

自己回帰モデルに基づく時系列医療データの予後分類

Prognosis Classification Based on Autoregressive Model using Time-series Clinical Data

宮嶋 淳^{*1} 山田 智哉^{*2} 吉野 愛^{*2} 大崎 美穂^{*2} 片桐 滋^{*2}
 Jun MIYAJIMA Tomoya YAMADA Ai YOSHINO Miho OHSAKI Shigeru KATAGIRI

^{*1}同志社大学大学院工学研究科

Graduate School of Engineering, Doshisha University

^{*2}同志社大学理工学部

Faculty of Science and Engineering, Doshisha University

There have been trials to discover useful knowledge in a clinically accumulated dataset on hepatitis, which is a set of multivariate time series of clinical test results. Many of them are based on an approach to describe the phenomena with observed patterns, and consequently it is difficult to explain the mechanism behind the phenomena. We thus adopted an alternative approach to describe the mechanism with time-series models. We applied autoregressive models and k-means classification using power spectrum to the hepatitis dataset, and examined the validity of this approach with the performance to classify the prognosis of patients. As a result, the performance was higher than the chance level but not high enough, which implies that the current models and features should be reconsidered. Our future work will be the application of adaptive and/or multivariate models and the improvement of estimation and expression of power spectrum.

1. はじめに

肝炎のような慢性病では医師が様々な検査値の時間変動を見て治療を行うが、人手による多変量時系列の理解には限界がある。医療情報の増大と根拠に基づく医療の要望に伴い、この問題はより深刻になると考えられる。我々はこの状況を勘案し、長期間蓄積された肝炎の検査治療履歴 [6, 2] (これ以降、肝炎データセットと呼ぶ) を題材として、病状把握や治療に役立つ知識の発見と方法論の確立を本研究の最終目標としている。知識発見には、対象とするシステムの記述、記述と既知知識の対応付け、記述と既知知識の差異に基づく未知知識の発見という段階があるが、本研究では第 1 段階に焦点を当て、従来とは異なるアプローチによる問題解決を試みる。

生体や医療に関する知識発見の研究には次の 2 つのアプローチがある。1 つは、実験室で得た低次元・短期間・良定義の生体信号データに対して、背後にある生成系を記述するアプローチである [9, 1]。もう 1 つは、臨床で得た高次元・長期間・不良定義の時系列医療データに対して、表出した現象を記述するアプローチである [6]。肝炎データセットに関しては、後者のアプローチによる多くの研究がなされ、検査値変動についての有益な知識が得られた [6]。しかし、検査値変動と内的な病状との対応付けは十分とは言い難い。

そこで、本研究では肝炎データセットに生成系記述アプローチを適用し、内的な病状のモデル化を試みる。生成系のモデル化には、システムの内部構造の情報に基づく方法と入出力の情報に基づく方法がある。入力 (治療) と出力 (検査結果) の情報を用いたモデル化により、システムの内部構造 (患者の病状) の情報を知ることを目指すため、後者の方法を採用する。具体的には、短長期的な病状観察に用いられる検査項目に自己回帰モデルを当てはめ、パワースペクトルを特徴量とした k 平均法に基づく予後分類を行う。そして、予後分類の精度を評価基準として、今回のモデル化と予後分類の枠組みが妥当であるかを検討する。

2. 従来の予後分類への取り組み

医療情報の電子的蓄積の歴史はまだ浅く、数年から十数年の長期観察を要する時系列医療データに関しては、現状では利用可能なものが限られている。肝炎データセットは科研費プロジェクトや国際会議 [6, 2] で提供され、様々な研究がなされた貴重なものである。肝炎データセットは、約 800 名・1000 検査項目・20 年間観察という規模の検査結果の時系列 (患者の基本情報、治療の投薬情報、予後の診断結果も含む) から成る。患者ごと、検査項目ごとに時系列の長さや検査間隔が異なる上に、同じ患者・検査項目内でも検査間隔が不均一である。この高次元・長期間・不良定義という性質ゆえに、肝炎データセットからの知識発見においては、前処理・マイニング・後処理の枠組みと手法を有機的、かつ、包括的に考える必要がある。

