



Die Berechnung des Menschen

Wissenschaftstheoretische Grundlagen von Big Data in den Life Sciences und im Gesundheitsbereich

> Klaus Mainzer Lehrstuhl für Philosophie und Wissenschaftstheorie Technische Universität München





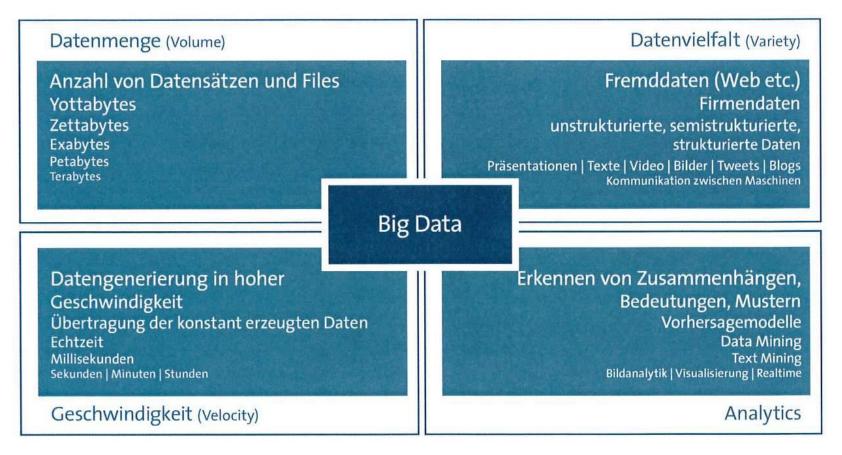
Von Daten und Information zu Wissen

| Problemlösung | z.B. Therapie |
|---------------|---|
| lacktriangle | |
| Wissen | z.B. Diagnose einer |
| <u> </u> | Krankheit |
| Information | z.B. Fieber |
| 1 | 39,8 Celsius |
| Daten | z.B. 39,8 |
| <u> </u> | - |
| Symbole | z.B. "3", "8", "9" |
| <u> </u> | _ |
| Signale | Bitfolge aus "0" und "1" |
| | ↑ Wissen Information Daten Symbole ↑ |





Big Data im Gesundheitssystem

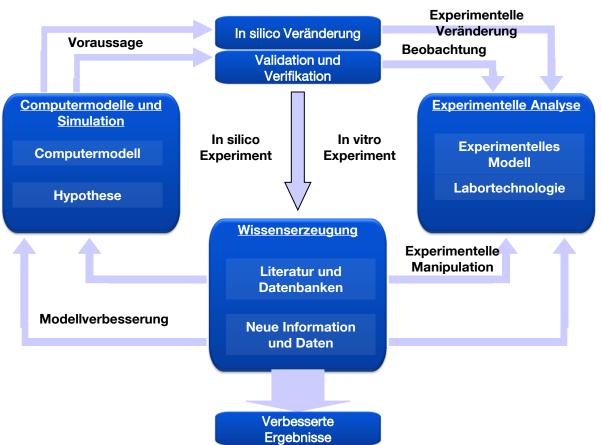


Big Data Technologie ist notwendig, um die exponentiell wachsenden Datenmengen im Gesundheitssystem (klinisch, epidemologisch, bildgebend, molekularbiologisch, ökonomisch etc.) zu bewältigen (z.B. 20 Terabytes pro Patientenakte für 2015).





Big Data in den Life Sciences



In den Life Sciences
werden Computermodelle
und Simulationen ("in silico
Experimente") und
Laborexperimente ("in vitro
und in vivo Experimente")
verbunden, um neues
Wissen zu erzeugen, mit
dem bessere Modelle und
neue Experimente
bestimmt werden können.

Wachsende Anhäufung von biologischen Daten führen zu Computermodellen von Zellen, Organen und Organismen mit komplexen Netzwerken für Stoffwechselprozesse, Signalübertragung und genetische Regulation.



