



Universität Hamburg

DER FORSCHUNG | DER LEHRE | DER BILDUNG

Ausarbeitung Seminar NTBD 2018

Big Data + AI im Gesundheitswesen

von

Jan Zickermann

Fakultät für Mathematik, Informatik und Naturwissenschaften
Fachbereich Informatik
Arbeitsbereich Wissenschaftliches Rechnen

Studiengang: Informatik

Matrikelnummer: 6824246

Betreuer: Dr. Julian Kunkel

Hamburg, 2018-03-31

Abstract

Neue AI und *Big Data* Technologien finden ihre Anwendung im Gesundheitswesen. Um medizinische Forschung zu betreiben und Patienten zu diagnostizieren, werden in den Bereichen Bioinformatik, *Medical Imaging*, *Pervasive Sensing*, *Medical Informatics* und *Public Health* AI Systeme und *Big Data* Methoden verwendet. Mit wachsenden Datenmengen und neuen Technologien können effiziente und effektive *Big Data* Lösungen gefunden werden, die menschliche Leistung erbringen und sogar überschreiten können. Einige Anwendungsbeispiele und das Potential dieser Technologien werden vorgestellt.

Contents

1	Einleitung	4
2	Anwendungsgebiete	5
2.1	Bioinformatik	5
2.1.1	Drug Discovery	5
2.2	Medical Imaging	8
2.2.1	CNN Verwendung	9
2.3	Pervasive Sensing	9
2.4	Medical Informatics	10
2.4.1	Prognose des physiologischen Alters	11
2.5	Public Health	12
2.5.1	Durkheim Projekt	12
3	Ausblick	14
	Bibliography	16

1 Einleitung

Im Gesundheitswesen treten große Datenmengen auf, die zu komplex und umfangreich sind, um mit einfachen Mitteln Erkenntnisse für Behandlungen und Forschungen abzuleiten. Erst mit Hilfe von *Big Data* Verarbeitungsmethoden können wertvolle Informationen aus den Daten gewonnen werden. Ferner sind künstliche neuronale Netze in der Lage, die Muster und Zusammenhänge der Daten zu erlernen und sinnvolle Vorhersagen zu treffen. Tiefere neuronale Netze *deep neural networks (DNN)*, die aus mehreren *hidden layers* bestehen, können auch komplexere Zusammenhänge aus Datensätzen erlernen. In vielen Gebieten des Gesundheitswesens findet sich künstliche Intelligenz (*AI*) in Form von *DNNs* wieder. Mit neuen AI Technologien besteht großes Potential für neue medizinische Erkenntnisse und genauere automatisierte Diagnosen.

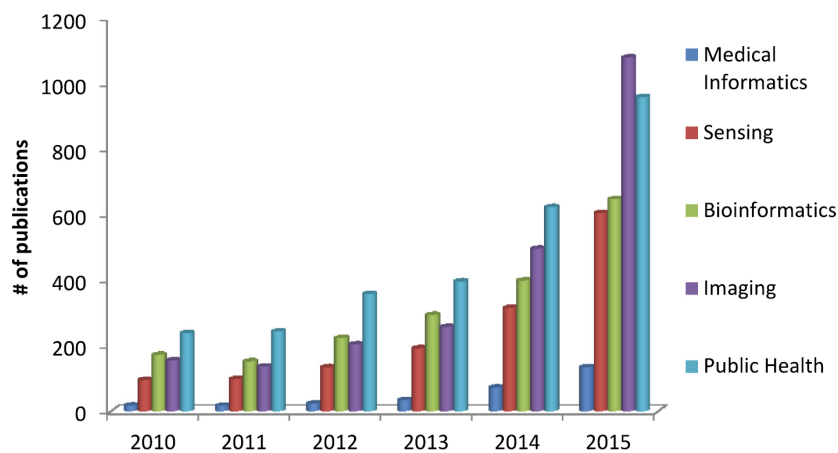


Figure 1.1: Publikationen, die das Schlüsselwort *deep learning* mit *medical / health* enthalten [D. Ravi(2017)]

Verbreitung/Trends Mit dem allgemeinen Aufschwung von AI Technologien wird auch im Bereich *health care* im Bezug zu *deep learning* mehr aktiv geforscht. Einige große Unternehmen haben bereits Lösungen für medizinische Probleme mit AI Systemen entwickelt, die *deep learning* Erkenntnisse verwenden. In Abbildung 1.1 wird deutlich, dass die Anzahl der Publikationen bezüglich AI im Gesundheitswesen von 2010 bis 2015 drastisch gestiegen ist. Der besondere Zuwachs in den Bereichen *Imaging* und *Public Health* stehen als große Trends im Vordergrund [D. Ravi(2017)].

2 Anwendungsgebiete

Die Anwendungsgebiete von AI und *Big Data* Methoden im Gesundheitswesen schneiden sich mit unterschiedlichen Fachrichtungen, wie Biochemie, Radiologie, Psychologie und anderen Feldern, die sich mit dem Gesundheitswesen befassen. Es bestehen unterschiedliche gesundheitliche und medizinische Ziele für die AI und *Big Data* Methoden verwendet werden können.

