

Institut für Medizininformatik, Biometrie und Epidemiologie

Lehrstuhl für Medizinische Informatik

Adresse

Wetterkreuz 15
91058 Erlangen
Tel.: +49 91318526720
Fax: +49 9131 8526754
www.imi.med.fau.de

Direktor

Prof. Dr. biol. hum. Hans-Ulrich Prokosch

Ansprechpartner

Prof. Dr. biol. hum. Hans-Ulrich Prokosch
Tel.: +49 9131 8526721
Fax: +49 9131 8526754
hans-ulrich.prokosch@uk-erlangen.de

Forschungsschwerpunkte

- Prozessunterstützung durch Informationssysteme im Gesundheitswesen
- medizinische Ontologien und Wissensverarbeitung
- Evaluation von Informationssystemen im Gesundheitswesen
- Erschließung, Bewertung und Visualisierung medizinischer Daten
- IT-Infrastrukturanwendungen für die medizinische Forschung
- Klinische Bioinformatik

Struktur des Lehrstuhls

Professur: 1

Beschäftigte: 20

- Ärzte: 1
- Wissenschaftler: 16
(davon drittmittelfinanziert: 12)
- Promovierende: 10

Forschung

In verschiedenen Arbeitsgruppen werden die Konzeption und Einführung elektronischer Krankenakten, die Integration wissensverarbeitender Funktionen in Krankenhausinformationssysteme, die Modellierung und Optimierung klinischer Arbeitsabläufe, Data-Warehouse- und Data-Mining-Anwendungen, die Evaluation der Auswirkungen von EDV-Maßnahmen und elektronischen Informationsmedien auf die Prozesse und Beteiligten im Gesundheitssystem, die Konzeption von IT-Infrastrukturen für Forschung und Lehre sowie Methoden der klinischen Bioinformatik erforscht. Die Standortübergreifende Datenintegration und gemeinsame, datenschutzgerechte Nutzung von Routinedaten für die Forschung im Rahmen der deutschen Medizininformatik-Initiative steht im besonderen Fokus der Forschungsarbeiten des Lehrstuhls. Der Lehrstuhlinhaber ist als Chief Information Officer (CIO) gleichzeitig für die strategische Weiterentwicklung der Informationsverarbeitung im UK Erlangen verantwortlich.

Prozessunterstützung durch Informationssysteme im Gesundheitswesen

Eine der großen Herausforderungen bei der

Konzeption und Ausgestaltung von Informationssystemen des Gesundheitswesens ist deren Sektor übergreifende Interoperabilität, um die optimale Prozessgestaltung in der Kooperation der verschiedenen Leistungserbringer des ambulanten und stationären Sektors für die bestmögliche Patientenversorgung zu realisieren. Zur Erhöhung der Patientensicherheit sollen dabei integrierte, wissensverarbeitende Funktionen bereitgestellt werden. In letzter Konsequenz muss diese elektronische Vernetzung auch die Patienten, z. B. durch Einsatz des Medikationsplans, einer elektronischen Gesundheitsakte oder der durch die Krankenkassen bereitgestellten elektronischen Patientenakte, mit einbeziehen. Neben Forschungsarbeiten in Drittmittelprojekten mit nationalen und internationalen Partnern unterstützt der Lehrstuhl Pilotprojekte innerhalb der klinischen Arbeitsplatzsysteme SOARIAN® und Meona® sowie integriert in das intensivmedizinische PDMS ICM®. Beispielsweise beschäftigt sich der Lehrstuhl mit der Konzeption eines in ein klinisches Arbeitsplatzsystem eingebundenen Patientenportals welches sowohl die digitale Kommunikation mit dem Patienten im Versorgungskontext unterstützt, als auch diesen transparent in die Nutzung seiner Daten für Forschungszwecke einbezieht.

Medizinische Ontologien und Wissensverarbeitung

Im Bereich der medizinischen Wissensverarbeitung beschäftigen sich unsere Forschungsarbeiten insbesondere mit Fragen der Modellierung von Wissen und der Realisierung standardisierter Wissensmodule, beispielsweise für die Unterstützung in der Arzneimitteltherapie und der Qualitätssicherung in der intensivmedizinischen Versorgung. Im intensivmedizinischen Kontext konzipieren und implementieren wir wissensbasierte Unterstützungsfunktionen für das EDV-System der Intensivstationen, z. B. zum Monitoring von Grenzwertverletzungen oder kritischen Trends bei verschiedenen Laborwerten, mit direkter Rückmeldung als SMS auf das DECT-Handy des diensthabenden Arztes. Innerhalb des MIRACUM Projektes beschäftigen wir uns aktuell auch mit der Integration klinischer Daten und genomischer Daten, sowie der effizienten Visualisierung dieser Daten zur Unterstützung der Therapiefindung in Molekularen Tumorboards. Auch die KI-basierte Entwicklung von Klassifikations-/Prognosemodellen zur Therapieunterstützung bei COPD-/Asthma-Patienten und Patienten mit Hirntumoren sowie die KI-basierte Empfehlung von Medikationsdosen wird am Lehrstuhl erforscht. In diesem Kontext beschäftigen wir uns immer auch mit allen Aspekten der Nutzung von Software als Medizinprodukt.