Berechnung von Patientenprofilen

HIV-Genom
...aagtagggg
ggnaantaatag
aagcncgattag
atacaggagcag
atgatacagtatt
ngaagaaataaa
tttaccaggaaga
tggacaccaaaa
atgatagggga
attggaggttttat
caaagtaa...



| Wirkstoff | Aktivität | | |
|-----------|-----------|--|--|
| ZDV | 1 | | |
| ddC | 1 | | |
| ddl | 0,68 | | |
| d4T | 1 | | |
| 3TC | 0,0045 | | |
| ABC | 1 | | |
| TDF | 1 | | |
| NVP | 0,95 | | |
| DLV | 1 | | |
| EFV | 0,59 | | |
| SQV | 1 | | |
| IDV | 1 | | |
| RTV | 1 | | |
| NFV | 1 | | |
| APV/FPV | 1 | | |
| LPV | 1 | | |
| ATV | 1 | | |

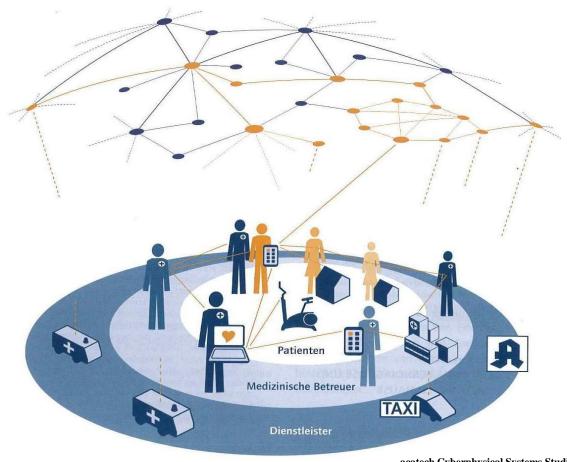
Durch *Blutanalyse* wird die **Genomsequenz** eines patientenspezifischen HIV-Erregers (links) ermittelt. **Bioinformatisch** wird das Resistenzprofil dieses HIV-Erregerstammes gegen 17 verfügbare AIDS-Medikamente mit entsprechender Resistenzwahrscheinlichkeit (rechts) berechnet. So ergibt sich eine *Therapie* des Arztes.

Wegen der *Komplexität* des *biologischen Organismus* werden individualisierte Datenerhebungen immer notwendiger (*personalisierte Medizin*).





Internet der Dinge im Gesundheitssystem



acatech Cyberphysical Systems Studie: 2012, 42





Technische Grundlagen von Big Data Mining

| | In-Memory Datenbanken | MPP Datenbank | Big Data Appliance | Hadoop | No SQL Datenbank |
|---|--------------------------|---------------|-----------------------|----------|---------------------|
| Konsistent | 0 | 0 | 0 | A | A |
| verfügbar | 0 | 0 | • | A | A |
| fehler = tolerant | 0 | | A | | 0 |
| geeignet für Echtzeit Transaktionen | • | • | • | • | • |
| geeignet für Analyse | _ | | 0 | 0 | • |
| geeignet für extreme Big Data | • | _ | | | 0 |
| geeignet für unstrukturierte Daten | • | • | | | |

Stärken und Schwächen von Big Data Technologien.

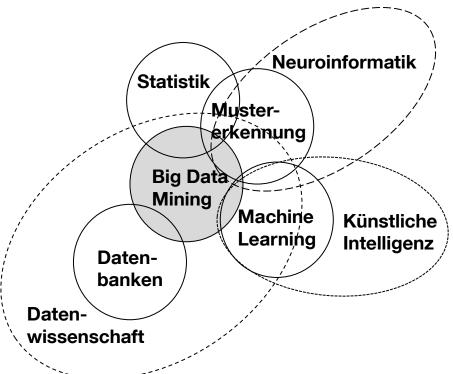
- = entspricht den Erwartungen
- = entspricht eingeschränkt den Erwartungen
- = entspricht nicht den Erwartungen

Vor Einrichtung einer High-Performance Big Data Mining Plattform muss eine Stärkenund Schwächenanalyse für die jeweiligen Anwendungen durchgeführt werden.