2.1 Bioinformatik

In Bereichen der Bioinformatik finden *DNN* Anwendung. Dazu gehören Analysen des Erbmaterials, die Entdeckung und Entwicklung von Medikamenten und Untersuchungen anderer biochemischer Prozesse. Mit Hilfe dieser Methoden können teure Alternativen vermieden und größere Datenmengen verwendet werden. Für die Entwicklung neuer Medikamente ist der traditionelle Ansatz mit aufwendigen und teuren Untersuchungen verbunden, die mehrere Jahre benötigen können. Falls ein Wirkstoff, zu starke Nebenwirkungen aufweist, die erwünschte Wirkung zu schwach ist oder eine geringe Löslichkeit besitzt, eignet es sich nicht als Medikament. Zwar gibt es keine Daten bezüglich des zu untersuchenden Wirkstoffes, jedoch können NN, basierend auf bekannten Wirkstoffen, Vorhersagen über die Wirkung treffen. Dieses sogenannte *virtual screening* kann mit Hilfe von *massively multitask networks (MMN)* durchgeführt werden. Wenn jedoch nur wenige Trainingsdaten für eine Wirkung zur Verfügung stehen, erlaubt ein *one-shot learning* Netzwerk trotzdem genaue Vorhersagen. Das Training einfacher *DNN* wird durch die Unausgewogenheit der Daten erschwert, da meist nur 1-2% der untersuchten Wirkstoffe die zu klassifizierende Wirkung besitzen [Bharath Ramsundar(2015)]. Im Folgenden werden *MMN* und *one-shot learning* bezüglich *Drug Discovery* beispielhaft betrachtet.

2.1.1 Drug Discovery

Massively multitask networks Nach [Bharath Ramsundar(2015)] können *massively multitask networks (MMN)*, wenn wenige Trainingsdaten für eine einzelne Klassifikation zur Verfügung stehen, durch Kombination mehrerer Klassifikations-Aufgaben (*tasks*) in einem Netzwerk höhere Performance, gemessen mit *AUC*, erreichen. Jeder der verwendeten Datensätze wird jeweils als ein *task* aufgefasst, da je Datensatz Wirkstoffe einer Wirkung/Reaktion (*target*) zugeordnet werden. Die Wirkstoffe sind entweder als aktiv oder inaktiv für ein *target* klassifiziert. Für die Klassifizierung in aktiv/inaktiv verwendet das *MMN* für jeden *task* einen *softmax classifier*. Die Trainingsdaten umfassen

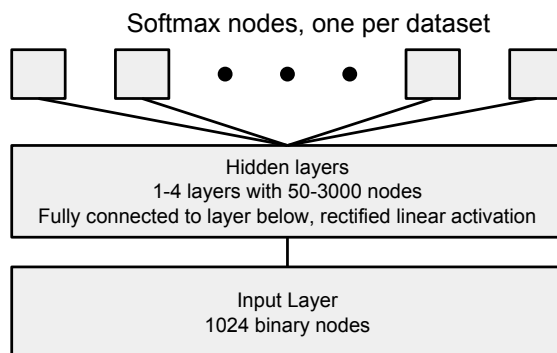


Figure 2.1: *Multitask neural network* [Bharath Ramsundar(2015)]

40 Millionen Datenpunkte, die auf 249 Datensätzen/*tasks* verteilt sind. Alle *tasks* verwenden die selben Gewichtungen in den *hidden layers* und beim Training des Netzwerks werden diese geteilten Gewichtungen angepasst. Die Performance des Netzwerks steigt mit mehr Trainingsdatenpunkten und durch Hinzunahme von *tasks*. Dabei bewirkt eine steigende Anzahl an *tasks* einen erheblichen Performancezuwachs, welcher mit mehr *tasks* geringer wird, jedoch mit 249 *tasks* noch nicht endet. Diese Ergebnisse deuten auf eine Übertragbarkeit der *tasks* hin, die das *MMN* ausnutzen kann. Somit könnte sich die besondere Generalisierung der Eingabedaten (über mehrere *tasks*) im ersten *hidden layer* für *transfer learning* anbieten.

Das *MMN* kann nur Aussagen über *targets* machen für welche genügend Trainingsdaten zur Verfügung stehen. Mit nur einigen wenigen Datenpunkten kann das *MMN* keine sicheren Vorhersagen treffen.

one-shot learning In [Altae-Tran(2017)] wird ein modifiziertes *matching network* vorgeschlagen, welches das Erlernen einer neuen Klasse mit einem oder wenigen Datenpunkten erlaubt, das sogenannte *one-shot learning*. Das *matching network* wird mit Wirkungen bekannter Wirkstoffe trainiert. Wird dem Netzwerk nun ein Wirkstoff mit einer zuvor unbekanntem Wirkung vorgelegt, erlernt das Netzwerk diese Wirkung einer Klasse zuzuordnen und ist anschließend in der Lage vorherzusagen, ob andere Wirkstoffe diese Wirkung teilen. Die Aufgabe des Netzwerks kann als die Übersetzung der Molekülstrukturen, die als Eingabe dient, in spezifische Funktionen verstanden werden. Für jeden *task* existiert ein *support set* $S = \{x_i, y_i\}_{i=1}^m$ mit $y_i \in \{0, 1\}$, das aus Datenpunkten besteht mit x_i als Molekülstruktur und y_i als aktive/inaktive Wirkung bezüglich der *tasks*. Sei nun x eine Molekülstruktur mit einer für das Netzwerk neuen Wirkung.

