modelujący eksperta, który jest niepewny swoich estymacji. Z kolei szum modelujący eksperta, który jest zbyt pewny swoich estymacji ma mniejszy wpływ na pogorszenie jakości diagnostycznej modelu sieci bayesowskiej niż szum modelujący eksperta niepewnego swoich estymacji, czy też szum symetryczny, który modelowany był w eksperymencie Pradhana.

Wyniki tych eksperymentów są istotną wskazówką dla inżynierów wiedzy, którzy konstruują modele sieci bayesowskich szczególnie w sytuacji, gdy korzystają z wiedzy ekspertów lub gdy parametry numeryczne modeli są estymowane z niekompletnych zbiorów danych.

Precyzja parametrów numerycznych modeli sieci bayesowskich

Kolejna seria eksperymentów, które miały na celu badanie czułości parametrów numerycznych dotyczyła badania wpływu dokładności parametrów numerycznych modeli sieci bayesowskich na ich jakość diagnostyczną [Oniśko & Druzdzel 2011], [Oniśko & Druzdzel 2013]. W badaniach tych systematycznie zaokrąślałam parametry numeryczne sieci bayesowskiej do wartości o coraz mniejszej precyzji. Eksperymenty te przeprowadziłam dla 7 medycznych modeli diagnostycznych: modelu Hepar II oraz 6 modeli sieci bayesowskich, które stworzyłam w oparciu o dane z Irvine Machine Learning Repository. Zaokrąglanie wartości prawdopodobieństw w danych rozkładzie może prowadzić do tego, że suma wartości po zaokrągleniu nie zawsze sumuje się do wartości 1.0. Problem ten był przedmiotem badań od ponad 200 lat – pierwsze analizy tego problemu były przeprowadzane w okresie powstawania konstytucji amerykańskiej gdzie motywacją było opracowanie reguł sprawiedliwego podziału poszczególnych sił politycznych. Balinski & Young [1982] omówili i porównali szereg algorytmów zaokrąglania. W swoich eksperymentach zastosowałam algorytm stacjonarnego zaokrąglania opracowanego przez Heinricha *et al.* [2005]. Jeden z parametrów (n) algorytmu stacjonarnego zaokrąglania określa liczbę przedziałów, w których może się znaleźć zaokrąglane prawdopodobieństwo. Na przykład, jeśli $n=5$, wówczas zaokrąglane prawdopodobieństwo może przyjąć następujące wartości: 0.0, 0.2, 0.4, 0.6, 0.8, oraz 1.0. Jeśli z kolei $n=1$, wówczas zaokrąglane prawdopodobieństwo może przyjąć tylko dwie wartości: 0.0 lub 1.0. W eksperymentach zaokrąglania zbadałam następujące wartości parametru $n=100, 10, 5, 4, 2$, oraz 1. Każde prawdopodobieństwo w modelu było zaokrąglane do określonej dokładności, a następnie badana była jakość diagnostyczna modelu. Eksperyment był powtórzony 7 razy, tj. dla 7 różnych wartości parametru n , czyli za każdym razem model sieci bayesowskiej zawierał parametry o innej precyzji.

Wyniki przeprowadzonych eksperymentów pokazały, że jakość diagnostyczna modelu sieci bayesowskiej pogarsza się wykładniczo wraz ze zmniejszaniem precyzji parametrów numerycznych. Jednakże należy zauważyć, że pogorszenie jakości diagnostycznej wynikało głównie z zaokrąglania wartości prawdopodobieństwa do 0.0. Wartość 0.0 jest specjalną wartością, szczególnie w odniesieniu do twierdzenia Bayesa. Jeśli określone zdarzenie ma prawdopodobieństwo równe 0.0, prawdopodobieństwo a posteriori tego zdarzenia również będzie równe 0.0. Dlatego też zmodyfikowałam swój eksperyment eliminując z rozkładów prawdopodobieństwa wartości 0.0. Tzn., za każdym razem gdy wartość miała być zaokrąglana do 0.0, była zastępowana wartością ϵ , jednocześnie od prawdopodobieństwa z najwyższą wartością w danym rozkładzie była odejmowana wartość ϵ . Parametr

ϵ w moich badaniach przyjmował następujące wartości: 0.0001, 0.001, oraz 0.01. Po zastąpieniu prawdopodobieństw równych 0.0 wartością parametru ϵ , pogorszenie jakości diagnostycznej modelu sieci bayesowskiej wynikające z zaokrąglania parametrów było minimalne. Wartość parametru ϵ nie miała znaczącego wpływu, tzn., każda z trzech przebadanych wartości 0.0001, 0.001, oraz 0.01 dawała podobne wyniki.

