



ERSTER AUFRUF ZUR SKIZZENEINREICHUNG

gemäß der

Förderrichtlinie zur Förderung von Projekten im Rahmen der Maßnahme
"Computational Life Sciences"
des Bundesministeriums für Bildung und Forschung
vom 29.11.2017 mit Änderung vom 24.10.2018

1. ALLGEMEINE HINWEISE ZUM FÖRDERPROGRAMM

Die in der Förderrichtlinie getroffenen Regelungen bilden die rechtliche Grundlage für diesen Aufruf. Einzelne Regelungen der Förderrichtlinie werden durch diesen Förderaufruf ergänzt bzw. konkretisiert.

2. THEMATISCHER FOKUS DER AUSWAHLRUNDE

Mit der [Förderrichtlinie „Computational Life Sciences“](#) soll die Entwicklung innovativer rechnergestützter Methoden und Analysewerkzeuge für Biologie und Gesundheitsforschung weiter vorangetrieben werden.

Durch die zunehmende Verfügbarkeit von Hochdurchsatzmethoden steigt die Anzahl der biomedizinischen Daten derzeit rasant. Eine wichtige Methode in der Analyse großer Datenmengen ist „Deep Learning“ mit Hilfe von künstlichen neuronalen Netzen. Auch für die Analyse biomedizinischer Daten besitzt Deep Learning ein großes Potential: Es reduziert die Notwendigkeit, geeignete Merkmale per Hand zu konstruieren und ist in der Lage, komplexe Wechselwirkungen in den Daten zu erfassen. Ein wesentlicher Vorteil gegenüber anderen Methoden besteht dabei in der Flexibilität, mit der die Daten in den verschiedenen Schichten des künstlichen neuronalen Netzes in Beziehung gesetzt werden können. So wird es möglich, ganz unterschiedliche Arten von Eingabedaten in einem Modell zu integrieren. Dadurch lassen sich beispielsweise verschiedene Bildgebungsmodalitäten oder Omics-Ebenen miteinander verbinden.

In der Biomedizin sind für die gleiche Art von Eingangsdaten (z.B. Proben) oftmals Annotationen zu verschiedenen Endpunkten vorhanden. Bei Deep Learning lässt sich dies nutzen, um durch das gleichzeitige Lösen mehrerer Aufgaben die Trainingseffizienz oder die Prädiktionsgüte zu verbessern (Multi-Task Learning). In ähnlicher Weise lassen sich die für eine bestimmte Aufgabe gelernten Parameter oft auch auf eine neue Aufgabenstellung übertragen, so dass für diese weniger Trainingsdaten benötigt werden (Transfer Learning).

Mit Hilfe von Deep Learning konnten bereits wesentliche Fortschritte bei der Analyse von biomedizinischen Daten erzielt werden, so zum Beispiel in der Analyse von Bilddaten oder genomischen Daten. Trotz der Erfolge bestehen aber gerade in der Biomedizin nicht zu vernachlässigende Herausforderungen für den Einsatz von Deep Learning. Die benötigte Menge an gut annotierten Trainingsdaten ist in der Regel größer als für viele andere Verfahren des maschinellen Lernens. Viele biomedizinische Datensätze sind jedoch zu klein, unvollständig, unausgewogen oder unzureichend annotiert. Aufgrund der hohen Heterogenität der Eingangsdaten ist es selbst bei größeren Datensätzen oftmals notwendig, vorhandenes Vorwissen aus der jeweiligen Anwendungsdomäne in die Modelle einzubringen. Die Entwicklung der Modellarchitektur und das Anpassen von Hyperparametern erfordern hingegen viel Erfahrung im Bereich des maschinellen Lernens. Anwender aus der Biomedizin erwarten in der Regel, dass Modelle bzw. Vorhersagen interpretierbar sind und quantitative Aussagen über ihre Zuverlässigkeit gemacht werden können.

Für einen erfolgreichen Einsatz von Deep Learning-Techniken im biomedizinischen Bereich ist es aufgrund dieser Herausforderungen unabdingbar, dass Fachexperten sowohl aus dem Bereich des Maschinellen Lernens als auch aus der Domäne, aus der die Daten stammen, eng zusammenarbeiten. So kann ein gegenseitiges Verständnis für die Anforderungen an die Daten einerseits und die Modelle andererseits entwickelt werden.

Mit diesem Förderaufruf wird der thematische Fokus der Auswahlrunde der Fördermaßnahme „Computational Life Sciences“ für die Einreichung 2019 daher auf das Themengebiet

„Deep Learning in der Biomedizin“

festgelegt. Im Rahmen der Fördermaßnahme sollen durch die Zusammenarbeit von Experten aus dem Bereich des maschinellen Lernens und den Lebenswissenschaften neue, innovative Methoden und Softwarewerkzeuge entwickelt werden, um biomedizinische Forschungsdaten mit Hilfe von Deep Learning effizienter auszuwerten. Die Forschungsvorhaben sollen neue Anwendungsfelder für Deep Learning in der Biomedizin erschließen und die besonderen methodischen Herausforderungen in diesem Bereich angehen.

Beispielhaft, aber nicht ausschließlich, sind hier die Interpretierbarkeit der Modelle (Zuverlässigkeit, Rationale für das Modellverhalten u. v. w.), die Integration bestehenden Wissens in die Modellentwicklung, die Integration verschiedener Datenquellen, das Lernen

auf unausgewogenen oder nicht vollständig annotierten Daten und aktives Lernen zu nennen. Die Innovationshöhe und Originalität des Forschungskonzeptes muss in der Projektskizze klar dargelegt werden. Um die potentiellen Vorhaben erfolgreich innerhalb der Laufzeit der Förderung durchführen zu können, ist es zudem notwendig, dass die Projekte bereits zum Projektstart über ausreichende Mengen an gut annotierten Daten verfügen.

3. FRIST ZUR EINREICHUNG DER PROJEKTSKIZZE

Der Stichtag zur Einreichung der Projektskizzen für diese Auswahlrunde ist der 20. März 2019.

Im Übrigen gelten die in der Förderrichtlinie getroffenen Regelungen. Die Zuwendung dient der Entwicklung innovativer rechnergestützter Methoden und Analysewerkzeuge.

ANSPRECHPARTNER

Ansprechpartner für diese Auswahlrunde sind:

Dr. René Eulenfeld

02461 61-96376

r.eulenfeld@fz-juelich.de

Stefan Bujok

02461 61-96812

s.bujok@fz-juelich.de