

ポスター

ポスター14

病院情報システム2

2017年11月22日(水) 16:00 ～ 17:00 L会場（ポスター会場2）（12F ホワイエ）

[3-L-5-PP14-1] 電子カルテのクリニカルパスバリエーション可視化

串間 宗夫¹, 本田 祐一², 山崎 友義¹, 荒木 賢二¹, 横田 治夫²（1.宮崎大学医学部附属病院, 2.東京工業大学情報理工学院）

(1) 目的

本研究では、典型シーケンスの共通部分検出を行い、医療指示の変形パターン（バリエーション）を検出しグラフ表現する。さらに文字列による出力結果に比べ視認性の高いWeb アプリケーションによる可視化ツール作成を行う。

(2) 方法

本研究では、宮崎大学医学部附属病院の電子カルテに記録されたクリニカルパスに記載されたカテーテルアブレーションに対する医療指示から頻出シーケンシャルパターンを抽出し、飽和の概念を導入して、出力シーケンスの削減を行ったものに対して、シーケンス同士の共通部分を医療指示が出される日の情報を考慮して検出していくことにより、クリニカルパスバリエーションの検出を行う。

(3) 結果

得られた飽和タイム頻出シーケンシャルパターンのうち、処置日毎の医療指示数が同じもの同士の共通部分検出を行った。その結果、閾値0.4の条件では、のべ対象患者数21、患者一人に対する医療指示の最大数 38、患者一人に対する医療指示の最大数121、平均入院期間 6.66、クリニカルパス数 12636、最大クリニカルパス長 12、最小クリニカルパス長 3、平均クリニカルパス長 7.48という典型クリニカルパスから、クリニカルパスバリエーション 343(個)を検出することが出来た。結果の可視化として、色字部分のそれぞれのバリエーションとなっており、同一のタイムアイテムブロックに属していて医療大別が異なる、もしくは医療大別と薬効が同じであるが注射されている薬剤名が異なっていること等が確認出来た。

(4) まとめ

提案手法を用いた実験の結果、カテーテルアブレーションにおいての典型クリニカルパス同士の対応関係が把握出来るようになった。さらに文字列による出力結果に比べ視認性の高いWeb アプリケーションによる可視化ツールの作成を行った。これにより、全体の流れの把握、及び医療指示の補足情報を表示することでの医療指示単位の情報の目視による把握が容易となり、従来の文字列による出力よりも理解しやすく、扱いやすい形式となった。

串間 宗夫^{*1}、本田 祐一^{*2}、山崎 友義^{*1}、荒木 賢二^{*1}、
横田 治夫^{*2}

まうものにと大きく分類される。

一般的に、バリエントには次の 4 種類がある。

- (1) 時間スケジュールからの逸脱(入院延長や日々の日程の遅れあるいは早まり)、
- (2) 臨床の目標からの逸脱(合併症など)、
- (3) コストからの逸脱(予算オーバー、コストオーバー)、
- (4) 患者満足からの逸脱(患者不満や離反)。

また、バリエントの要因には患者の身体的な要因、医療従事者要因、病院システム要因、社会的要因などがある。実際のところ、これらバリエントには大きなものでは手術合併症による入院延長のようなものから、患者の都合によるものまで種々さまざまであり、クリニカルパスに影響を与える要因、つまりバリエントを分析し、対策をほどこすことが重要である。

バリエント分析の方法としては、ゲートウェイ・バリエント方式(手術・転科など中間目標に対するバリエントを分析する)と、オールバリエント方式(全ての診療項目に対するバリエントを分析する)があり、バリエント内容を体系化・コード化し、標準的な体系にする必要がある。

クリニカルパスの目的は、治療の標準化により一定の良質の医療を提供するとともに、治療期間の短縮と経費の節約をすることであり、一つの疾患に対して治療や看護の手順を標準化し、診療の効率化を図るものである。患者、医師、コメディカルが治療の工程を共通に理解できるよう検査、手術、術後安静度、後療法、退院指導などがスケジュールにまとめられている。

5. 先行研究

牧原らの研究[3]では、電子カルテの履歴から、ある患者に対して行った医療指示をアイテム、医療指示の履歴をシーケンス、全ての患者の医療指示の流れをデータベースと捉えることで、アプリアリアルゴリズム[4]を元にしたシーケンシャルパターンマイニング(以下、SPM)を適用し、頻出なクリニカルパスの抽出を行った。

牧原らは、手術といった重要な医療指示を基準として、その前後の部分シーケンスでそれぞれにマイニングを行った。これにより、基準の医療指示の前後で行うべき医療指示を抽出出来ることを示した。しかし、この手法には基準となる医療指示後の部分でのマイニング結果の出力数が膨大になってしまうことと、医療指示間の時間間隔が考慮されていないという二つの問題点があった。