Podsumowując, moje badania wskazują na to, że jakość diagnostyczna modeli sieci bayesowskich nie jest czuła na zaokrąglanie parametrów numerycznych, może jednakże nastąpić znaczące pogorszenie jakości diagnostycznej modelu w sytuacji, jeśli wartości prawdopodobieństw zostaną zaokrąglone do zera. Jest to istotna wskazówka dla inżyniera wiedzy, który powinien unikać wartości 0.0 określając rozkłady prawdopodobieństwa w modelach sieci bayesowskiej. Jest to też z pewnością cecha modeli w dziedzinie medycyny, gdzie wszystko jest możliwe, a więc bardzo rzadko występuje prawdopodobieństwo równe 0.0.

4.4.3 Badanie czułości struktury modeli sieci bayesowskich

Kolejna seria eksperymentów, które przeprowadziłam, dotyczyła badania czułości struktury modeli sieci bayesowskich [Oniśko & Druzdzel 2014]. W badaniach tych sprawdzałam, jaki wpływ ma modyfikacja struktury graficznej sieci bayesowskich na jakość diagnostyczną modeli probabilistycznych.

W eksperymentach sięgnęłam po 6 medycznych modeli diagnostycznych stworzonych w oparciu o dane z Irvine Machine Learning Repository, z których wcześniej już korzystałam w badaniach czułości parametrów numerycznych. Strukturę graficzną tych modeli poddałam systematycznej modyfikacji. W pierwszym z eksperymentów systematycznie usuwałam krawędzie modelu, z kolei w drugim eksperymentie systematycznie odwracałam kolejne krawędzie modelu. Po każdej modyfikacji struktury grafu sprawdzałam jakość diagnostyczną modelu. Jakość diagnostyczną zdefiniowałam jako procent poprawnych odpowiedzi modelu sieci bayesowskiej, tzn. odpowiedź modelu była uznawana za poprawną w sytuacji, jeśli najbardziej prawdopodobna diagnoza (jednostka chorobowa z najwyższą wartością prawdopodobieństwa a posteriori wyznaczoną przez model) była zgodna z diagnozą zweryfikowaną w zbiorze danych. Do wyznaczenia jakości diagnostycznej zastosowałam walidację krzyżową typu *leave-one-out*.

Miara mocy krawędzi w modelu sieci bayesowskiej

W eksperymentach skorzystałam z miary mocy krawędzi zaproponowanej przez Koitera [2006]. Miara ta wyznaczana jest w oparciu o różnicę pomiędzy brzegowym prawdopodobieństwem a posteriori wężła, który jest dzieckiem a różnymi stanami wężła-rodzica. Wyznaczając odległość między tymi rozkładami skorzystałam z odległości Euklidesowej oraz odległości Hellingera. Modyfikację struktury grafu przeprowadziłam w porządku: (1) rosnącym względem miary mocy krawędzi, tj. zaczynałam modyfikację od krawędzi z najslabszą mocą; (2) malejącym względem miary mocy krawędzi, tj. zaczynałam modyfikację od krawędzi z najwyższą mocą; oraz (3) losowym.

Usuwanie krawędzi modelu sieci bayesowskiej

W eksperymencie tym systematycznie modyfikowana była struktura graficzna modelu poprzez usuwanie krawędzi grafu. Eksperyment rozpoczęłam od wyznaczenia jakości diagnostycznej modelu oryginalnego,

a następnie usunęłam kolejno 10%, 20%, 30%,..., 90% oraz 100% krawędzi. Za każdym razem sprawdzałam jakość diagnostyczną modelu. Eksperyment ten powtórzyłam trzy razy zmieniając za każdym razem porządek usuwania krawędzi modelu, tj. porządek: (1) rosnący względem miary mocy krawędzi; (2) malejący względem miary mocy krawędzi oraz (3) losowy.