従来の研究では、医師の診断手続きとの整合性と理解可能性を考慮し、主に、検査結果に現れた現象を記述するアプローチが取られてきた。特徴量には、検査履歴から一定間隔で切り出した部分時系列 [7]、動的時間伸縮や多重スケールマッチングで求めた境界で切り出した部分時系列 [3]、部分時系列のクラスタリングで得られた数値パターン [5]、部分時系列内の全点平均と平均値の記号化で得られた記号パターン [8, 4] が用いられた。学習には、クラスタリングベースの分類 [3]、決定木学習 [5, 7]、グラフ構造学習 [8, 4] が用いられた。そして、典型的・特異的なパターン、時期の間・検査値の間のパターンの関係、パターンの共起や遷移の規則性、ウィルス型・予後・治療奏功性の分類結果といった現象記述が得られた。

記述した現象の妥当性と原因は、医学文献データベースの情報、および、医師による解釈と評価により検証された。このようなドメイン知識との照合は極めて重要であるが、現象記述とドメイン知識の間にはギャップがある。現象記述を有益な知識に昇華させるには、生成系記述が仲介として不可欠であると考えられる。検査結果を作り出した患者の病状、言い換えると、現象の背後にある生成系を確率過程としてモデル化すれば、このギャップを埋められるとともに、モデルそのものが有益な知識となる可能性もある。ゆえに、我々は生成系記述アプローチに基づく本研究を行うに至った。

3. 予後分類の枠組みと手法

3.1 枠組みの設計

枠組みと手法における処理を式表現するために、以下の記号を用いる。患者 $p \in \mathcal{P}$ (\mathcal{P} は全患者の集合)、検査項目 $y \in \mathcal{Y}$ (\mathcal{Y} は全検査項目の集合)、治療項目 $u \in \mathcal{U}$ (\mathcal{U} は全治療項目の集合) とする。患者 p 、検査項目 y の検査履歴時系列 $\mathcal{Y}_p^{raw} = \{y^{raw}(t_n) \mid n = 0, 1, \dots, N^{raw} - 1\}$ 、初回検査日から第 n 回検査日までの日数 t_n 、第 n 回検査日に得た検査値 $y^{raw}(t_n)$ 、検査履歴時系列の全点の数 N^{raw} とする。次段落で述べる理由から、治療履歴時系列 \mathcal{U}_p^{raw} は用いない。オリジナルの肝炎データセットでは、患者数 $|\mathcal{P}| = 771$ 、検査項目数 $|\mathcal{Y}| = 983$ 、検査期間日数 $0 \leq t_{N^{raw}-1} \leq 20 \times 365$ である。

肝炎データセットの中には、入出力情報が得られる治療期間と出力情報のみが得られる経過観察期間が混在している。これらの期間の長さは不均一であり、治療期間は経過観察期間に比べて極端に短い。そこで、まずは慢性的傾向を記述するという方針のもと、入力情報である治療履歴時系列は用いず、治療と経過観察に一貫して得られる出力情報である検査履歴時系列のみを用いる。さらに、検査項目に関しては、経過観察に重要である短期変化項目 (GOT, GPT, TTT, ZTT) と長期変化項目 (T-CHO, CHE, ALB, TP, T-BIL, D-BIL, I-BIL) の計 11 種類、患者に関しては、予後診断に用いられる肝生検を受けた人間的を絞った。その結果、選定した肝炎データセットでは、 $|\mathcal{P}| = 392$ 、 $|\mathcal{Y}| = 11$ となった。

本研究における前処理・マイニング・後処理の枠組みを図 1 に示す。前処理では、患者・検査項目ごとに、3 次スプライン補間により検査履歴時系列を等間隔化する。マイニングでは、補間した検査履歴時系列に自己回帰モデルを適用し、赤池情報量規準 (AIC) により最適次数のモデルを得る。次に、モデルの伝達関数からパワースペクトルを求め、各患者の全検査項目のパワースペクトルを特徴量、肝生検の結果をクラスとして、k 平均法に基づく分類を行う。そして、交差検定により予後分類の精度を調べ、一連の枠組みと手法の妥当性を検討する。今回は、ドメイン知識との照合による医学的解釈にまでは踏み込まないため、可視化等の後処理は行わない。

