

Markus Graf

Dr. sc. hum.

Medical Knowledge Image Extension – Toward an information model for representation and acquisition to enhance knowledge about medical images

Promotionsfach: DKFZ

Doktorvater: Prof. Dr. rer. nat. Wolfgang Schlegel

Moderne medizinische Anwendungen stützen sich auf eine Vielzahl an Bilddaten und zugeordneten Informationen. All diese Daten, insbesondere medizinische Bilder, enthalten mehr Informationen als deren reine digitalen Repräsentationen preis geben. Diese zusätzlichen Informationen werden normalerweise bei Datenverarbeitungsprozessen erhoben, während bestimmtes Wissen darüber auf die Datensätze angewandt wird. Im Anschluss an den Verarbeitungsprozess geht diese Information meistens jedoch verloren oder verbleibt nur beim Anwender selbst, der das Wissen zuvor an den Prozess weitergegeben hatte.

Mit dieser Arbeit entstand ein generisches Informationsmodell, welches mit dem Hinzufügen, Anwenden und Anhängen von Wissen an Softwaresysteme und dessen Semantik arbeitet. Weiterhin soll das Modell ermöglichen, dass automatische Verarbeitungsschritte auf dieses Wissen in einer maschinenlesbaren Form zurückgreifen können. Um das Ausmaß dieser klinischen Anwendbarkeit des generischen Frameworks und Informationsmodells MIKE (Medical Image Knowledge Extension) aufzuzeigen, wurde es in Projekte integriert, von denen jedes eine leichte Übersicht über die Schlüsselfunktionen bietet. Zudem zeigt es, was außerdem mit dieser mächtigen semantisch verknüpften Datenbasis ermöglicht werden kann. Die Kombination der medizinischen Informatik mit semantischen Netzen und Wissensbasierten Systemen macht die Verwendung von Ontologien und semantischen Verknüpfungen von medizinischen Daten anwendbar. Des Weiteren kann durch die Integration der auf dem Bayestheorem begründeten Wahrscheinlichkeitsmodelle nicht nur auf vorhandenes Wissen zurückgegriffen werden, sondern ermöglicht es dem System darüber hinaus neues Wissen aus den gespeicherten Informationen abzuleiten.

Um Softwaresysteme zu erstellen, die sich auf dieses Informationsmodell stützen, wurde ein Framework entwickelt, das sich aus dem generischen Datenmodell und einer flexiblen Softwarearchitektur zusammensetzt. Dieses hierfür entwickelte Datenmodell basiert auf den Säulen relationaler Datenbankmanagementsysteme. Für die benötigte Flexibilität wurde das Framework mit Algorithmen versehen, die Attribute von Objekten zur Speicherung so weit auseinandernehmen, dass es in einer abstrahierten generischen Art und Weise geschieht um eine individuelle Programmierung einzelner Objekte zu vermeiden. Zusätzlich stellt die Softwarearchitektur sicher, dass Entwickler medizinischer Anwendungen beliebig neue Datentypen in einfacher Weise in die Datenhierarchie integrieren können. Diese Datentypen werden mit diesem Verfahren automatisch analysiert, semantisch eingeordnet, gespeichert und wieder ausgelesen. Im Weiteren erläutern drei Machbarkeitsstudien klinischer und forschungsnaher Anwendungen die Verwendung dieses Frameworks bei deren

Entwicklung. Sie zeigen die Vorteile der semantischen Vernetzung, sowie die Flexibilität und Generizität dieses Softwaresystems. Zudem wird die Anwendung des Bayestheorems für eine medizinische Problemstellung (wie wahrscheinlich ist eine bestimmte Diagnose) exemplarisch nachvollzogen.

Zusammenfassend liefert MIKE ein flexibles und vielschichtiges Entwicklerframework, mit dem der Informationsaustausch in medizinischen Anwendungen realisiert und erweitert werden kann. Die Kombination aus Versionsunabhängigkeit, anpassbarer Taxonomie und semantischer Vernetzung reichern verarbeitbare Informationen zu Wissen an. Daher ermöglicht es das Framework Wissensrepräsentationen zu realisieren, um datenzentrierte medizinische Softwaresysteme zu erstellen. Des Weiteren kann durch die probabilistische Wissensakquise die Entwicklung moderner medizinischen Bildverarbeitungsprozessen ermöglichen, die eine Interpretation vorhandener Daten erfordern.