Interdisziplinäre Grundlagen von Big Data Mining



Voraussagemodelle (predicative modeling) sind das zentrale Ziel von Big Data Mining als Teil der Datenwissenschaft. Dazu werden Algorithmen des Machine Learning nach dem Vorbild des menschlichen Gehirns aus den Neurowissenschaften und der KI-Forschung mit z.B. Musterbildung und Clustering ebenso angewendet wie Methoden der Statistik und Datenbanken.



Methodologie für Voraussagemodelle im Data Mining

Stichprobe:

- groß genug für signifikante Information
- klein genug für schnelle Manipulation
- statistisch repräsentativ

Datenexploration:

- Suche nach Trends, Anomalien und Muster
- Statistische Methoden (z.B. Faktoranalyse, Clustering)

Modell:

- Entwicklung einer Software, die automatisch in Daten Korrelationen und Muster entdeckt, um Trends und Profile vorauszusagen
- Unterschiedliche Algorithmen haben unterschiedliche Vor- und Nachteile (z.B. Neuronale Netze, Entscheidungsbäume, stochastische und Bayesianische Modelle, Zeitreihenanalyse)

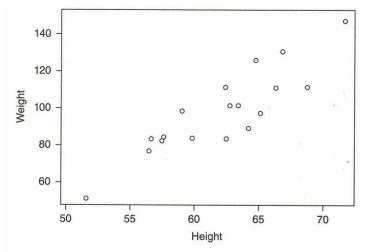
Modellselektion:

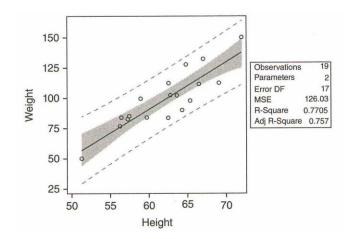
- Bewertung (assess, evaluation) und Auswahl (selection) aus einer möglichen Modellklasse
- Verbesserung des Modells





Regressionsanalyse für Voraussagemodelle





Regressionsanalyse erlaubt eine lineare Trendvoraussage, wenn eine lineare Beziehung zwischen der abhängigen Variable und allen unabhängigen Variablen angenommen wird:

 $H_i = \beta_0 + W_i \beta_1$ mit z.B. H_i *Größe* und W_i *Gewicht* eines Patienten *i.*

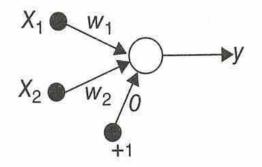
Die *beste Trendlinie* wird nach der (bereits auf C.F. Gauß (1777-1855) und A.M. Legendre (1752-1833) zurückgehenden) *Methode der kleinsten Quadrate* bestimmt:

Die beste Linie minimiert die Summe der Abweichungen aller Datenpunkte von der vorausgesagten Trendlinie. Die Abweichung einer Beobachtung wird durch den quadratischen Abstand zwischen der vorausgesagten Linie und dem Beobachtungswert bestimmt.

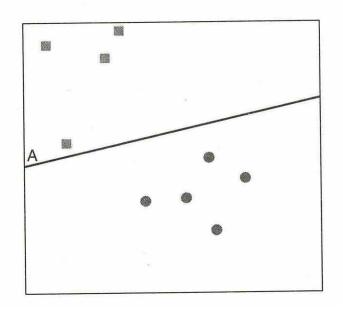
Weiterentwicklungen (z.B. Generalized Linear Models =GLM) werden auch in *Big Data* angewendet (z.B. Versicherungsprämien).