3.2 補間による等間隔化

実験室で計測される生体信号データは等間隔標準化されており、一部に欠損があるものが多い。一方、患者の容態や生活上の都合に応じて検査を行うため、時系列医療データは不等間隔で全体に欠損がある。従って、時系列モデルの適用に先立ち、生データの性質を損なわない形で補間して等間隔化する必要がある。多項式補間、区分多項式補間、モデルに基づく補間が考え得るが、多項式補間では局所的傾向を損ないやすく、モデルに基づく補間は原理的に困難である。実測点を通ることと周波数特性を損なわないことも考慮し、区分多項式補間の代表的手法である 3 次スプライン補間を用いることにした。式 (1) に、区間 $t_n \leq t \leq t_{n+1}$ の補関数 $f_n(t)$ 、および、係数 α_{ni} を決定する制約条件を示す。

補間前の検査履歴時系列では、月 1 回の通院に対応する約 30 日の検査間隔が最頻であるが、病状悪化時には数日間隔で検査が行われている。病状悪化時の情報を損なわないため、補間間隔は最頻値ではなく最小値の 1 日とした。1 日間隔で補間すると $t_n = n$ となり、補間後の検査履歴時系列は $\mathcal{Y}_p = \{y(n) \mid n = 0, 1, \dots, N - 1\}$ のように表せる。ただし、補間後の n 番目の検査値 $y(n)$ 、検査履歴時系列の全点の数 N である。

$$f_n(t) = \alpha_{n0} + \sum_{i=1}^3 \alpha_{ni}(t - t_n)^i \quad (1)$$

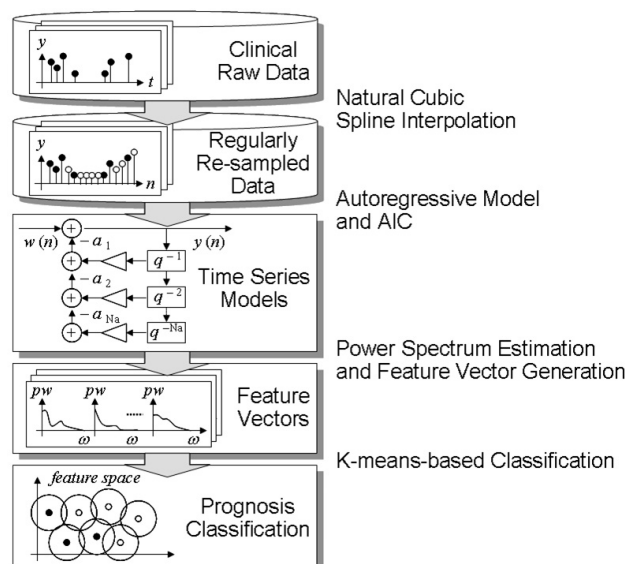


図 1: 前処理・マイニング・後処理の枠組み

$$\begin{aligned} f_n(t_n) &= y(t_n) \\ f'_n(t_{n+1}) &= f'_{n+1}(t_{n+1}), \quad f''_n(t_{n+1}) = f''_{n+1}(t_{n+1}) \\ f''_0(t_0) &= 0, \quad f''_{N-1}(t_{N^{raw}-1}) = 0 \end{aligned}$$

3.3 モデル化とスペクトル推定

システムの入出力、式誤差、出力誤差から成る時系列モデルは式 (2) で表される。ただし、シフト演算子 q の多項式 $A(q) \sim F(q)$ 、時刻 n の入力 $u(n)$ 、出力 $y(n)$ 、平均 0、分散 1 の白色雑音 $w(n)$ とする。 $x(n)$ 、 $y(n)$ 、 $w(n)$ は単変量ではスカラー、多変量ではベクトルである。最も一般的で単純なモデルを適用して有効性を調べた上で、次のステップとして、病状の動特性の変化や検査項目の依存関係を反映したモデルを検討すべきと考えられる。よって、ここでは検査履歴時系列を弱定常と見なし、観察期間全体に 1 つのモデルを当てはめて慢性的傾向の記述を試みる。モデルには、式 (2) に $B(q) = C(q) = D(q) = F(q) = 1$ 、 $u(n) = 0$ を代入して得られる式 (3) の単変量自己回帰モデルを用いる。