Wyniki eksperymentów pokazały, że systematyczne usuwanie krawędzi grafu prowadzi do pogorszenia jakości diagnostycznej modelu sieci bayesowskiej. Usuwanie krawędzi wg porządku malejącego względem miary mocy krawędzi powoduje szybszy spadek jakości diagnostycznej niż usuwanie wg porządku rosnącego względem miary mocy krawędzi. Należy zwrócić uwagę na fakt, że nawet po usunięciu wszystkich krawędzi, jakość diagnostyczna modeli nie uległa drastycznemu pogorszeniu. Ma to związek z faktem, że jakość diagnostyczna jest determinowana poprzez powszechność choroby, która jest najbardziej prawdopodobna. Czyli w sytuacji, gdy jedna z chorób ma powszechność 80%, dokładność takiego modelu po usunięciu wszystkich krawędzi będzie równa 80%.

Odwracanie krawędzi modelu sieci bayesowskiej

W eksperymencie tym systematycznie modyfikowana była struktura graficzna modelu poprzez odwracanie krawędzi grafu. Podobnie, jak w przypadku usuwania krawędzi, eksperyment rozpoczęłam od wyznaczenia jakości diagnostycznej modelu oryginalnego, a następnie odwróciłam kolejno 10%, 20%, 30%,..., 90% oraz 100% krawędzi. Ze względu na fakt, że sieć bayesowska jest acyklicznym grafem skierowanym, w niektórych sytuacjach nie było możliwe odwrócenie krawędzi. Wówczas dana krawędź oczekiwała na sytuację, w której to odwrócenie jej będzie możliwe. Eksperyment ten powtórzyłam trzy razy zmieniając za każdym razem porządek usuwania krawędzi modelu, tj. porządek: (1) rosnący względem miary mocy kolejnych krawędzi; (2) malejący względem miary mocy kolejnych krawędzi oraz (3) losowy.

Wyniki tych eksperymentów pokazały, że zmiany w strukturze sieci bayesowskiej, szczególnie w przypadku odwracania kierunku krawędzi, nie mają dużego wpływu na jakość diagnostyczną modelu.

Bibliografia

- [Austin et al. 2010] R. Marshall Austin, Agnieszka Oniśko, Marek J. Druzdzel. The Pittsburgh Cervical Cancer Screening Model. A Risk Assessment Tool. *Archives of Pathology and Laboratory Medicine*, 134:744–750, 2010.
- [Austin & Oniśko 2016] R. Marshall Austin, Agnieszka Oniśko. Increased Cervical Cancer Risk Associated with Extended Screening Intervals after Negative Human Papilloma Virus (HPV) Test Results: Bayesian Risk Estimates using the Pittsburgh Cervical Cancer Screening Model. *Journal of American Society of Cytopathology*, 5 (1):9-14, 2016.
- [Balinski & Young 1982] Balinski ML, Young HP. Fair Representation. Meeting the Ideal of One Man, One Vote. New Haven, CT: Yale University Press; 1982.
- [Druzdzel & Oniśko 2008] Marek J. Druzdzel, Agnieszka Oniśko. The Impact of Overconfidence Bias on Practical Accuracy of Bayesian Network Models: An Empirical Study. In *Working Notes of the 2008 Bayesian Modelling Applications Workshop, Special Theme: How Biased Are Our Numbers? Part of the Annual Conference on Uncertainty in Artificial Intelligence (UAI-2008)*, Helsinki, Finland, 9 lipca 2008.
- [Heinrich et al. 2005] Heinrich L, Pukelsheim F, Schwingenschlogl U. On Stationary Multiplier Methods for the Rounding of Probabilities and the Limiting Law of the Sainte-Lague Divergence. *Statistics and Decisions*, 23:117–29, 2005.