Die Funktion (2.1) berechnet das *label*, welches das Netzwerk der Eingabe x zuordnet.

$$h_S(x) = \sum_{i=1}^m a(x, x_i) y_i \quad (2.1)$$

Die Funktion (2.2) berechnet eine normalisierte Ähnlichkeit von x zu einem Molekül x_i ,

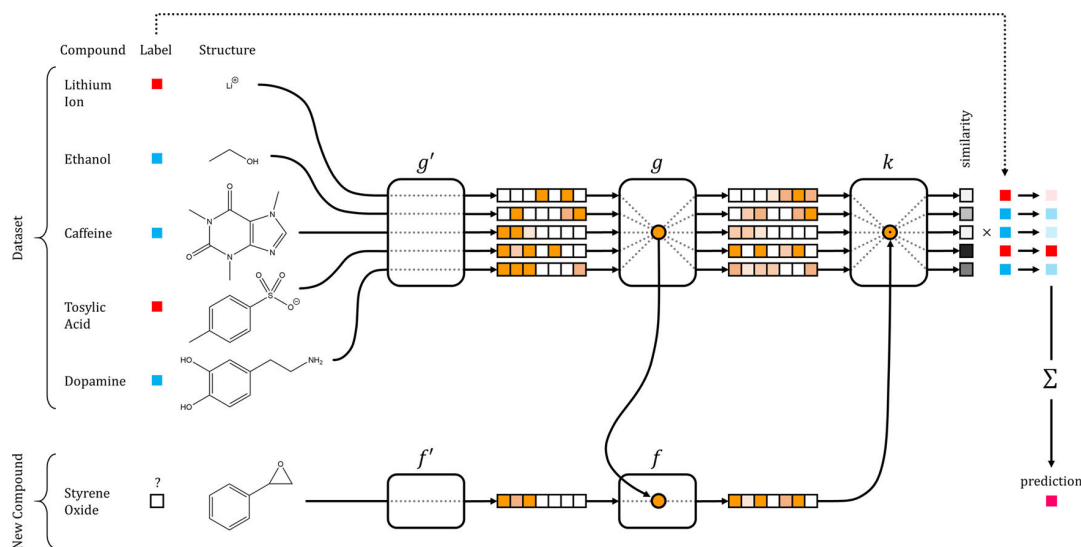
basierend auf der Kosinus-Distanz k der Vektoren $f(x)$ und $g(x_i)$.

$$a(x, x_i) = \frac{k(f(x), g(x_i))}{\sum_{j=1}^m k(f(x), g(x_j))} \quad (2.2)$$

f', g' sind *graph convolutional networks*, welche Graphen der Molekülstruktur verarbeiten und als Vektor abbilden. Es werden in den *convolutions* Knoten neue Werte, basierend auf den lokalen Werten und der Topologie, zugeordnet oder mit einer *pooling* Funktion die Werte benachbarter Knoten zusammengefügt. Dies nutzt die lokalen funktionellen Eigenschaften (*local geometry*) in Molekülstrukturen aus, um die Anzahl der lernbaren Parameter gering zu halten.

$f(x) = f(x|S)$ und $g(x) = g(x_i|S)$ sind Varianten von *long short term memory (LSTM)* Netzwerken, die basierend auf einem *recurrent neural network (RNN)*¹, abhängig von vorherigen Eingaben, Vorhersagen berechnen. *LSTM* berücksichtigt zusätzlich Langzeitabhängigkeiten der Eingabedaten. Ferner nutzt f ein kontextbasiertes *LSTM* Netzwerk, das nicht abhängig von der Reihenfolge der Eingabedaten ist: *attLSTM*.

In Abbildung 2.2 können die Abhängigkeiten der Funktionen nachvollzogen werden. Die Molekülstrukturen x_i aus dem Datensatz S sind neben den farbigen *labels* y_i aufgeführt. Das *graph convolutional network* g' bildet die Strukturen auf einen Vektor ab und g verarbeitet jeden Vektor mit Hilfe des *LSTM* in Abhängigkeit der anderen Eingaben des Datensatzes S . Sowohl g' als auch f' bilden Strukturen als Vektor ab. f berechnet unter Verwendung von $g(x_i|S)$ einen Vektor, der mit der *Kosinus-Distanz* k zur Berechnung der Ähnlichkeit zu $g(x_i|S)$ und den verbundenen *labels* y_i dient.



$$f(x|S) = attLSTM(f'(x), \{g(x_i|S)\})$$

Figure 2.2: *One-shot learning in drug discovery* [Altae-Tran(2017)]