モデル適用の手続きは次の通りである。極の推定精度を上げるため、補間後の検査履歴時系列 \mathcal{Y}_p の各点から標本平均 \bar{y} を引き、標準化した検査履歴時系列 $\mathcal{Y}'_p = \{y'(n) = y(n) - \bar{y} \mid n = 0, 1, \dots, N - 1\}$ を得る。 \mathcal{Y}'_p について二乗誤差を最小化する、すなわち、式 (4) を満たす係数の推定量 \hat{a}_i を解析的に導出する。係数推定には自己相関法、共分散法、最大エントロピー法などがあるが、安定なモデルを得やすい自己相関法を用いる。次数については、 $0 \leq N_a \leq \frac{N}{3}$ の範囲で各次数のモデルの AIC を求め、AIC が最小となる \hat{N}_a を採用する。

$$A(q)y(n) = \frac{B(q)}{F(q)}u(n) + \frac{C(q)}{D(q)}w(n) \quad (2)$$

$$y(n) = - \sum_{i=1}^{N_a} a_i y(n-i) + w(n) \quad (3)$$

$$\hat{a}_i = \operatorname{argmin}_{a_i} \sum_{n=0}^{N-1} \left\| y(n) + \sum_{i=1}^{N_a} a_i y(n-i) \right\|^2 \quad (4)$$

$$pw(n) = \frac{1}{\left\| 1 + \sum_{i=1}^{N_a} a_i e^{-2\pi j n} \right\|^2} \quad (5)$$

定常状態にある生成系の代表的な特徴量はスペクトルであり、その推定には、フーリエ変換などのノンパラメトリック手法とモデルに基づくパラメトリック手法がある。前者は一致推定量を直接得られない問題を持ち、後者はスペクトルの大局的特徴を抽出できる利点を持つことから、パラメトリック手法を用いる。一般に、スペクトルのパワー情報の方が位相情報よりも生成系の性質を表す上で重要である。また、肝炎データセットでは検査開始時における病気の進行度合いが不明であるため、正確な位相情報の取得が困難である。よって、推定したスペクトルからパワー情報のみを取り出すことにした。

\mathcal{V}'_p に当てはめたモデル \mathcal{M}_p の Z 変換と $Z = e^{j\omega}$ の代入を経て、式 (5) に示すパワースペクトル密度関数を導出する。この関数に \hat{a}_i , \hat{N}_a を代入し、周波数軸上で等間隔に各点の値を算出してデシベル変換したものを、パワースペクトルの推定結果 $\mathcal{P}\hat{\mathcal{W}}_p = \{\hat{p}w(n) \mid n = 0, 1, \dots, N_{pw} - 1\}$ とする。 n 番目の周波数におけるパワーの推定量 $\hat{p}w(n)$ 、パワースペクトルの全点の数 N_{pw} であり、今回は $N_{pw} = 129$ にする。そして、全 11 検査項目の $\mathcal{P}\hat{\mathcal{W}}_p$ を連結したベクトル $\mathcal{P}\hat{\mathcal{W}}_p^{all}$ を求め、これを患者 p の特徴量とした。

3.4 予後分類

知識発見を目的とする場合、分類手法の選択には精度だけでなく理解可能性も考慮する必要がある。特徴量空間上の決定境界やプロトタイプをドメイン知識と照合して解釈することができなければ、分類精度が高くても、ドメインにとって有益な知識に結びつかないためである。よって、決定境界とプロトタイプの理解可能性が高い k 平均法に基づく分類手法を採用する。 k 平均法に基づく分類は、等方性の同一ガウス分布の混合と EM アルゴリズムの組合せに等価であるため、クラスの分布推定という観点からも望ましいと考えられる。

k 平均法では、式 (6) を満たすように、データをクラスタに割り当てる変数を逐次的に導出し、クラスタを形成する。ただし、訓練データの集合 $\mathcal{D} = \{d_i \mid i = 0, 1, \dots, N_d - 1\}$ 、 i 番目のデータ d_i 、データの数 N_d 、クラスタの集合 $\mathcal{C} = \{c^{(j)} \mid j = 0, 1, \dots, k-1\}$ 、クラスタの数 k 、 j 番目のクラスタのセントロイド $c^{(j)}$ である。割り当て変数 $v_i^{(j)}$ は、 d_i が $c^{(j)}$ に属する場合は 1、属さない場合は 0 という値を取り、 $\sum_{j=0}^{k-1} v_i^{(j)} = 1$ を満たす。本研究では、 d_i として各患者の特徴量ベクトル $\mathcal{P}\hat{\mathcal{W}}_p^{all}$ を用い、 $k = 5$ とする。

$$\hat{v}_i^{(j)} = \operatorname{argmin}_{v_i^{(j)}} \sum_{i=0}^{N_d-1} \sum_{j=0}^{k-1} v_i^{(j)} \|d_i - c^{(j)}\|^2 \quad (6)$$

$$c^{(j)} = \frac{\sum_{i=0}^{N_d-1} v_i^{(j)} d_i}{\sum_{i=0}^{N_d-1} v_i^{(j)}}$$

$$\hat{l} = \operatorname{argmin}_l \min_j \|d - c^{(l,j)}\|^2 \Rightarrow d \in \omega^{(l)} \quad (7)$$

k 平均法に基づく分類では、クラスごとに分割した訓練データに k 平均法を適用し、1 クラスあたり k 個のセントロイドを、そのクラスのプロトタイプと見なす。そして、未知データと全プロトタイプの距離を求め、最近傍のプロトタイプが属するクラスを分類結果とする。式 (7) にクラス分類の規則を示す。ただし、未知データ d 、クラスの集合 $\Omega = \{\omega^{(l)} \mid l = 0, 1, \dots, N_\omega - 1\}$ 、 l 番目のクラス $\omega^{(l)}$ 、クラスの数 N_ω 、 $\omega^{(l)}$ に属する j 番目のプロトタイプ $c^{(l,j)}$ である。肝生検による予後診断が $F0 \sim F4$ の 5 クラスを持つため、 $\omega^{(l)} = Fl$ 、 $N_\omega = 5$ とする。また、 d は任意の患者の特徴量ベクトル $\mathcal{P}\hat{\mathcal{W}}_p^{all}$ とする。

4. 適用実験

4.1 目的と条件

本実験では、生成系記述アプローチに基づく枠組みと手法を肝炎データセットに適用し、予後分類の精度を基準としてその妥当性を検証する。枠組みと手法を設計する上で考慮すべき主要な条件設定 (選定した検査項目、補間間隔日数、モデルの次数など) は、前節で述べた通りである。他の条件設定は以下の通りとした。検査項目は全 11 種類だけでなく、短期変化項目 4 種類、長期変化項目 7 種類、各検査項目の場合も条件に加えた。標本平均を引いた上で自己回帰モデルを当てはめるため、得られるパワースペクトルはバイアス項のパワー情報を含まない。肝炎というドメインでは、検査値が正常値を超えることが大きな意味を持つため、バイアス項が重要な特徴量である可能性が高い。よって、パワースペクトル末尾にバイアス項のパワー情報を追加した特徴量ベクトルも条件に加えた。

k 平均法に基づく分類では、最も一般的なユークリッド距離と特徴量を無単位化するコサイン距離の 2 種類を用いた。音声認識分野では、音声データに特化したパワースペクトル間の距離尺度が提案されている。肝炎の検査治療履歴からの知識発見においても、単純な距離尺度から検討を進めて最終的に肝炎データに特化した距離尺度を見出すことを目指し、今回は上記の 2 種類を試した。 k 平均法の初期値依存性を低減するため、予備実験で異なる初期値の k 平均法を 10 回を行い、これらのセントロイドの平均を本実験の初期値とした。分類精度については、10 回のクローズドテスト、10 分割交差検定を用いた 10 回のオープンテストを行い、正分類率の平均と標準偏差を求めてチャンスレベル 20[%] と比較した。