Lernalgorithmus für (lineare) Mustererkennung



Nach dem Netzmodell (1943) von W. McCulloch und W. Pitts feuert ein Neuron (d.h. output y=1), wenn die *Summe* seiner *erregten Inputs* (z.B. x_1, x_2) gewichtet mit den *Synapsenstärken* W_1, W_2 größer als ein *Schwellenwert* ist und keine *hemmenden Inputs gleich* 1 sind.



Der *Perzeptron Lernalgorithmus* (1950) beginnt mit einer Zufallsmenge von *Gewichten* und *modifiziert* diese *Gewichte* nach einer *Irrtumsfunktion*, um die *Differenz* zwischen *aktuellen Output* eines Neuron und *gewünschten Output* eines *trainierten Datenmusters* (z.B. Buchstabenfolgen, Pixelbild) zu *minimieren*.

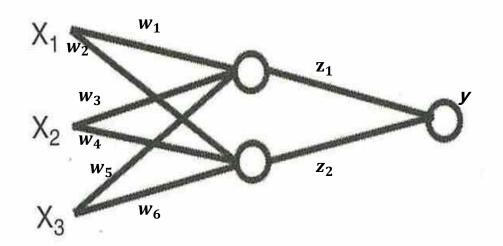
Dieser *Lernalgorithmus* kann nur *trainiert* werden, um solche *Muster wiederzuerkennen* (supervised learning), die *linear trennbar* sind – *keine nichtlinearen Beziehungen* (M. Minsky/ S. Papert 1969).





Lernalgorithmus für (nichtlineare) Regressionsanalyse

In einem *nichtlinearen Regressionsproblem* wird eine *nichtlineare Funktion* von *Inputvariablen* bestimmt, indem die *Gewichte* der Funktion y(W,X) mit dem zu berechnenden *Gewichtsvektor W*, dem Vektor X der bekannten *Inputs* und dem bekannten *Output y optimiert* werden.



Ein (feedforward) neuronales Netz mit 3 Schichten von Inputneuronen, mittleren ("versteckten") Neuronen und Outputneuronen ist bestimmt durch die Outputfunktion

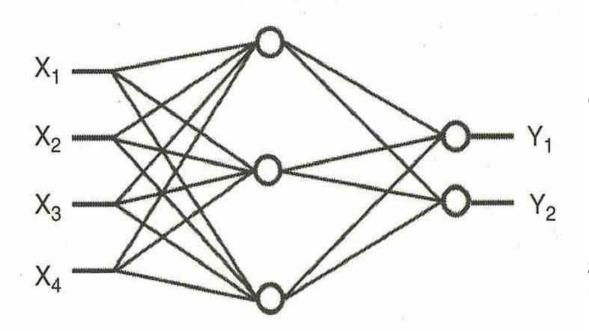
$$y(Z,W,X) = o(Z \cdot h(W \cdot X))$$

mit *Inputvektoren X, Gewichtsvektoren W* zwischen Inputschicht und versteckten Neuronen, *Aktivierungsfunktion h* der versteckten Neuronen, *Gewichtungsvektor Z* zwischen versteckten Neuronen und Outputneuronen und *Aktivierungsfunktion o* des Outputneurons. Mit einem *Outputneuron* können auch *einzelne numerische Werte vorausgesagt* werden.





Lernalgorithmus für (nichtlineare) Klassifikationen



Ein feedforward neuronales Netz mit 3 Schichten und zwei Outputneuronen ist bestimmt durch die Outputfunktion

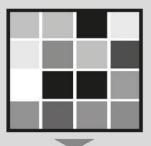
$$y_1(Z_1, W, X) = o(Z_1 \cdot h(W \cdot X))$$

$$y_2(Z_2, WX) = o(Z_2 \cdot h(W \cdot X))$$

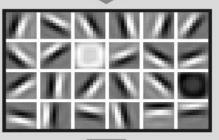
mit Gewichtsvektoren Z_1 und Z_2 zwischen den verstecken Neuronen und den beiden Outputneuronen.