¹recurrent neural network (RNN): https://en.wikipedia.org/wiki/Recurrent_neural_network

2.2 Medical Imaging

Im Bereich des *medical imagings* werden Bilder basierend auf unterschiedlichen Messgeräten erzeugt, welche Ärzten zu Analysen und Diagnosen verhelfen. Für eine erleichterte Analyse werten Computer das Bildmaterial aus und deuten auf potentielle Funde hin. Diese sogenannte *computer aided detection (CADe)* kann z.B. für die Diagnose von Brustkrebs hilfreich sein, indem für Mediziner Mikrokalk in der Mammographie als *MC present* oder *MC absent* klassifiziert wird. Hierbei erkennt eine *SVM*² nur eine Eigenschaft, die für eine Diagnose hilfreich ist, sodass die Interpretation von Medizinern für eine Diagnose erforderlich ist. Hingegen erlaubt die *computer aided diagnosis (CADx)* eine Diagnose ohne Einfluss von menschlicher Interpretation. Es wird dem behandelndem Arzt eine direkte Wahrscheinlichkeit für einen Befund mitgeteilt. *CADx* kann bspw. die Bösartigkeit von Mikrokalkbereichen bezüglich Brustkrebs direkt einschätzen. Die Verwendung von *CADx* stößt jedoch auf Widerstand, da die Diagnose für Mediziner und Patienten nicht klar nachvollzogen werden kann und demnach nicht vertraut wird [Miles N. Wernick(2010)].

Automatische Bildqualitätsbestimmung Die Qualität eines Bildes, das Medizinern dazu dienen soll einen Befund zu diagnostizieren, beruht nach *Luster* (1970) nicht auf der physikalischen Genauigkeit der Darstellung, sondern auf der Diagnosefähigkeit des Betrachters. Die Klassifikation, ob ein Befund vorliegt oder nicht, soll hohe Sensitivität bei einer niedrigen *false positive* Rate haben. Diese Qualitätseigenschaft kann durch die *area under curve (AUC)* von der *receiver operating characteristic (ROC)* Kurve berechnet werden. Die Darstellungen werden so angepasst, dass die Qualität optimal ist. Für menschliche Betrachter wird bspw. eine Klassifikation mit höherer Qualität erreicht, durch eine optimale Weichzeichnung der Darstellung. Optima dieser Art können mit Hilfe des *channelized hotelling observer (CHO)* gefunden werden. Der *CHO* wurde mit menschlichen Beispielen trainiert und modelliert die Zuversicht menschlicher Betrachter, ob eine Abnormität in einem Bild vorliegt.

Brain Mapping Im Bereich des *brain mappings* sind, aufgrund der multidimensionalen und großen Datenmengen, Verarbeitungsschritte für wertvolle Interpretation notwendig. In Abbildung 2.3 werden die Änderungen der räumlichen Hirnaktivitäten nach Einnahme eines Antidepressivum untersucht. Hierzu wird die Aktivität nach Einnahme des Antidepressivum und eines Placebos verglichen. Die Dimensionen der Daten werden unter Anwendung der *SVD*³ reduziert, um Vektoren vergleichen zu können. Für die Darstellung werden die berechneten Distanzen der Vektoren zurücktransformiert und farblich dargestellt. Hellere Farben repräsentieren einen höheren Aktivitätsunterschied, also eine höhere Distanz im Raum mit reduzierten Dimensionen.

²support vector machine (SVM): https://en.wikipedia.org/wiki/Support_vector_machine

³Singular-value decomposition(SVD): https://en.wikipedia.org/wiki/Singular-value_decomposition

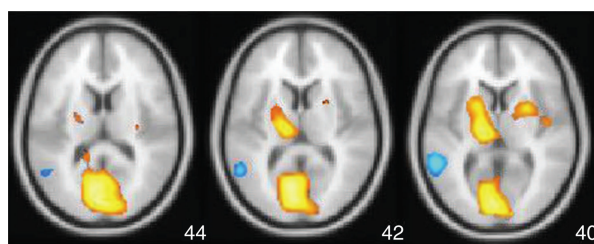


Figure 2.3: Räumliche Aktivierungsmuster im Gehirn [Miles N. Wernick(2010)]

2.2.1 CNN Verwendung

Viele Diagnosen für Gehirn und Herz werden durch *MRI*-Daten ermöglicht. Um jedoch ein *DNN* trainieren zu können, muss die Anzahl der Gewichtungen im Netz reduziert werden. Hierzu wenden *convolutional neural networks (CNN)* Bildfilter an, die nur lokale Information im Bild berücksichtigen. Dies bedeutet, dass *CNNs* für Bilddaten geeignet sind, die lokal zusammenhängend sind. Unter der Annahme, dass die Strukturen, wie Gehirn und Herz, als lokal zusammenhängend verstanden werden können, sind *CNNs* in der Lage die relevanten Informationen der *MRI*-Daten zu erlernen. Jedoch gibt es Herausforderungen für die Anwendung von *CNNs*, die im Folgenden beleuchtet werden.