4.2 結果と考察

検査項目全 11 種類のもと、バイアス項の有無と距離尺度を変えて得られた分類精度を表 1 に示す。全条件において、分類精度はチャンスレベルを約 5[%] 超えている。バイアス項の有無間では精度の大きな差は見られず、距離尺度間ではユークリッド距離の方がやや精度が高い。この傾向のみを見ると、バイアス項は重要な特徴量ではない可能性、ユークリッド距離が有用である可能性が示唆される。バイアス項無し、ユークリッド距離使用のもと、検査項目を変えて得られた分類精度を表 2 に示す。単検査項目に関しては、最高精度と最低精度のものを掲載した。多くの条件において、分類精度はチャンスレベルを約 5 ~ 15[%] 超えている。その中で、短期変化項目、TP では他の条件よりも値がかなり高く、T-BIL ではチャンスレベルを下回る値となっている。この傾向のみを見ると、短期変化項目と TP は重要な検査項目である可能性、T-BIL は重要な検査項目ではない可能性が示唆される。

全体として、予後分類の精度は下限であるチャンスレベルを超えているが、十分高い値とは言えない。このことから、本研究の枠組みと手法はおおむね誤ってはいないが、改善すべき点

表 1: バイアス項の有無間、異なる距離尺度間の分類精度の比較。検査項目は 11 種類。

	クローズド 平均 ± 標準偏差 [%]	オープン 平均 ± 標準偏差 [%]
無・ユークリッド	27.10 ± 7.30	26.60 ± 2.10
無・コサイン	25.00 ± 2.36	24.40 ± 1.54
有・ユークリッド	27.70 ± 6.80	25.20 ± 3.42
有・コサイン	25.00 ± 2.45	24.50 ± 2.45

表 2: 異なる検査項目間の分類精度の比較. バイアス項は含まない. 距離尺度はユークリッド距離.

検査項目	クローズド 平均 ± 標準偏差 [%]	オープン 平均 ± 標準偏差 [%]
全項目	26.70 ± 6.91	27.10 ± 2.29
短期変化項目	36.60 ± 10.33	34.90 ± 3.49
長期変化項目	27.70 ± 12.96	22.10 ± 3.18
単項目 TP	35.90 ± 12.00	26.60 ± 3.61
単項目 T-BIL	13.70 ± 12.80	15.20 ± 3.64

が多いと考えられる. また, バイアス項, ユークリッド距離, 短期変化項目, TP, T-BIL に関する傾向についても, 色々な影響要因があり得るため, 傾向を一般化できるかは慎重に考えるべきである. そこで実験結果に基づき, 補間による等間隔化, モデル化とスペクトル推定, 予後分類の各々について, 問題点と改善方法を検討する.

補間による等間隔化: 補間後の検査履歴時系列を確認したところ, 一部に, 補間した点が外れ値や異常値になっている箇所があった. また, 最小単位の 1 日間隔で補間したため, アップサンプリングと同様の効果が生じ, 元の検査履歴時系列には存在しない高周波帯域が付加されていた. このため肝炎データセットの性質を歪めてしまい, 予後分類の精度低下を招いた恐れがある. 補間点が外れ値や異常値になる問題に対しては, 補間後の検査履歴時系列に外れ値や異常値の閾値処理を施す改善方法が挙げられる. 存在しない高周波帯域が付加される問題に対しては, パワースペクトルの推定に関連するため, 以下で議論する.

モデル化とスペクトル推定: AIC に基づき最適次数のモデルを当てはめる手続きに関しては, 大きな問題はなかったと考えられる. 一方, モデル構造に関しては多くの再考が必要である. 今回は, 患者・検査項目ごとに, 全検査期間に 1 つの単変量自己回帰モデルを適用した. よって, 肝炎データセットの重要な性質である病状の動特性の変化, あるいは, 検査項目の依存関係が反映されておらず, 高い分類精度を得られなかったと言える. 今後, 局所定常自己回帰モデル, 多変量自己回帰モデル, さらに治療という入力も考慮した ARX モデルを段階的に適用すべきである.

本研究では, パワースペクトルを周波数軸上の 129 点で表現し (バイアス項を含む場合は 130 点), これを 11 検査項目分連結した特徴量ベクトルを用いた. 補間で付加された偽の高周波帯域は元の周波数帯域よりも広いため, 結果的に, 特徴量ベクトルの多くの成分が肝炎データセットの性質と無関係な値になった. このことが分類精度に悪影響を及ぼしたと考えられる. 高周波帯域の除去, 極の情報のみの使用という改善を試みる必要がある.