佐々木ら[5]は、これら二つの問題点の解決のために、飽和オーダー列と呼ばれる概念[6]の導入で出力の情報量を損なわずに出力数を削減し、タイムインターバル SPM[7]を PrefixSpan[8]に用いることによって、二つのアイテム間の時間間隔が考慮された抽出を行った。

しかし、TI-SPM はタイムインターバルを人為的に定めるために、定めた時間間隔によって結果が異なってしまうという問題点があり、最適な時間間隔を定めなければならなかった。また、これらの研究では注射のように薬剤情報を含むような医療指示において、どの薬剤を投与するのかの情報が含まれない、という問題もあった。

浦垣ら[9,10]は、これらの問題の解決のために、アイテムを(大別 Type、詳しい説明 Explain、薬効コード Code、薬剤名 Name)の四つ組によって構成することで、薬剤情報を取り入れた抽出を行った。また、薬剤の効果を表す薬効コードに基づくマイニングを行うことで、薬剤名でのマイニングでは得られなかった結果を抽出可能であると示した。さらに、時間間隔の設定の問題に対しては、予め TI セットを決めるのではなく、

統計処理によって定めることで問題解決を図った。

保坂ら[11]は、三つのスコアリング手法を導入し、そのスコアの結果によって最適な TI セットを決定することで、最適な TI セットを事前に決定し、頻出なクリニカルパスの抽出を行った。

しかし、これらの先行研究の共通な問題点としてはクリニカルパスバリエントに対しての処理がなされていない点が挙げられる。クリニカルパスの変形パターンであるバリエントの検出により、従来の典型的なクリニカルパスの改善へ支援ができる可能性がある。

さらに、先行研究の出力はどれも頻出なシーケンスの文字列であるために、クリニカルパスバリエントを含む場合の視認性が悪く、バリエント検出をするためには、複数の抽出したシーケンス同士の差異を目視による確認が必要で分析には時間を要することが挙げられる。

6. 背景知識

6.1 シーケンシャルパターンマイニング

シーケンシャルパターンマイニング[7]とは、Agrawal らによって提案されたシーケンスデータベースから頻出シーケンスを抽出する手法である。シーケンスデータベースはシーケンスとその識別子の組の集合である。シーケンスはアイテムの列、もしくはアイテムと時間の組の列からなる。

シーケンシャルパターンマイニングの目的は、データベースにある割合以上含まれているすべてのシーケンシャルパターンを頻出パターンとして抽出することである。

本研究の背景知識としてシーケンシャルパターンマイニングについて説明し、本研究で用いる用語を定義する。

定義 頻出シーケンスパターン

最小支持度 $MinSup(0 \leq MinSup \leq 1)$ 、SDB である D が与えられ、 $A = \langle a_1, a_2, \dots, a_n \rangle$ (ただし、 a_i はアイテム。 $i = 1, 2, \dots, n$) において、以下が成り立つとき、シーケンス A を D の最小支持度 $MinSup$ における頻出シーケンスパターンという。

(1) 頻出シーケンスパターンの包含関係

$A \subseteq \{Seq(sid, Seq) \in D, sid \text{ は } Seq \text{ の識別子}\}$ が成り立つ。

(2) $\forall i$ について、 $Sup(a_i) \leq Size(D) \times MinSup$

ただし、頻出シーケンスパターンの包含関係は以下で定義され、 $Sup(a_i)$ はアイテム a_i の D におけるサポート値、 $Size(D)$ は D 中に存在するシーケンス数とする。

定義 頻出シーケンスパターンの包含関係

頻出シーケンスパターン A に対して $A \subseteq B$ となるシーケンス B がシーケンス集合 Σ 中に存在するとき、 $A \subseteq \Sigma$ と定義する。

$A \subseteq B$ が成り立つとき、 A は B のサブシーケンスであるといい、以下で定義される。

定義 サブシーケンス

2 つのシーケンス $A = \langle a_1, a_2, \dots, a_n \rangle$ (ただし、 a_i はアイテム。 $i = 1, 2, \dots, n$)、 $B = \langle b_1, b_2, \dots, b_m \rangle$ (ただし、 b_i はアイテム。 $i = 1, 2, \dots, m$) に対して、以下が成り立つとき、 A を B のサブシーケンスといい、 $A \subseteq B$ と表す。