Die *MRI*-Daten haben räumliche Abhängigkeiten, die nicht durch ein einfaches *CNN* modelliert werden, sodass Informationen von benachbarten Regionen mit einbezogen werden müssen. Üblicherweise verwendet ein *CNN* 2D Daten mit gleichbleibender Pixelgröße, jedoch müssen für *MRI*-Daten 3D Daten mit variierender *voxel* Größe betrachtet werden. Da eine Interpolation der *voxel* in einem Verlust der Bildschärfe resultiert, sind andere Transformationen notwendig. Zudem ist für ein erfolgreiches Lernen *preprocessing* nötig, sodass die Eingabedaten einerseits einheitlich aus einer gemeinsamen Verteilung entspringen und andererseits eine genügend hohe Entropie besitzen. Eine Datenselektion von Daten mit hoher Entropie ist schwierig, da für das Training von tiefen *CNNs* große Datenmengen notwendig sind und die Datenknappheit dies erschwert. Um einen größeren Datensatz mit *labels* zu gewinnen, kann kostengünstig ein *crowdsourcing* durchgeführt werden. Allerdings bestehen aufgrund der höheren Fehlerraten beim *crowdsourcing* Qualitätsbedenken.

Neben *MRI*-Daten können auch natürliche Bilder, die für Diagnosen von Dermatologen nützlich sind, von *CNNs* verarbeitet werden. Ein bereits trainiertes *CNN* für allgemeine natürliche Bilder konnte schneller Klassifizierungen von medizinische Bildern erlernen. Ferner werden auch *autoencoder*⁴ mit Erfolg für *transfer learning* verwendet [D. Ravi(2017)].

2.3 Pervasive Sensing

Mit der Zunahme an Sensoren, die personenbezogenen Daten erheben, folgt unter anderem, dass mehr Daten für medizinische Zwecke zur Verfügung stehen. Mit weltweit 500

⁴Autoencoder: <https://en.wikipedia.org/wiki/Autoencoder>

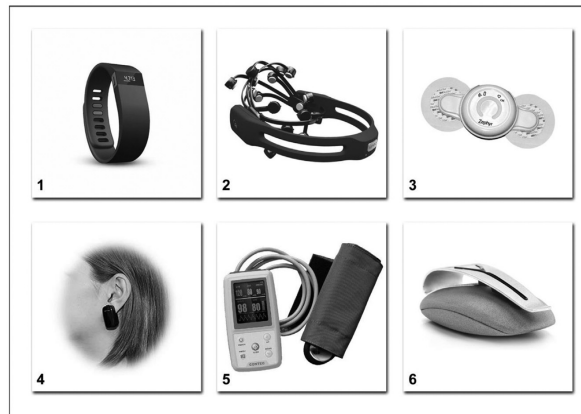


Figure 2.4: Ansammlung von gewerblich erhältlichen tragbaren Sensoren für physiologische Einschätzung. (1) Aktivitätsüberwacher (Fitbit), (2) EEG Sensor (Emotive), (3) EKG Sensor, (4) PPG Sensor, (5) Blutdruckprüfer, (6) Atmungssensor (Spire) [David D. Luxton(2015)]

Millionen Nutzern von *health-care apps* (2010-2015) erlauben Nutzer die Verarbeitung von großen Mengen an physiologischen, biologischen, Verhaltens- und Umgebungsdaten. Diese Daten werden durch die Sensoren des Smartphones und von speziellen Geräten, die von *Apple*, *Fitbit* und *Nike* hergestellt und mit mobilen Apps verknüpft sind, erhoben. Die Gesundheits-Apps dienen den Nutzern zur Eigenüberwachung und Quantifizierung der körperlichen Leistung. Zudem können medizinische Fachkräfte, basierend auf den erhobenen Daten, für einen Patienten körperliche und geistige Gesundheit einschätzen, Medikamente verschreiben und klinische Entscheidungen treffen. Zudem bieten die großen Datenmengen Potential für weitgehende Analysen und Forschungen. Spezifische Beispiele für den Nutzen der erhobenen Daten sind:

Bewegungs- und Standortdaten können für die Lokalisation von Patienten, die besondere Pflege benötigen, verwendet werden. Mit dem Umgebungslichtsensor des *Smartphones* können Schlafmuster abgeleitet und analysiert werden. Durch Messgeräte, wie in Abbildung 2.4 dargestellt, für physiologische Daten, wie elektrodermale Aktivität, Blutdruck und Elektroenzephalografie (EEG), können allgemeine Gesundheitseinschätzungen getroffen werden. Ferner erlauben Implantate, die Werte messen für die üblicherweise ein Krankenhausaufenthalt nötig ist, Reha-Patienten Zuhause zu bleiben. In Kombination können *wearables* und Apps den Energiehaushalt des Körpers überwachen, was besondere Hilfe für Patienten bieten, die an Fettleibigkeit oder Diabetes leiden. Falls kontinuierliche Daten zur Verfügung stehen, kann mit einer *abnormality detection* schnelle Intervention für schwer kranke Patienten geboten werden [David D. Luxton(2015)].