- [Jones et al. 2013] Mirka W. Jones, Agnieszka Oniśko, David J. Dabbs, Esther Elishaev, Rohit Bhargava. Immunohistochemistry and HPV in situ Hybridization in Distinction between Endocervical and Endometrial Adenocarcinoma: A Comparative Tissue Microarray Study of 76 Tumors. *International Journal of Gynecological Cancer*, 23(2):380-4, 2013.
- [Koiter 2006] J.R. Koiter: Visualizing Inference in Bayesian Networks. Master's thesis, Delft University of Technology, Delft, The Netherlands, 2006.
- [Lacave et al. 2006] Carmen Lacave, Agnieszka Oniśko, Francisco J. Díez. Use of Elvira's Explanation Facility for Debugging Probabilistic Expert Systems. *Knowledge-Based Systems*, Elsevier, vol. 19(8): 730-738, 2006.
- [Makal et al. 2004] Jarosław Makal, Andrzej Nazarkiewicz, Agnieszka Oniśko, Piotr Orzechowski. Expert System for Diagnosis of Benign Prostatic Hyperplasia. *Journal of Automation and Measurements*, No. 7/8: 193-196, 2004.
- [Oniśko et al., 2000] Onisko A, Druzdzel MJ, Wasyluk H. Extension of the Hepar II Model to Multiple-Disorder Diagnosis. In: Kłopotek M, Michalewicz M, Wierzchoń S, editors. *Intelligent Information Systems, Advances in Soft Computing series*. Heidelberg: Physica-Verlag (A Springer-Verlag Company); s. 303–13, 2000.
- [Oniśko & Druzdzel 2003] Agnieszka Oniśko and Marek J. Druzdzel. Effect of Imprecision in Probabilities on Bayesian Network Models: An Empirical Study. In *Working Notes of the Workshop on Model-based and Qualitative Reasoning in Biomedicine, European Conference on Artificial Intelligence in Medicine (AIME-03)*, Protaras, Cypr, 19-22 października 2003.
- [Oniśko 2008] Agnieszka Oniśko. Medical Diagnosis. In Patrick Naim, Olivier Pourret, and Bruce Marcot(eds), *Bayesian Networks: A Practical Guide to Applications*, Wiley & Sons, s.: 15-32, marzec 2008.
- [Oniśko & Druzdzel 2011] Agnieszka Oniśko, Marek J. Druzdzel. Impact of Quality of Bayesian Networks Parameters on Accuracy of Medical Diagnostic Systems: An Empirical Study. In *Working Notes of the Workshop Probabilistic Models in Biomedicine. European Conference on Artificial Intelligence in Medicine (AIME-11)*, Bled, Slovenia, 2011.
- [Oniśko & Druzdzel 2013] Agnieszka Oniśko, Marek J. Druzdzel. Impact of Precision of Bayesian Networks Parameters on Accuracy of Medical Diagnostic Systems. *Artificial Intelligence in Medicine*, 57(3):197-206, 2013.
- [Oniśko & Druzdzel 2014] Agnieszka Oniśko, Marek J. Druzdzel: Impact of Bayesian Network model Structure on the Accuracy of Medical Diagnostic Systems, Proceedings of 13th International Conference on Artificial Intelligence and Soft Computing (ICAISC'2014), eds. Leszek Rutkowski, Marcin Korytkowski, Rafal Scherer, Ryszard Tadeusiewicz, Lofti A. Zadeh, Jacek M. Zurada, Heidelberg, Springer, Lecture Notes in Computer Science, Vol. 8467: 167-178, Zakopane, 1-5 czerwca 2014.
- [Oniśko & Austin 2015] Agnieszka Oniśko, R. Marshall Austin: Dynamic Bayesian Network for Cervical Cancer Screening, In Peter J.F. Lucas and Arjen Hommersom(eds), *Foundations of Biomedical Knowledge Representations. Methods and Applications*, Springer, Lectures Notes in Artificial Intelligence 9521: 207-218, 2015.
- [Pradhan et al. 1996] Pradhan M, Henrion M, Provan G, del Favero B, Huang K. The Sensitivity of Belief Networks to Imprecise Probabilities: an Experimental Investigation. *Artificial Intelligence*, 85(1-2):363–97, 1996.
- [Szczygieł et al. 2014] Justyna Szczygieł, Agnieszka Oniśko, Jolanta Świdarska, Elżbieta Krysiewicz, Jerzy Sienkiewicz. Probabilistic Graphical Model Supporting Early Diagnosis of Autism Spectrum Disorder, *Advances in Computer Science Research*, No. 11, s. 151-164, 2014.
- [Yu et al. 2016] Jing Yu, Agnieszka Onisko, R. Marshall Austin. Bethesda System Reporting of Benign-Appearing Endometrial Cells in Women 40 and Older: Analysis of Predictive Value from a Large Academic Women's Hospital Database, United States and Canadian Academy of Pathology's 105th Annual Meeting, 12-18 marca, 2016, Seattle, WA, USA. *Laboratory Investigation* 96, 123A-123A.