Evaluation von Informationssystemen im Gesundheitswesen

Bei der Einführung neuer Technologien ist es wichtig, die Auswirkungen auf die Mitarbeiter-

zufriedenheit, Arbeitsprozesse, Prozesskosten oder Krankenversorgung zu evaluieren. Dabei sind Untersuchungen zur Usability, zur Einstellung der betroffenen Nutzer gegenüber diesen Systemen und zur Akzeptanz neuer Technologien wichtige Voraussetzungen für deren effizienten Einsatz. In einer Vielzahl unterschiedlicher Studien und Projekte wurden Methoden, wie Thinking Aloud oder Usability-Fragebögen, angewendet, um Anforderungen an IT Systeme und Prozesse zu erheben oder etablierte Prozesse zu evaluieren und optimieren. In Kooperation mit der Anästhesiologischen Klinik, verschiedenen weiteren deutschen Anästhesieabteilungen sowie der Stiftung Deutsche Anästhesiologie führen wir im Kontext eines nutzerzentrierten Designprozesses für eine Notfallcheckliste verschiedene Stufen der Usability Evaluation durch. In einem weiteren Projekt kooperieren wir mit der Kinder- und Jugendklinik zur Evaluation eines Prototypen für ein Webbasiertes Arzneimittelinformationssystem, insbesondere mit computergestützten Dosierhinweisen für die Medikamententherapie bei Kindern. Im Kontext der Entwicklung von Benutzeroberflächen für die Suche nach Bioproben und zur Durchführung von Machbarkeitsanalysen kooperieren wir bei der Durchführung von Usability Evaluationen sehr eng mit dem Institut für Medizinische Informatik und Biometrie der TU Dresden.

Erschließung, Bewertung und Visualisierung medizinischer Daten

Die elektronische Dokumentation im klinischen Behandlungsprozess bietet enorme Potentiale für eine Wiederverwendung der so generierten Daten (Secondary Use) für die medizinische Forschung und Qualitätssicherung. Wir beschäftigen uns in diesem Kontext mit der datenschutzkonformen Speicherung und Bereitstellung von Daten, deren semantischen Analyse, Annotation und Strukturierung sowie der effizienten Abfrage, Präsentation und Visualisierung hochdimensionaler medizinischer Datensätze. Zur Integration klinischer Daten mit genomischen Daten haben wir z. B. die tranSMART Plattform an der Medizinischen Fakultät für Forschergruppen bereitgestellt und deren Nutzen sowie Usability für die Verwendung zur Kohortenidentifikation und Datenexploration evaluiert. Im Rahmen des MIRACUM Projekts (Medical Informatics in Research and Care in University Medicine) evaluieren und erweitern wir auch die am Memorial Sloan Kettering Cancer Center (New York, USA) entwickelte Plattform cBioPortal, in der klinische und genomische Analyseergebnisse zusammengeführt und gemeinsam visualisiert werden können. Damit soll eine bessere Informationsdarstellung zur Unterstützung der Therapieentscheidung in molekularen Tumorboards ermöglicht werden.

IT-Infrastrukturanwendungen für die medizinische Forschung

Die medizinische Forschung basiert immer mehr auf vernetzten, multizentrischen Strukturen, die

eine leistungsfähige, effiziente und sichere IT-Infrastruktur erfordern. Unter anderem beschäftigt sich der Lehrstuhl mit der IT-Unterstützung für Biobanken und deren weltweiten Vernetzung im Rahmen der German Biobank Alliance und auf internationaler Ebene innerhalb der BBMRI-ERIC Common Service IT Strukturen. Ein weiterer Forschungsschwerpunkt liegt auf der Wiederverwendung von Daten aus der elektronischen Krankenakte für die klinische und translationale Forschung. Der Lehrstuhl ist dabei in verschiedenen Arbeitsgruppen und Projekten der deutschen Technologie- und Methodenplattform für die vernetzte medizinische Forschung engagiert. Im Rahmen des MIRACUM Projekts konzipieren und entwickeln wir im Team ein Ökosystem an (meist) Open Source Tools (MIRACOLIX: ID-Management, Consent-Management, föderierte Authentifizierung, verschiedene Forschungsdatenrepositories, Komponenten zum Forschungsdatenmanagement unter Berücksichtigung der FAIR Principles), welche die Grundkomponenten für Datenintegrationszentren an den beteiligten Universitätskliniken bilden. Im CODEX-Projekt des Netzwerks Universitätsmedizin entwickelt der Lehrstuhl eine graphische Benutzeroberfläche zur Kohortenidentifikation und vernetzt darüber die 35 Standorte der deutschen Universitätsmedizin. Darüber hinaus konzipieren wir ETL-Strecken und Datenrepositories für die lokale Erschließung und Bereitstellung von GECCO-Daten der COVID-19 Patienten.

Klinische Bioinformatik

Ein weiterer Forschungsschwerpunkt umfasst die bioinformatische Analyse und Modellierung von medizinischen Daten. Im Fokus unserer Arbeit stehen hochdimensionale Omics- und Bilddaten (bulk/single-cell transcriptomics, proteomics, metabolomics, interactomics, ATAC-Seq, FACS, CyTOF), die wir mit Hilfe von Methoden der integrativen und komparativen Bioinformatik und des Maschinellen Lernens systematisch analysieren. Ziel ist es, ein umfassendes Verständnis von Molekülen (z.B. nicht-kodierende RNAs, RNA-bindende Proteine) und Signalwegen in der Pathogenese und deren pharmakologische Anwendung zu bekommen. Thematischer Schwerpunkt unserer Arbeit sind insbesondere (Auto)immun-, Fibrose- und Tumor-Erkrankungen. In diesem Zusammenhang haben wir innovative Methoden und integrative Analysetools entwickelt und in verschiedenen Kooperationsprojekten und Forschungsverbänden erfolgreich angewendet. Beispielsweise konnten wir Marker für verschiedene Herz- und Lungenerkrankungen sowie neue Mediatoren in der Fibroblasten-Aktivierung bei Systemischer Sklerose identifizieren, aber auch Mechanismen von Immunzellen in der Pathogenese aufklären. Ein weiterer Aspekt der Arbeit umfasst das Disease Modeling. Hier konnten wir mit Hilfe von Maschinellen Lernverfahren eine Blutbasierte Metabolom-Signatur für die Diagnose von Nebennierentumoren finden. Zudem haben wir Computermodelle für verschiedene Tumorerkrankungen entwickelt, welche die zugrundeliegende Mutationen und beteiligten Signalwege eines Tumors widerspiegeln und beispielsweise für gezielte Therapieentscheidungen im Rahmen von molekularen Tumorboards eingesetzt werden können.

Lehre

Der Lehrstuhl für Medizinische Informatik ist neben der studentischen Ausbildung für die Medizin an den B.Sc./M.Sc. Informatik-Studiengängen (Nebenfach Medizinische Informatik) der Technischen Fakultät sowie dem interdisziplinär konzipierten Masterstudiengang Medical Process Management und den fakultätsübergreifend durchgeführten B.Sc./M.Sc. Medizintechnik-Studiengängen beteiligt. Das am Lehrstuhl etablierte Innovationslabor für Medizinische Informatik und eHealth wird in all diesen Studiengängen als Erlanger Medizin-Informatik Labor (EMIL) auch im Rahmen innovativer Lehrkonzepte in Form eines Skills Lab eingesetzt.

Ausgewählte Publikationen

Gruendner J, Wolf N, Tögel L, Haller F, Prokosch HU, Christoph J. Integrating Genomics and Clinical Data for Statistical Analysis by Using GEnome MINing (GEMINI) and Fast Healthcare Interoperability Resources (FHIR): System Design and Implementation. JMIR 2020; 22:e19879.

Gulden C, Kirchner M, Schüttler C, Hinderer M, Kampf M, Prokosch HUP, Toddenroth D. Extractive summarization of clinical trial descriptions. Int J Med Inform. 2019;129:114-121.

Vey J, Kapsner LA, Fuchs M, Unberath P, Veronesi G, Kunz M. A toolbox for functional analysis and the systematic identification of diagnostic and prognostic gene expression signatures combining meta-analysis and machine learning. Cancers (Basel), 2019 Oct; 11(10). pii: E1606. doi: 10.3390/cancers11101606

Kunz M, Wolf B, Fuchs M, Christoph J, Xiao K, Thum T, Atlan D, Prokosch HU, Dandekar T. A comprehensive method protocol for annotation and integrated functional understanding of lncRNAs. Brief Bioinform., 2020; 21(4):1391-1396. doi: 10.1093/bib/bbz066

Fuchs M, Kreutzer FP, Kapsner LA, Mitzka S, Just A, Perbellini F, Terracciano CM, Xiao K, Geffers R, Bogdan C, Prokosch HU, Fiedler J, Thum T, Kunz M. Integrative Bioinformatic Analyses of Global Transcriptome Data Decipher Novel Molecular Insights into Cardiac Anti-Fibrotic Therapies. Int J Mol Sci., 2020; 21(13):4727. doi: 10.3390/ijms21134727

Internationale Zusammenarbeit

Prof. Dr. E. Ammenwerth, Private Universität für Medizinische Informatik und Technik (UMIT), Innsbruck: Österreich

Prof. Dr. T. Bürkle, Berner Fachhochschule, Biel: Schweiz

Prof. Dr. I. Kohane, National Center for Biomedical Computing, Boston: USA

Prof. Dr. C. Sawyers, Dr. A. Zehir, Memorial Sloan Kettering Cancer Center, New York: USA

Prof. Dr. George Hripcsak, Columbia University, New York: USA