2.4 Medical Informatics

Im Bereich der *medical informatics* werden sehr große Ansammlungen von Behandlungsverläufen analysiert. In den *electronic health records (EHR)* werden Daten für jede

Patientenbehandlung dokumentiert. Diese Daten umfassen Diagnosen, Untersuchungen, Medikamente, Behandlungspläne, Impfungen, Allergien, Röntgenbilder und weitere spezielle Daten, wie von *EEG* Sensoren oder Labortests. Die Komplexität von *EHR* steht einer pauschalen Verarbeitung im Weg. Da unterschiedliche Kliniken und Personen dokumentieren, existieren irreguläre Datenlängen mit Lücken. Zudem existieren viele Abhängigkeiten in den Patientendaten, sodass Generalisierungen erschwert werden.

Mit einem *denoising autoencoder (dA)* können automatisch Features aus den *EHR* ermittelt werden. Ein *dA* rekonstruiert die Eingabedaten, die durch eine *noise* Funktion beschädigt wurden, sodass sinnvolle Vorhersagen für fehlende Werte getroffen werden können. So kann aus unvollständigen Eingabedaten eine Wahrscheinlichkeit für bspw. Diabetes, Krebs oder psychologischen Erkrankungen wie Schizophrenie berechnet werden.

Die Wahrscheinlichkeit der Aufenthaltsdauer und Wiederaufnahme eines Patienten, die auf Langzeitabhängigkeiten basiert, konnte in Studien mit *LSTM* vorhergesagt werden. Ferner sind Optimierungen der Klinikorganisation möglich, indem Entscheidungen über Zeitplanung und Patientenentlassungen mit von *EHR*-Daten abgeleiteten Vorhersagen getroffen werden. Zudem kann basierend auf *EHR* durch maschinelles Lernen eine personalisierte Behandlung möglich werden. So würde für jeden Patienten individuell ein Behandlungsweg entschieden werden [D. Ravi(2017)]. Die *EHR* sind eine reiche Datenquelle aus denen neue Forschungsfragen aus neu entdeckten Zusammenhängen abgeleitet werden können.

2.4.1 Prognose des physiologischen Alters

In [Zichen Wang(2015)] wurde ein Model entwickelt, das basierend auf physiologischen Merkmalen, ein physiologisches Alter bestimmt, welches mit dem wahren chronologischen Alter verglichen werden kann. Ein junges physiologisches Alter kann hier auf eine allgemeine Gesundheit hindeuten. Es wurden 377.686 Behandlungsverläufen aus *electronic medical records (EMR)* von 18-85 jährigen Patienten verwendet. Das verwendete *NN* hat 3 *hidden layers* mit je 1000 Neuronen mit 40% *dropout*. Somit setzten beim Training Neuronen mit einer Wahrscheinlichkeit von 40% aus. Die Schätzergebnisse sind in Abbildung 2.5 zu sehen. Der Schätzfehler des Alters hat eine Standardabweichung von 7 Jahren. Besonders schwach sind die Vorhersagen für die Altersspanne von 40 bis 55 Jahren. Zudem wurde gezeigt, dass manche physiologische Werte sich besonders für die Vorhersage des Alters eignen. So sind bspw. hohe Werte für Blutdruck, Glukose und Stickstoff im Urin mit einem höheren Alter verbunden. Einige Werte besitzen einen Wendepunkt zwischen von 50 bis 60 Jahren, was möglicherweise durch ein *survival bias* erklärt werden kann. Personen die aufgrund eines hohen Wertes im Alter 50-60 nicht überleben, treten in den *EHR* nicht mehr auf.

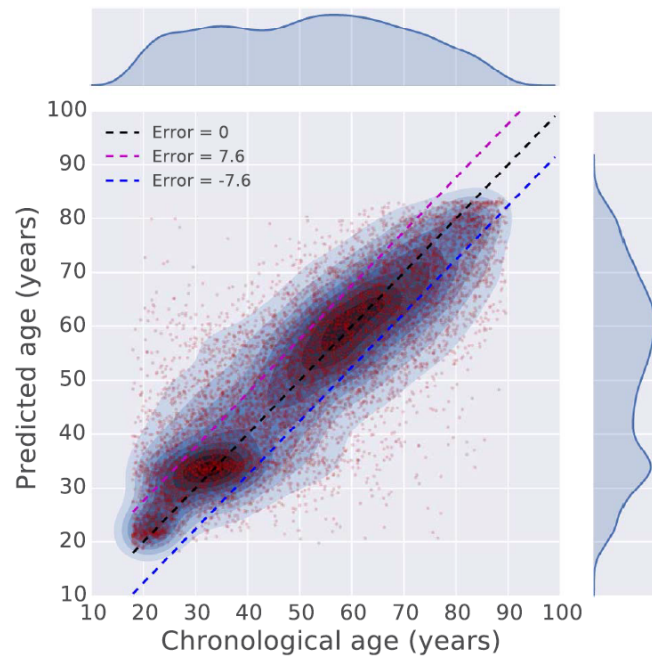


Figure 2.5: Vergleich chronologisches/vorhergesagtes Alter [Zichen Wang(2015)]