5. Omówienie pozostałych osiągnięć naukowo – badawczych

5.1 Publikacje po doktoracie (2003-2016)

Rodzaj publikacji	Liczba publikacji
Artykuły w czasopismach z JCR	8
Artykuły w czasopismach spoza JCR	6
Rozdziały w książkach	6
Publikacje w materiałach konferencyjnych	14
Suma:	34
Streszczenia w czasopismach z JCR	15
Suma:	49

Tabela zawiera dane z dnia 31 sierpnia 2016

5.2 Wskaźniki cytowań wg Web of Science

Indeksy cytowań	Wartość
Liczba publikacji	33
Liczba cytowań	261
Liczba cytowań bez autocytowań	246
Liczba artykułów cytujących	231
Liczba artykułów cytujących bez autocytowań	222
średnia liczba cytowań na publikację	7.91
indeks Hirscha	8

Tabela zawiera dane z dnia 31 sierpnia 2016

5.3 Wskaźniki cytowań wg Google Scholar

Indeksy cytowań	Wartość
Liczba cytowań	801
indeks Hirscha	14
indeks i10	18

Tabela zawiera dane z dnia 31 sierpnia 2016

5.4 Wskaźniki cytowań wg Research Gate

Indeksy cytowań	Wartość
Liczba cytowań	519
indeks Hirscha	12
RG score	20.2

Tabela zawiera dane z dnia 31 sierpnia 2016

5.5 Kierowanie międzynarodowymi i krajowymi projektami badawczymi oraz udział w takich projektach

Grant KBN: Medyczny system pomiarowy wspomagający diagnozowanie łagodnego przerostu prostaty, grant no. 3T10C03529, 2005-2008 (4 lata), wykonawca.

NATO-NSF Postdoctoral Award, grant no. 0411692, 2005-2006 (rok), realizacja grantu w ramach stażu w laboratorium Real-time Outbreak and Disease Surveillance (RODS), University of Pittsburgh, Pittsburg, USA.

Grant KBN: Probabilistyczne modele przyczynowo-skutkowe w medycynie: Zastosowanie do diagnozowania chorób wątroby, grant no. 4T11E05522, 2002-2003 (rok), grant promotorski, wykonawca.

5.6 Patenty i zgłoszenia patentowe

Pittsburgh Cervical Cancer Screening Model, zgłoszone do licencji w Innovation Institute's Office of Technology Management/Enterprise Development, University of Pittsburgh, 2009.

5.7 Międzynarodowe i krajowe nagrody za działalność naukową

The Papanicolaou Institute for Cytopathology travel award, grant pokrywający koszty podróży i pobytu na konferencji w celu zaprezentowania wyników działania modelu *Pittsburgh Cervical Cancer Screening Model*, marzec 2008, USA.

Nagroda zespołowa II stopnia Rektora Politechniki Białostockiej za rozwój naukowy uwieńczony uzyskaniem stopnia naukowego doktora, Białystok, październik 2003.

Best Young Investigator Paper award za artykuł "*HEPAR and HEPAR II - computer systems supporting diagnosis of liver disorders.*" The Twelfth Conference on Biocybernetics and Biomedical Engineering, Warszawa, 28-30 listopada, 2001.

Best Young Investigator Paper award za artykuł "*A Bayesian Network Model for Diagnosis of Liver Disorders.*" The Eleventh Conference on Biocybernetics and Biomedical Engineering, Warszawa, 2-4 grudnia, 1999.

Nagroda Polskiego Towarzystwa Symulacji Komputerowej, grudzień 1996.