(1) $a_1 = b_{j_1}, a_2 = b_{j_2}, \dots, a_n = b_{j_t}$

(2) $n \leq t \leq m$

(3) $1 \leq j_1 < j_2 < \dots < j_t \leq m$

頻出シーケンスパターンは SDB 中に存在するあるシーケンスのサブシーケンスである。

ここで、頻出シーケンスパターンの包含関係と密接な関係にある飽和頻出シーケンスパターン[8]と呼ばれる概念につ

いて説明する。

定義 飽和頻出シーケンスパターン

SDB である D から抽出した頻出シーケンスパターン集合 Σ に属する A に対して、以下の条件を満たす $B \in \Sigma \setminus A$ が存在しないとき、 A を飽和頻出シーケンスパターンであるという。

(1) $A \subseteq B$

(2) $Sup(A) \leq Sup(B)$

ここで頻出シーケンスパターンのサポート値 $Sup(A)$ を $Sup(A) \equiv |\{s | s \subseteq Seq, Seq \in D\}|$ と定義する。

飽和でない頻出シーケンスパターンを削除することによって、冗長な表現を含まないパターンのみで解析を行うことが可能となる。

6.2 T-PrefixSpan

本研究では PrefixSpan [7] を元に T-PrefixSpan を導入した。T-PrefixSpan のアルゴリズムは以下の Algorithm 1 の通りである。

ただし、タイム SDB D のオリジナル SDB を $Original(D)$ 、タイムシーケンス S のオリジナルシーケンスを $Original(S)$ と表し、シーケンス A とシーケンス B の接続を AB と表記する。また集合 X の n 番目の要素を X_n 、シーケンス S の n 番目の要素を S_n 、タイムシーケンス A の n 番目のタイムアイテムにおける時刻を $T(A_n)$ とする。

Algorithm 1 T-PrefixSpan

Input : タイム SDB D , 最小支持度 $MinSup$

Output : タイム頻出シーケンスパターンの集合 P

Call : T-PrefixSpan(α, D)

Procedure : T-PrefixSpan($\alpha, D|_\alpha$)

```
1:  $D|_\alpha = Original(D|_\alpha)$ 
2: if  $\alpha \neq null$  then
3:    $P \leftarrow GetProperTime(\alpha, D|_\alpha, D|_\alpha)$ 
4: end if
5:  $B \leftarrow \{\beta | (\beta \subseteq D|_\alpha, \beta \in s) \wedge (Sup(\beta) \geq Size(D) \times MinSup)\}$ 
6: for  $\beta \in B$  do
7:    $D|_{\alpha\beta} \leftarrow \{ \langle sid, s \rangle \in D|_\alpha | \alpha\beta \subseteq Original(s) \}$ 
8:   Call T-PrefixSpan( $\alpha\beta, D|_{\alpha\beta}$ )
9: end for
```

Subroutine : GetProperTime($\alpha, D|_\alpha, D|_\alpha$)

```
1: if  $length(\alpha) = 1$  then
2:   return  $\alpha$ 
3: end if
4:  $K \leftarrow \{k | \langle sid, s \rangle \in D|_\alpha, Original(s) \in D|_\alpha, k \subseteq s, Original(k) = \alpha\}$ 
5:  $T = \{\{\}, \{\}, \dots, \{\}\} (|T| = length(\alpha) - 1)$ 
6: for  $k \in K$  do
7:   for  $i = 0, \dots, length(k) - 1$  do
8:      $T_i \leftarrow T(k_{i+1}) - T(k_i)$ 
9:   end for
10: end for
11:  $W = \langle \alpha_0, \alpha_1, \dots, \alpha_{length(\alpha)-1} \rangle$ 
12: for  $i = 0, \dots, length(\alpha) - 2$  do
13:    $m_i = \min T_i, M_i = \max T_i$ 
14:    $W = \langle \alpha_0, \dots, \alpha_i, (m_i, M_i), \alpha_{i+1}, \dots, \alpha_{length(\alpha)-1} \rangle$ 
15: end for
```

16: return W

医療行為データにおける(大別 Type、詳しい説明 Explain、薬効コード Code、薬剤名 Name)の 4 つ組をアイテムと見なし、これに医療行為を行った時刻 t を与えることでタイムアイテムとした。

その後、ある患者に対して入院から退院まで行ったタイムアイテムを要素としたタイムシーケンスを構成する。

タイムシーケンスにおいて同時刻に発生したタイムアイテムは、アイテムが同一であればシーケンスからの削除を行い、その後 Type、Explain、Code、Name の順に辞書順にソートを行う。

このように構成したタイムシーケンスからタイム SDB を構成した。入院退院期間が異なれば、同じ患者であったとしても別タイムシーケンスとした。このように構成したタイム SDB に T-PrefixSpan を適用することで、薬剤を投与する正確な期間を求めることができる。