2.5 Public Health

Im Bereich *public health* finden meist komplexe Krankheitsverbreitungsmodelle Anwendung, welche Expertenwissen aus Bereichen der Physik, Chemie oder Biologie erfordern. Da häufig ein aktueller Gesundheitszustand der Öffentlichkeit untersucht werden soll, bietet sich *online learning* an. Beim *online learning* lernt ein *NN* von neu anfallenden Eingabedaten, sodass das Modell sich an zukünftige Änderungen des Systems anpassen kann. Um z.B. Luftverschmutzungsvorhersagen mit einem *online learning* Modell für Japan in Echtzeit zu treffen, werden aktuelle Daten von Sensoren aus 52 Städten in Japan erhoben. Außerdem können Modelle basierend auf Social Media Aktivitäten *tracking* von Krankheiten und Gesundheit schädigendem Verhalten realisieren. Des Weiteren können Social Media Aktivitäten zur Vorhersage von Fettleibigkeit und Depression dienen [D. Ravi(2017)].

Statistiken von *Google* zu Suchanfragen bezüglich Grippe zeigen jahreszeitliche Aktivitätsunterschiede, die Rückschlüsse auf die Krankheitsverbreitung, basierend auf dem Standort der Suchanfrage, erlaubt [Google(2015)]. Ferner erlaubte eine Analyse des Verhaltens, unter anderem die Wahl des Bildfilters, von *Instagram* Benutzern, depressive Nutzer zu erkennen [Andrew G Reece(2017)].

2.5.1 Durkheim Projekt

Das Ziel des Durkheim Projekts von 2011 bis 2015 war die Suizidprävention spezifisch für US-Veteranen, die ein erhöhtes Risiko für Depressionen aufweisen. Eine Stigmatisierung von mentalen Krankheiten führt dazu, dass Depressionen und Suizidgedanken selten

von Betroffenen gemeldet werden. Im Rahmen des Projekts wurden Social Media Aktivitäten von freiwilligen Teilnehmern und *EHR*-Daten bezüglich einer Suizid-Gefährdung untersucht. Mit dem entwickelten Modell können einerseits den Patienten schnelle und direkte Rückmeldungen gegeben werden. Andererseits erlaubt es Ärzten individuelle Risikoeinschätzungen und Interventionen bei hoher Suizidgefahr.

Das entwickelte Modell erlaubt eine auf Sprache basierende Suizid-Prognose durch verwendete Worte und Wortgruppen. Das Modell ist eine Variante eines *decision tree forest*. Es werden *genetic* Variationen beim Lernen des Entscheidungsbaums verwendet, um in erzeugten Populationen gute Eigenschaften zu entdecken. Die Größe des Baumes wurde minimiert, indem optimale Entscheidungen mit maximaler Entropie gesucht wurden. Mit *supervised learning* konnten verwendete Wortgruppen auf 3 Gruppen zugeordnet werden: (Suizid, \neg Suizid + Behandlung, \neg Suizid). Jede Gruppe bestand aus 70 Personen. Die Klassifizierung gelang mit einer *accuracy* von $> 67\%$. Falls ein durch das Modell berechnete Suizidrisiko eines Teilnehmers über einem Schwellenwert lag, konnten in Echtzeit Mitteilungen in Form von Facebook-Nachrichten oder E-Mails versendet werden [Chris Poulin(2015)].

3 Ausblick

Um in Zukunft von verkürzten Verarbeitungszeiten und Qualitätsverbesserungen im Gesundheitswesen zu profitieren, müssen Ärzte lernen *Big Data* Methoden und Werkzeuge einzusetzen. Die Datenmenge und Komplexität von hunderten Biomarkern, Bildmaterial von Millionen Patienten, aggregierten Forschungsergebnissen und *EHR* stellt eine große Herausforderung und zugleich eine große Chance dar. AI erlaubt gründlichere Verarbeitung dieser Daten ohne menschliche kognitive Begrenzungen.

Medical Imaging Das erweiterte AI basierte Bildverständnis großer Unternehmen, wie Google und Facebook, lassen auf ein großes Entwicklungspotential für die automatisierte Bildinterpretation für medizinische Zwecke hoffen. Durch höhere Auflösung und mehr 3D Daten in Verbindung mit einem generellen Zuwachs an Daten können mehr und verbesserte AI Systeme entstehen. Es existieren bereits *machine learning* Ansätze, die gleiche Leistung in Bilderkennung wie Dermatologen erbringen können. AI für Bilderkennung ist bereits effektiver als Radiologen, sodass in der Zukunft diese medizinische Vertiefungsrichtung durch AI verdrängt werden könnte [Katie Chockley(2016)].

Unternehmen Einflussreiche Unternehmen haben bereits vielversprechende Modelle entwickelt. *IBM-Watson* kann Krebsdiagnosen und verbundene Behandlungsvorschläge bieten. *Google DeepMind* ist in der Lage Augenkrankheiten zu differenzieren und für die Strahlentherapie bei Krebspatienten präzise Bereiche zu erkennen, die bestrahlt werden müssen. Die *Dr. AI* von *HealthTag* kann basierend auf ärztlichem Wissen und *EHR*-Daten Patienten mit Symptomen passende medizinische Einschätzungen und Wegweisungen geben.