特徴量ベクトルの成分は $130 \times 11 = 1430$ 個と多いため, 相対的にバイアス項の影響が小さくなった可能性がある. 従って, 本実験の結果のみでバイアス項が重要でないとは言えない. 医療では一般に, 検査値が異常値を超えるか否か (バイアス項の大小に相当) が病状悪化の目安である. この点を勘案すると, バイアス項の重要性は今後も検討すべきである. また, 検査項目間でパワースペクトルのレンジが異なる状態のまま, 特徴量ベクトルを作成したことも問題である. モデル化前に, 平均だけでなく分散も用いた正規化を施すべきである.

予後分類: k 平均法に基づく分類を行う手続きに関しては, 大きな問題はなかったと考えられる. 精度向上については, 結

果の理解可能性という利点から考えて分類手法は変更せず, プロトタイプの最適化手続きのみを改善すべきであろう.

5. おわりに

従来, 肝炎の検査治療履歴からの知識発見に関する研究が行われてきたが, 表出した現象を記述するアプローチが多く, 検査値変動と内的な病状との対応付けが十分とは言い難かった. そこで本研究では, 現象の背後にある生成系を記述するアプローチを取り, 内的な病状のモデル化とモデルに基づく予後分類を試みた. まず, 検査履歴時系列に自己回帰モデルを適用し, 生成系の振動特性を表すパワースペクトルを特徴量として求めた. そして, この特徴量を用いて k 平均法に基づく予後分類を行い, 分類精度を基準として, モデル化と予後分類の枠組みと手法が妥当であるかを検証した.

実験の結果, 分類精度はチャンスレベルを超える程度に留まったが, モデルの選択と当てはめ, スペクトル推定, 予後分類の各々について, 改善の指針が得られた. 今回は, モデル化の基本的な考え方, すなわち, 最も一般的で単純なモデルからの適用を実践したが, 今後は, 改善の指針に基づきモデル構造とスペクトル推定手法を再検討する. さらに, 現象記述アプローチにより発見された知識と生成系記述アプローチにより得られたモデルを, 医学的なドメイン知識と照合し, 発見された知識の裏付けが可能かを探りたい.

参考文献

- [1] Anderson, C. W., Stolz, E. A., and Shamsunder, S.: Multivariate Autoregressive Models for Classification of Spontaneous Electroencephalographic Signals During Mental Tasks, IEEE Transaction on Biomedical Engineering, vol.45, no.3, pp.277-286 (1998).
- [2] ECML/PKDD Discovery Challenge 2004, <http://lisp.vse.cz/challenge/ecmlpkdd2004/> (2004).
- [3] Hirano, S. and Tsumoto, S.: Temporal Data Mining in Hospital Information Systems: Analysis of Clinical Courses of Chronic Hepatitis, Intelligent Computing in Medical Sciences and Image Processing, vol.1, no.1, pp.11-19 (2007).
- [4] Ho, T. B. et al: Exploiting Temporal Relations in Mining Hepatitis Data, New Generation Computing, vol.25, pp.247-262 (2007).
- [5] Ohsaki, M. et al.: A Rule Discovery Support System for Sequential Medical Data: In the Case Study of a Chronic Hepatitis Dataset, International Workshop on Active Mining AM-2002, pp.97-102 (2002).
- [6] Tsumoto, S., et al.: Active Mining Project: Overview, International Workshop on Active Mining AM-2003, LNCS vol.3430, pp.1-10 (2003).
- [7] Yamada, Y., et al.: Experimental Evaluation of Time-series Decision Tree, International Workshop on Active Mining AM-2003, pp.190-209 (2003).
- [8] Yoshida, T. et al.: Refining Diagnostic Knowledge Extracted from Interferon Therapy, International Conference on Active Media Technology AMT-2005, pp.69-74 (2005).
- [9] Wada, T., et al.: Multivariate Autoregressive Modeling for Analysis of Biomedical Systems with Feedback, US/Japan Conference on Frontiers of Statistical Modeling, pp.293-317 (1994).