Bei *Klassifikationsaufgaben* lernen neuronale Netze *vorauszusagen*, zu *welcher Klasse* (entsprechend der Anzahl der Outputneuronen) ein Input gehört (z.B. Gesichts-, Profil-, Krankheitserkennung).





Ebene 1: Der Computer identifiziert hellere und dunklere Pixel.



Ebene 2: Der Computer lernt, Kanten und einfache Formen zu identifizieren.



Ebene 3: Der Computer lernt, komplexere Formen und Objekte zu identifizieren.



Ebene 4: Der Computer lernt, welche Formen und Objekte dazu taugen, um ein menschliches Gesicht zu definieren.

Deep Learning: Wie Maschinen lernen lernen

Beim *Deep Learning* werden *neuronale Netze* zu *Ebenen* angeordnet, die *immer komplexere Merkmale* verwenden, um
z.B. den *Inhalt eines Bildes* zu erkennen.
So lassen sich große *Datenmassen* in
Kategorien einteilen.

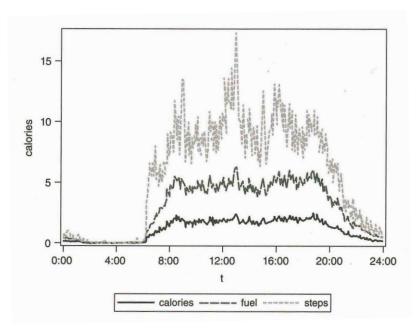
Im "Google Brain" (Mount View CA 2014) werden ca. 1 Million Neuronen und 1 Milliarde Verbindungen (Synapsen) simuliert. Big Data Technologie macht neuronale Netze mit mehrfachen Zwischenschritten möglich, die in den 1980er Jahr nur theoretisch denkbar waren.



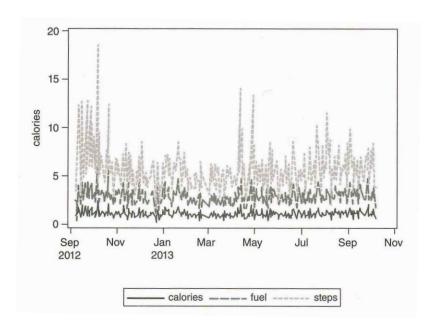
Zeitreihenanalyse im Gesundheitsbereich



Im *Internet der Dinge* werden *Wearables* (z.B. Nike-FuelBand) eingesetzt, um *Verhaltens-* und *Gesundheitsdaten* durch *Biosensoren* zu messen. *Zeitreihenanalyse* entdeckt *Korrelationen* und *Muster*, um aus *Big Data-Massen Informationen* zu gewinnen.





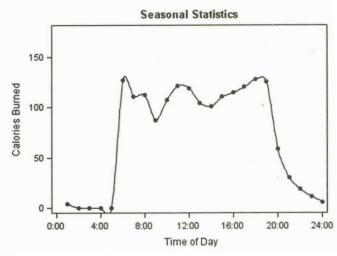


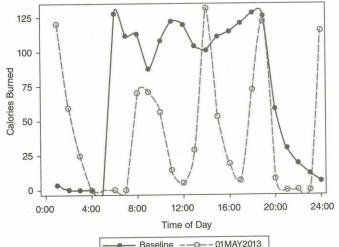
Minuten-zu-Minuten Aktivitätsindex





Ähnlichkeitsanalyse führt von Big Data zu Gesundheitsinformationen





Um aus den *Datenmassen* zu lernen, wird zunächst ein *normales* (durchschnittliches) *Tagesmuster* z.B. des Kalorienverbrauchs (target) ermittelt. In einer *Ähnlichkeitsanalyse* werden *abnormale Abweichungen* bestimmt. (hier: Büro- und häuslicher Alltag werden durch Konferenz und Messebetrieb unterbrochen).

