Big Data Analytics in Healthcare-Lesson 8: Computational Phenotyping

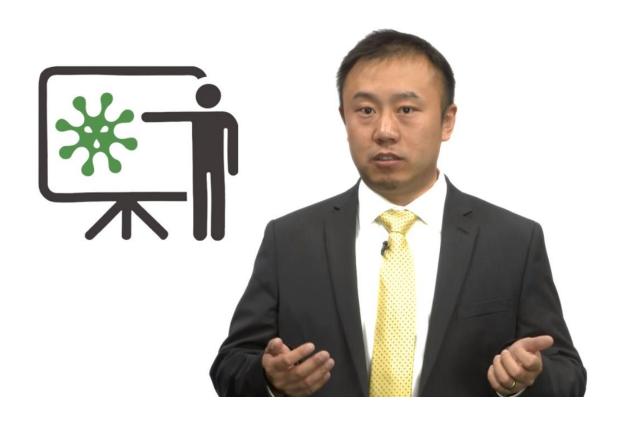
출처: https://www.udacity.com/



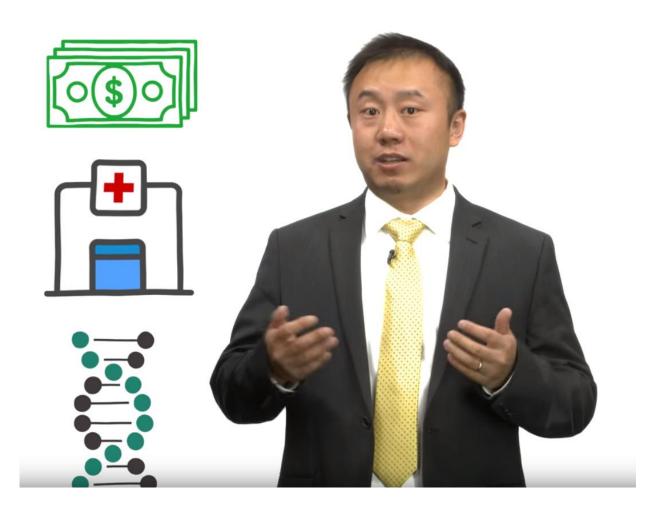
- 클러스터링의 헬스케어 응용에서 사용 했던 Phenotyping에 대해서 논의해보자.



- Phenotyping은 질병 또는 병상과 같은 의학적인 개념.

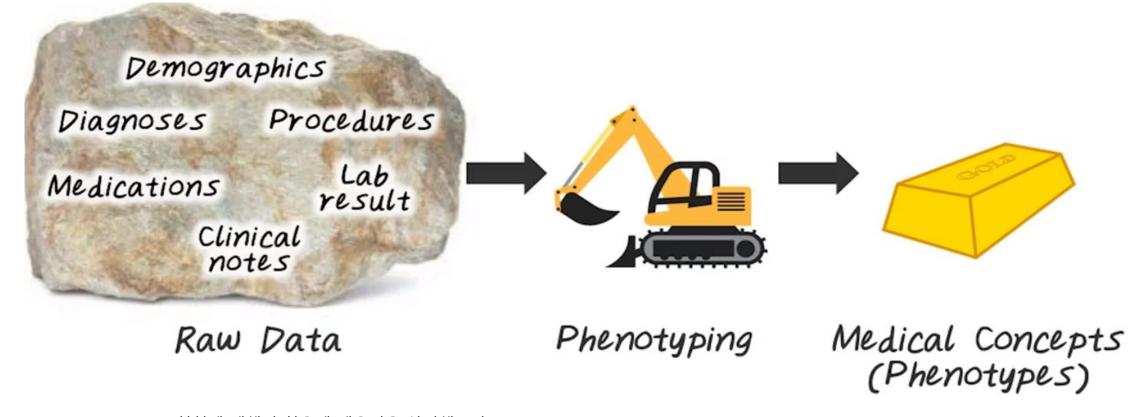


- 대부분의 질병에 대해서 현재의 의료 지식을 기반한 환자의 많은 표현형을 알고 있음.
- 그러나 더 많은 표현형과 세부 표현형이 아직 발현지지 않음.
- Computational Phenotyping은 새로운 표 현형을 발견하기 위한 데이터를 활용하기 위한 방법임.



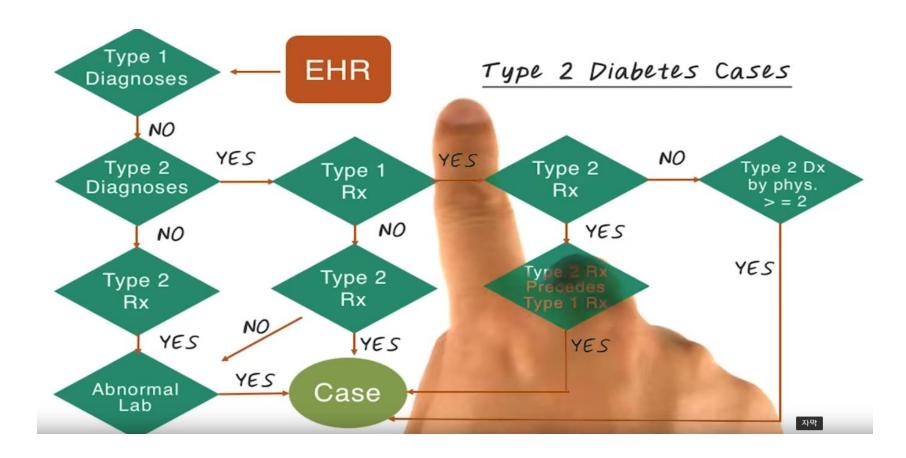
- 표현형은 질병 진단만을 위한 것은 아니고, 의료비 예측, 재입원 위험와 유전체 연구를 지원에도 사용될 수 있 음

2. Computational Phenotyping

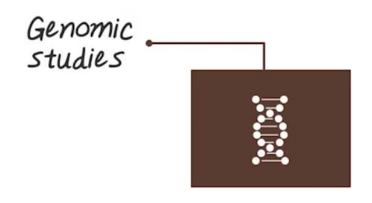


- Computational 표현형에 대해서 처음에 배운것을 상기해보자.
- Phenotyping 알고리즘을 통해서 원천 전자의료레코드에서 변환한 가치있는 의료적인 개념 또는 표현형. 예를 들면, 타임2 당뇨병 같이 여러 다른 소스로부터 원천데이터를 구성.
- 원천데이터로부터 표현형을 잘 설명하지 못하는 이유는
 - 1) data noisy missing data.
 - 2) 데이터들이 주로 비용청구와 같은 병원 운영을 지원하기 위해서 사용 -> 연구목적으로 설계되지 않음.
- 3) 중복정보 진단정보는 diagnosis code로 나타내지고, clinical note에도 같은 정보가 포함됨 Phenotyping은 RawData부터 컴퓨팅 알고리즘을 사용해서 연구 등급 표현형을 도출하는 과정이다.

3. Phenotyping Algorithm



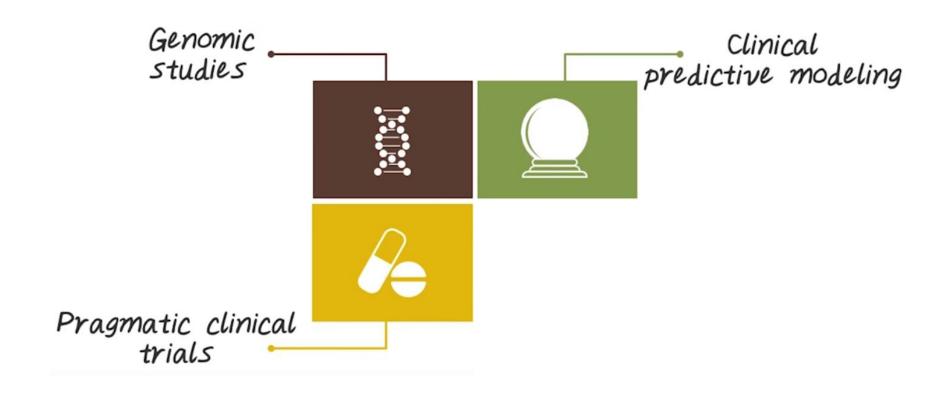
- 이 알고리즘의 목적은 전자의료기록을 기반해서 type2 당뇨병인 환자 여부를 판단.
- 이것은 의료전문가에 의해서 수작업으로 개발됨.
- 알고리즘에 대해서 더 자세히 배워보자.



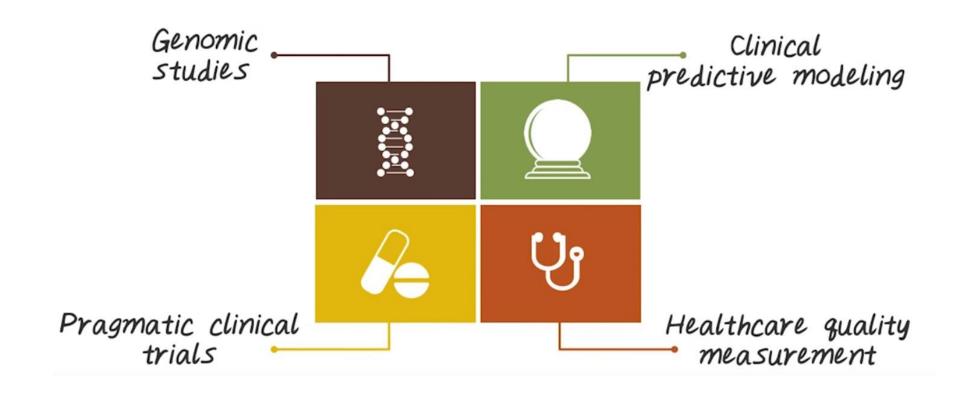
- Phenotyping은 많은 여러 응용에 사용되어짐.첫번째로 유전정보와 표현형 데이터 사이의 관계을 찾는 유전학 연구에 활용됨.



- 의료예측모델링 : 질병발병과 다른 관련있는 목표을 정확하고 건고하고 해석가능한 예측 모형

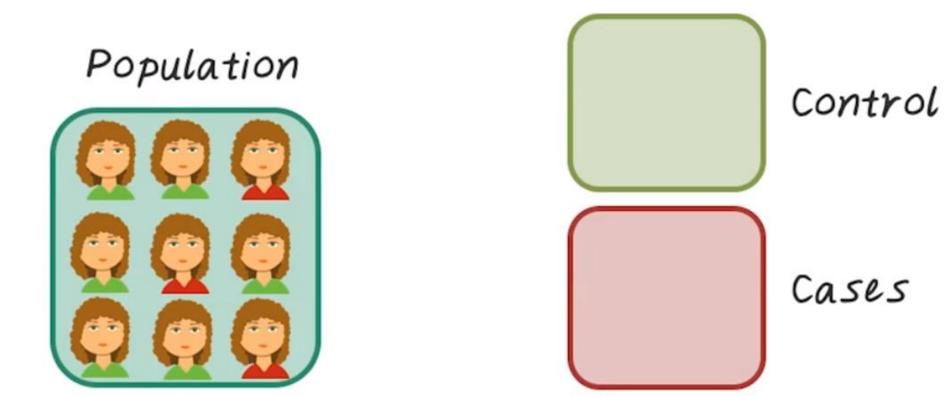


- 실용적인 임상 시험 : 전자의료데이터 같은 관찰데이터 사용해서 실제 의료 환경에서 치료 효과 비교



- 건강 관리 품질 측정 : 서로 다른 병원 사이 치료의 효율성과 품질을 측정

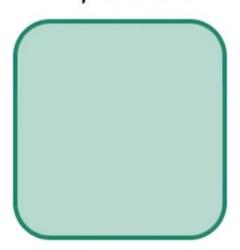
5. Genomic Wide Association Study



- Phenotyping algorithm은 GWAS에서 중요함.
- GWAS는 Single nucleotide polymorphism(SNP)과 같은 유전자 마커와 특별한 질병의 표현형과 연관성을 찾는 연구임.
- 새로운 유전적인 연관성은 식별하고 질병은 진단/치료/예방을 위한 더 좋은 전략을 개 발하는데 활용.

5. Genomic Wide Association Study

Population







Cases

For each Single-nucleotide polymorphism (SNP) Compute frequency on cases and controls Compute odds ratio Calculate the p-value of the odd ratio

- GWAS의 첫번째는 질병 표현 형을 식별
- Control 질병 표현형이 있는 사람을 case, 질병 표현형이 없는 사람 을 control
 - 모든 대상자에게서 DNA샘플 을 채취하고 이 샘플로부터 유 전적인 변이를 조사 => SNP
 - 특정 유전적인 변이가 case 그 룹에서 중요하게 더 자주 발생 함을 찾음.
 - 이런 변이가 질병과 연관되었 다고 함.
 - Case그룹과 Control그룹간의 SNP의 빈도를 계산=> 오즈비
 - 이 오즈비의 p값을 계산해서 작은 것을 유의한 변이로 결론 내림.

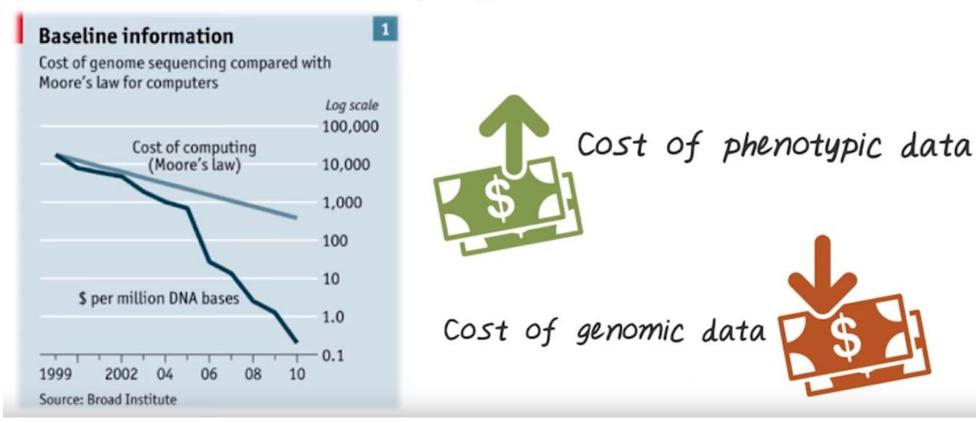
5. Genomic Wide Association Study

	SNP1	SNP2	SNP
Control	Count of G: 2676 of 6000	Count of G: 2532 of 6000	Repeat for
S PPP	Frequency of G: 44.6%	Frequency of G: 42.2%	all SNPs
Cases Cases	Count of G: 2104 of 4000	Count of G: 1648 of 4000	
2	Frequency of G: 52.6%	Frequency of G: 41.2%	
	P-value: 5.0 • 10 ⁻¹⁵	P-value: 0.33	

⁻ GWAS에서는 case와 control이 잘구분되는 매우 품질이 좋은 표현형이 필수임.

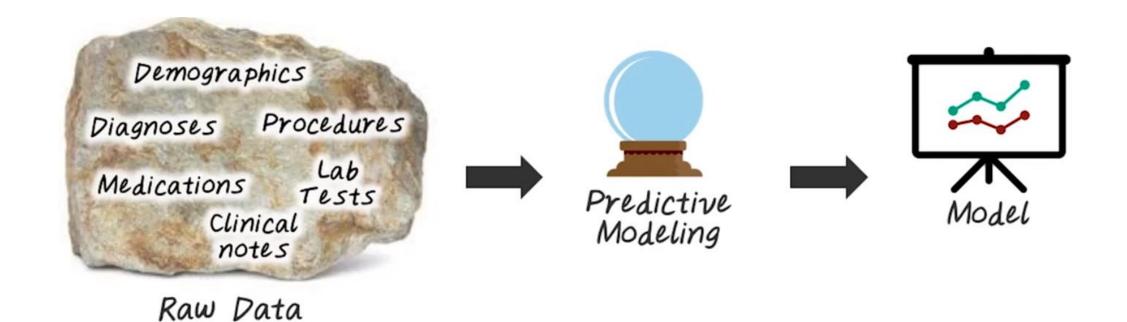
6. Why Do We Care About Phenotyping

We need rich and deep phenotypic data in order to analyze genomic data.



- GWAS 비용이 상대적으로 저렴해져서 유전정보를 활용한 phenotyping이 중요해짐.

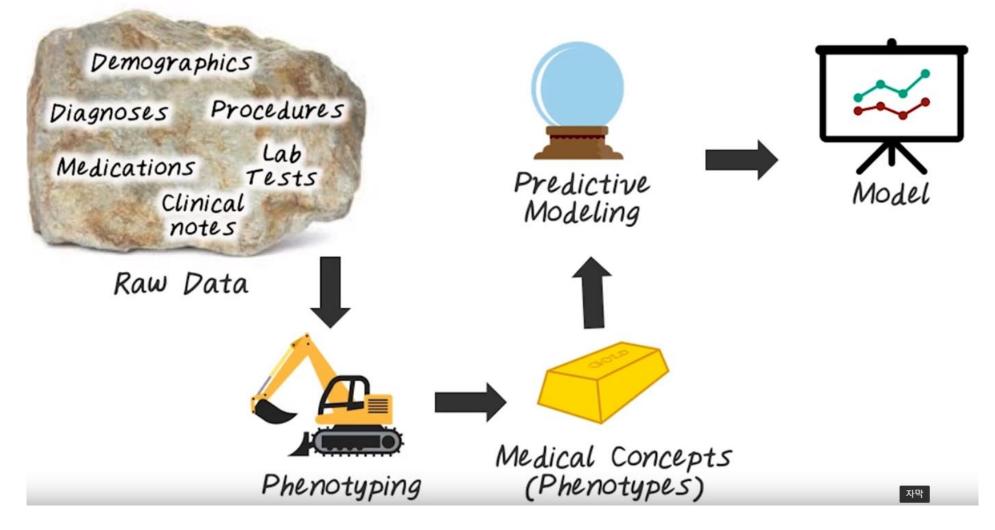
7. Clinical Predictive Modeling



전통적인 의료 예측 모델을 잘 맞지 않음.

- 1) Rawdata 가 좋은 않음. 중복이 많고 복잡
- 2) 각각의 병원별로 구조가 다름.

7. Clinical Predictive Modeling



- EHR에서부터 phenotyping 과정을 거쳐서 중요한 새로운 표현형을 만들고 예측 모형을 만듬.

8. Pragmatic Clinical Trials



- One condition
- One drug
- Must randomize
- Careful selection
- Carefully controlled



PRAGMATIC

- Multiple conditions
- Potentially multiple drugs
- No randomization
- Any patient
- Real-world environment

- 고성능 phenotyping algorithm이 매우 중요.

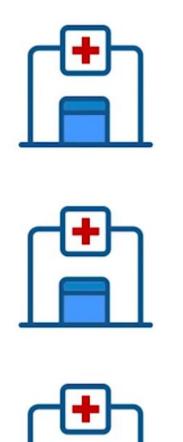






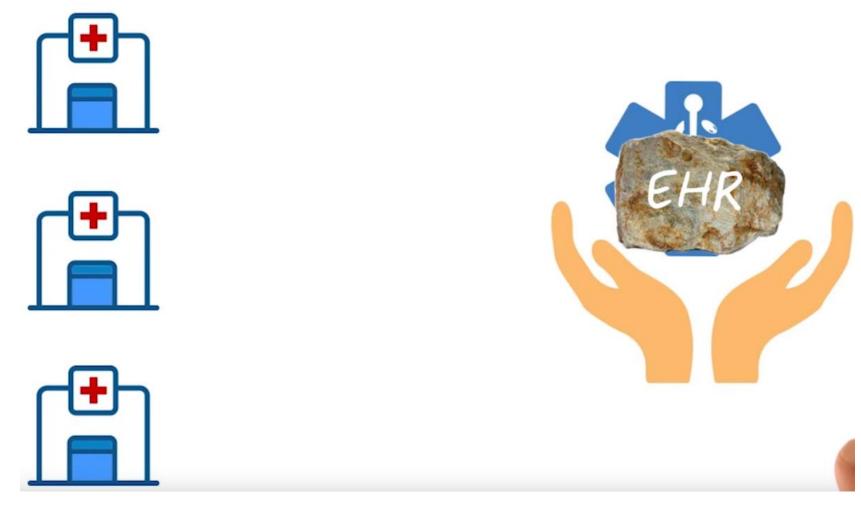


- phenotyping algorithm이 헬스케어 품질 측정에 중요함.모든 병원의 EHR 데이터를 중앙으로 전송하고, 중앙은 보험회사 또는 질병관리본부임.





- 모든 병원의 EHR 데이터를 중앙으로 전송하고, 중앙은 보험회사 또는 질병관리본부임.



- 중앙에서는 모든 진료품질측정을 위해서 모든 원천 데이터를 취합
- 이 과정은 각각의 병원마다 다른 포맷을 사용해서 매우 어려운 과정임.









- 이문제를 다룰 수 있는 확장성 있는 방법으로 phenotyping통해서 원천 EHR데이터을 처리 여기에서 얻은 고품질 phenotypic 정보를 중앙에서 공유









- 여기에서 얻은 고품질 phenotypic 정보를 중앙에서 공유이 정보를 가지고 병원들간의 의료품질 비교가 가능해짐.

10. Phenotyping Methods Part

SUPERVISED LEARNING

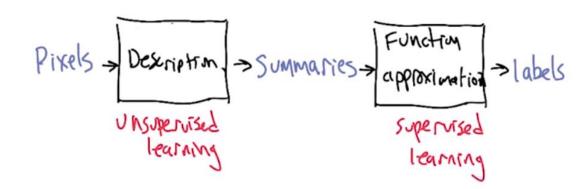
UNSUPERVISED LEARNING

Three minicourses

- Supervised learning unsupervised learning reinforcement learning

$$\frac{input}{output}$$
 | 1 2 3 4 5 6 7 10
 $\frac{input}{output}$ | 1 4 9 16 25 36 49 1.

Supervised learning = Approximation
Unsupervised learning = Description



10. Phenotyping Methods Part

SUPERVISED LEARNING

- · Expert-defined rules
- Classification

UNSUPERVISED LEARNING

- Dimensionality Reduction
- Tensor factorization