

## 29-0157

総合診療データを用いたニューラルネットワークによる甲状腺疾患診断支援

○星 憲司<sup>1</sup>, 川上 準子<sup>1</sup>, 佐藤 憲一<sup>1</sup>, 吉田 克己<sup>2</sup>, 齋藤 芳彦<sup>3</sup>

(<sup>1</sup>東北薬大,<sup>2</sup>東北大院薬,<sup>3</sup>東北大学病院)

【目的】一般検査データの中には甲状腺疾患に関係する項目がいくつかあるが、データを見ただけでは甲状腺の専門でない医師がはじめから甲状腺疾患を疑うことは容易でない。そこで、一般検査データをニューラルネットワークで解析して甲状腺疾患が疑わしい患者を示唆することができれば、速やかに甲状腺専門の医師による診療開始が可能になり、患者の QOL 改善が期待できる。そこで、自己組織化地図 (SOM) 型とベイズ型 (Bayes) のニューラルネットワークによる診断支援を試みた。

【方法】17 個の一般検査データが得られている、健常者 48 名と亢進症患者 18 名のデータを入力し、Kohonen のアルゴリズムにより SOM を作成した。東北大学総合診療部を受診した同じ 17 の検査を行った 142 名の受検者をこの SOM に投射した。また、3 層の Bayes に健常者 48 名と亢進症患者 18 名のデータを学習させ、その後、142 名の受検者につき 17 個の一般検査データを入力し、健常者と亢進症患者のどちらに予測されるかを調べた。

【結果および考察】作成した SOM は、健常者群と亢進症患者群の 2 つのエリアに棲み分けられており、ほぼ 9 割の亢進症患者を正しく分類できていた。142 名の受検者をこの SOM に投射した結果、亢進症患者ゾーンに割り当てられた 7 名中、3 名は実際に亢進症患者であることが医師の診断結果との比較により判明した。他の 4 名は亢進症以外の患者であったが、これはニューラルネットワークが亢進症患者と健常者のデータしか知らないため、他の病名の患者で亢進症に特徴的な一般検査データと近いものが割り当てられたものと推察できる。Bayes による亢進症患者予測でもほぼ同じ結果が得られたので、信頼度は高いものと期待できる。