In der *Gesundheitsfürsorge* für ältere Patienten/Senioren, die *zu Hause* leben (wollen), spielt *automatische Ähnlichkeitsanalyse* zur Feststellung von *abnormalen Datenmustern* eine grundlegende Rolle.

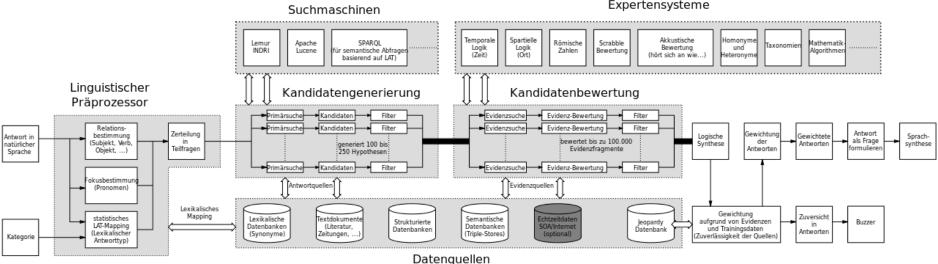


Big Data Technologie übertrifft den Menschen? WATSON



WATSON ist eine semantische Suchmaschine (IBM), die in natürlicher Sprache gestellte Fragen erfasst und in einer Big Data Datenbank passende Fakten und Antworten in kurzer Zeit findet.

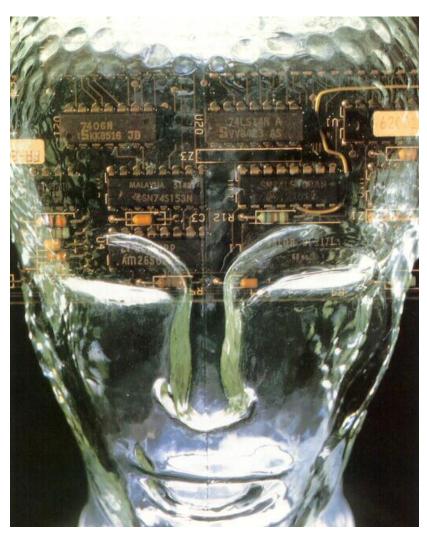
Sie orientiert sich *nicht* am *menschlichen Gehirn* (Deep Learning), sondern integriert *Sprachalgorithmen*, *Expertensysteme*, *Suchmaschinen* und *linguistische Prozessoren* auf der Grundlage der *Rechen-* und *Speicherkapazitäten* von *Big Data Technologie*.







Mensch als Big Data Träger



Im Gesundheitswesen werden Verhalten, Kognition und Emotionen von Menschen mit komplexen Datenmustern verbunden.

Mit neuronalen Netzwerken, Machine Learning und Big Data Algorithmen werden Profile berechnet, zukünftiges Verhalten antizipiert und passende Therapien abgeleitet.

Wie weit können/dürfen wir gehen?





Big Data in der Medizin – Chancen und Risiken



Intelligente Suchalgorithmen (machine learning) müssen für den einzelnen Patienten die passenden Schlüsselinformationen finden (personalisierte Medizin).

Personalisierte medizinische Daten sind durch anonymisierte und pseudoanonymisierte Verschlüsselung vor Missbrauch (z.B. Versicherung, Marketing, Berufsmarkt) zu schützen.



Big Data – "Eine neue Art der Wissenschaft"?



Führt Big Data in einer komplexen Welt zu einer "neuen Art daten-getriebener Wissenschaft" mit effizienten Algorithmen - "ohne Theorie" (C. Anderson)? Algorithmen ohne Theorie und Gesetze sind blind! Korrelationen und Datenmuster ersetzen keine Erklärungen und Begründungen von Ursachen. Daher brauchen wir URTEILSKRAFT!





Literaturhinweise:

