異種混合学習を用いたアルツハイマー病発症予測解析

菊地 正隆*¹, 小林 香織*^{1,2}, 湯本 英二*³, 伏見 泰人*², 武田 理宏*⁴, 真鍋 史朗*⁴, 松村 泰志*⁴, 上條 憲一*², 中谷 明弘*¹

*1大阪大学大学院医学系研究科 ゲノム情報学共同研究講座, *2NEC 医療ソリューション 事業部, *3NEC データサイエンス研究所, *4大阪大学大学院医学系研究科 医療情報学

Prediction of Conversion to Alzheimer's Disease using Heterogeneous Mixture Learning

Masataka Kikuchi*¹, Kaori Kobayashi*^{1,2}, Eiji Yumoto*³, Yasuto Fushimi*², Toshihiro Takeda*⁴, Shiro Manabe*⁴, Yasushi Matsumura*⁴, Kenichi Kamijo*², Akihiro Nakaya*¹

*1 Dept. of Genome Informatics, Osaka University Graduate School of Medicine,
*2 Medical Solutions Division, NEC Corporation,

*3 Data Science Research Laboratories, NEC Corporation,

*4 Dept. of Medical Informatics, Osaka University Graduate School of Medicine

アルツハイマー病(AD: Alzheimer's disease)を含む認知症の前段階は軽度認知障害(MCI: Mild cognitive impairment)として知られているが、必ずしも全員が AD へ移行するわけではない。本研究では脳 fMRI データや髄液バイオマーカーデータといった様々なデータを異種混合学習技術により統合し、健常者と AD 患者を判別する複数の学習器からなる決定木を生成した。生成した決定木に基づき MCI 患者を予測した結果、AD 患者と予測された MCI 患者は 60.1%が 3 年以内に AD へ移行していた。一方、健常者と予測された MCI 患者の AD 移行率は 13.2% だった。以上の結果から複数のデータを統合することにより MCI 患者の AD 移行率を予測した。

キーワードアルツハイマー病、軽度認知障害、発症予測、異種混合学習、決定木

1. はじめに

認知症は現在世界中で約 5,000 万人が罹患し ていると言われ、その数は2030年には1億人を超 えると試算されている[1]. 認知症の中でもアルツ ハイマー病(AD: Alzheimer's Disease)は過半数 を占めており、その克服は喫緊の課題である. 現 在 AD の根本治療薬開発は重大な副作用によりこ とごとく失敗に終わっている. そこで AD 発症の前 段階である軽度認知障害(MCI: Mild cognitive impairment)を伴う患者を効率よく見つけ出し、早 期治療介入する取り組みが進んでいる.しかし、 すべての MCI 患者が必ずしも AD へ進行するとは 限らず、その病態は不均一である. そこでは我々 は異種混合学習技術を用い、fMRI による脳容積 データや髄液バイオマーカーデータといった様々 な客観的なデータを統合することで MCI 患者の AD 移行率を予測した.

2. 方法

1) 異種混合学習技術

我々は様々なデータを統合した学習器を生成 するために異種混合学習技術を用いた[2]. 本手 法は複数の学習器を決定木に基づいて統合する 階層混合エキスパートモデルの一種である. 異種 混合学習では異なる規則性をもつデータ(例えば、 線形な性質と非線形な性質が混在するデータ)を 似た性質を示すグループに分け、それぞれのグ ループの性質に応じた適切な予測モデルを生成 する.

2) 決定木の構成

決定木はエキスパートと呼ばれる末端ノードと、 ゲート関数と呼ばれるそれ以外のノードによる二 分木に基づいて構成される. ゲート関数はある説 明変数の関値に従い入力サンプルを左または右 の枝に振り分ける. エキスパートは学習器であり、 ここでは二項ロジスティック回帰式を用いた. 構 築した決定木に基づき入力サンプルを適切なエ キスパートに分類し判別を行う.

3) 条件設定

決定木の深さは3から6に設定した. パラメータ 推定に用いるEMアルゴリズムは局所最適解に陥る可能性がある. 局所最適解を回避するために, 各深さで初期値が異なる30回の試行を行った. こ の中で accuracy が最も高い決定木とモデルパラ メータを採用した. Accuracy の計算は後述する.

4) データセット

我々は Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative (ADNI)に登録されている健常者 272人, MCI 患者 474 人, AD 患者 152 人に関する fMRI による脳容積データ(海馬, 嗅内皮質, 全脳, 脳 室, 白質高信号域), 髄液バイオマーカー $(A\beta \pm)$ タウ量, リン酸化タウ量, タウ/A β 比率, リン酸化タ ウ/A β 比率)を用いた. 本研究は大阪大学倫理審 査委員会(承認番号: 767-2)の承認を得ている.

5) 精度評価

我々は健常者と AD 患者のデータセットを学習 用データとして用い決定木およびモデルパラメー タを決定した. 次に MCI 患者のデータセットを評 価用データとして用い, 学習用データで決定した 決定木およびモデルパラメータに基づいて健常者 か AD 患者に分類した. AD と予測された MCI 患 者のうち, 3 年以内に AD にコンバートした MCI を true positive, コンバートしなかった MCI を false positive とし、また、健常者と予測された MCI 患者 のうち, 3 年以内に AD にコンバートした MCI を false negative, コンバートしなかった MCI を true negative として分類の判別能を検証した.

結果

1) 各深さにおける平均 accuracy の比較

それぞれの深さにおける平均 accuracy を比較し た結果, 深さ6で0.748と最も高かった(Table.1). Table.1 各深さにおける平均判別能

Sensitvity Specificity Precision 深さ3 0.724 0.750 0.546 0.742 深さ4 0.717 0.754 0.548 0.743

Accuracy 深さ5 0.717 0.752 0.547 0.742 深さ6 0.709 0.764 0.556 0.748

2) MCIのサブタイピング

最も平均 accuracy が高かった深さ 6 に注目し、 この中で最も accuracy が高い決定木を用い、それ ぞれのエキスパートに分類された MCI 患者を判別 した. 用いた木は accuracy が 0.776 で 5 つのゲー ト関数と6つのエキスパートから構成された(Fig.1).

3) ADへの移行率

各エキスパートのADへの移行率を調べた結果, AD に分類された MCI 患者は 60.1% (=98 人/163 人) が3年以内にADへ移行していた一方,健常 者に分類された MCI 患者の AD 移行率は 13.2% (41 人/311 人) だった(ログランク検定 p=1.28× 10⁻¹⁴). エキスパート別の移行率を Fig.2 に示す.

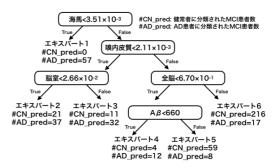


Fig.1 判別に用いた決定木



Fig.2 各エキスパートの AD 移行率

4. 考察

脳萎縮が進んでいるエキスパート1ではすべて のMCI 患者がADと予測された一方で、脳萎縮が 進んでいないエキスパート6やAD原因タンパクで ある Αβタンパクが脳に蓄積せず髄液に露出して いるエキスパート5では健常者と予測されている人 数が多く妥当な判別結果であると考えられる.

5. 結語

様々な指標を異種混合学習技術により統合し解 析を行った結果、AD に分類された MCI 患者は高 い確率でADへ移行した.

参考文献

- [1] World Alzheimer Report 2015: The Global Impact of Dementia. [https://www.alz.co.u k/research/world-report-2015]
- [2] 藤巻 遼平, 森永 聡:ビッグデータ時代の 最先端データ マイニング, NEC 技報, 65, 81-85, 2012.