Mit Zunahme an *sensing* Geräten stehen mehr verteilte Sensoren für viele verschiedene Werte zur Verfügung. So können in Zukunft unter Rücksicht von mehr Variablen, bessere *scores* für bspw. Wiederaufnahmen und Sterberaten bestimmt werden. Zudem werden durch AI Systeme bessere individuelle Patientenbehandlung und Medikamentenauswahl mit *precision medicine* möglich. Eine derartige intelligente Medikamentenauswahl bezieht neben dem Behandlungsverlauf und physiologischen Werten auch bspw. die Kostendeckung durch die Krankenversicherung oder Vorlieben des Patienten mit ein. Mit verbesserter Zeitplanung, die auf Vorhersagen von relevanten Ereignissen beruht, könnten Überbuchungen in Krankenhäusern verhindert werden.

Für die Integration von AI Systemen bestehen jedoch noch Schwierigkeiten die voraussichtlich nicht in naher Zukunft behoben werden können. So sind anspruchsvolle und komplexe Unterhaltungen zwischen Patienten und medizinischen Fachkräften, die wichtig für das Vertrauen des Patienten sind, nur schwer zu ersetzen. Vor allem im Bereich der

Neurologie müssen Entscheidungen getroffen werden, die kritisches Denken benötigen. Generell sind AI Systeme nicht für Anpassungen an neue Erkenntnisse ausgelegt, die ein Facharzt für neue Diagnosen und Entscheidungen einbinden kann. Zudem kann beim Versagen von AI Systemen die Schuldfrage weitere Schwierigkeiten und Vertrauensprobleme verursachen [Krittana Wong(2017)].

Somit ist die Ausbreitung von AI Systemen in naher Zukunft begrenzt. Allerdings werden durch den gezielten Einsatz und Weiterentwicklung von *deep learning* Modellen weitere effektivere und individuelle Behandlungen von Patienten möglich.

Bibliography

- [Altae-Tran(2017)] Ramsundar Bharath Pappu Aneesh S. Pande Vijay Altae-Tran, Han. Low data drug discovery with one-shot learning. *ACS Central Science*, 3(4):283–293, 2017. doi: 10.1021/acscentsci.6b00367. URL <http://dx.doi.org/10.1021/acscentsci.6b00367>.
- [Andrew G Reece(2017)] Christopher M Danforth Andrew G Reece. Instagram photos reveal predictive markers of depression. *EPJ Data Science*, 2017. URL <https://epjdatascience.springeropen.com/track/pdf/10.1140/epjds/s13688-017-0110-z?site=epjdatascience.springeropen.com>.
- [Bharath Ramsundar(2015)] Patrick Riley Dale Webster David Konerding Vijay Pande Bharath Ramsundar, Steven Kearnes. Massively multitask networks for drug discovery. 2015. URL <https://arxiv.org/abs/1502.02072>.
- [Chris Poulin(2015)] Craig Bryan Chris Poulin, Paul Thompson. Chapter 9 - public health surveillance: Predictive analytics and big data. In *Artificial Intelligence in Behavioral and Mental Health Care*, pages 205–230. 2015.
- [D. Ravi(2017)] F. Deligianni M. Berthelot J. Andreu-Perez B. Lo G. Z. Yang D. Ravi, C. Wong. Deep learning for health informatics. *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*, 21(1):4–21, Jan 2017. ISSN 2168-2194. doi: 10.1109/JBHI.2016.2636665.
- [David D. Luxton(2015)] Akane Sano Timothy Bickmore David D. Luxton, Jennifer D. June. Chapter 6 – intelligent mobile, wearable, and ambient technologies for behavioral health care. In *Artificial Intelligence in Behavioral and Mental Health Care*, pages 137–162. 2015.
- [Google(2015)] Google. Google flu trends estimates - google public data explorer. https://www.google.com/publicdata/explore?ds=z3bsqef7ki44ac_, 2015. Accessed: 2018-01-04.
- [Katie Chockley(2016)] Ezekiel Emanuel Katie Chockley. The end of radiology? three threats to the future practice of radiology. *Journal of the American College of Radiology*, 3:1415–1420, 2016.
- [Krittanawong(2017)] C. Krittanawong. The rise of artificial intelligence and the uncertain future for physicians. *European Journal of Internal Medicine*, 2017.

[Miles N. Wernick(2010)] Jovan G. Brankov Grigori Yourganov-Stephen C. Strother Miles N. Wernick, Yongyi Yang. Machine learning in medical imaging. 2010. URL <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4220564>.

[Zichen Wang(2015)] Benjamin S.Glicksberg Ariel Israel Joel T. Dudley Avi Ma'ayan Zichen Wang, Li Li. Predicting age by mining electronic medical records with deep learning characterizes differences between chronological and physiological age. *Journal of Biomedical Informatics*, 2015.