7. 提案手法

本研究には、クリニカルパスバリエーションの検出手法とデータの可視化のためにエピソードの表現方法を参考にしたクリニカルパスバリエーションの表現手法について説明する。

7.1 時間情報を含むシーケンシャルパターンの共通部分検出

本研究では、マイニングにおいてアイテムを(大別 Type、詳しい説明 Explain、薬効コード Code、薬剤名 Name)の四つ組によって構成する。薬剤情報を含まない医療指示においては Code、Name は「null」となる。

例えば、薬剤情報を含む「注射」の「静脈内注射」において、薬効コードが「331」の薬剤「ラクテック注」を投与した際は、(注射、静脈内注射、331、ラクテック注)となり、薬剤情報を含まない「看護タスク」の「全身清拭」は(看護タスク、全身清拭、null、null)となる。ここで、薬効コードが「331」の場合の薬効は「血液代用剤」である。

Type が「処方」もしくは「注射」を含まない医療指示で扱っている薬剤は医学的には有用ではないとして、Code、Name は「null」とする。

7.2 クリニカルパスバリエーションの検出

クリニカルパスバリエーションとは、複数のクリニカルパスを比較した際に現れる、同一時刻における別医療指示のことを指す。クリニカルパスバリエーションを分析することによって、従来医療指示の改善支援を行うことが出来る。

図 3(a), (b)にバリエーション可視化例概略図を示す。

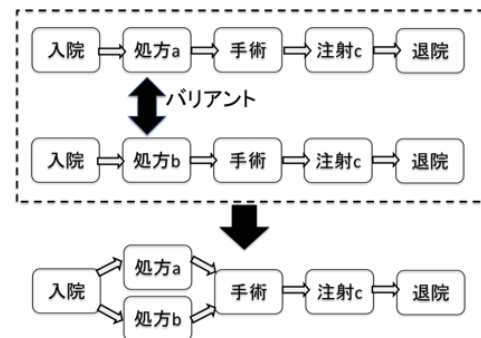


図 3(a) バリエーション可視化例

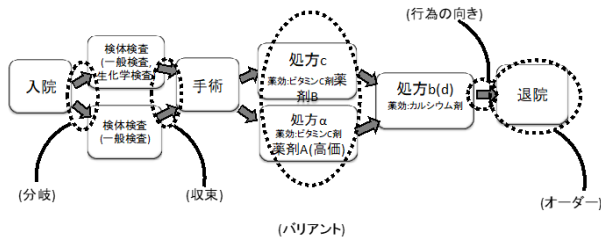


図 3 (b) バリエーション可視化例

7.3 バリエーションパターンの記述

本研究ではエピソードの表現方法を参考にした入れ子構造によって、バリエーションパターンを表現することにする。

例えば、a, b, c, d, e, f, g がタイムアイテムとしたとき、バリエーションパターン $e = [[a], [b], [c], [d, e], [f], [g]]$ は図 4 のようなグラフになる。

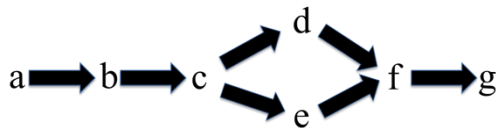


図 4 バリエーションパターン例

7.4 文字列による表現の問題点と可視化の意義

先行研究では、結果である頻出シーケンシャルパターンを文字列によって表現していた。しかしこの出力形式は頻出シーケンシャルパターンよりもさらに複雑な構造を含むバリエーションパターンを表現する場合には、視認性が低く得られた結果に対して直感的な理解が難しいという欠点がある。そのため、データ利用者の能力によって得られる情報量が異なってしまうという問題がある。

データを可視化することでバリエーションを含む情報の読み取りを正しく円滑に行えるようになり、分析の支援となる。また結果を利用するのは主に医療従事者のため、それに合った形式が求められる。

7.5 可視化アルゴリズム

図 4 のような表示を行うためには、バリエーションパターンのノード集合とエッジ集合を得る必要があり、そのアルゴリズムは以下の **Algorithm 2** の通りである。

Algorithm 2 バリエーションパターンのノード、エッジ集合の導出

Input : バリエーションパターン e

Output : e のノード集合 V , エッジ集合 E

```

1:  $k = 1$ 
2:  $count = 1$ 
3: for  $k < length(e)$  do
4:    $start_{B_k} = count$ 
5:   for  $\{i \mid i \in B_k\}$  do
6:      $i_{count} = i$ 
7:      $V \leftarrow i_{count}$ 
8:   for  $k \geq 2$  かつ  $start_{B_{k-1}} \leq j \leq end_{B_{k-1}}$  do
9:      $E \leftarrow (i_j, i_{count})$ 
10:  end for
11:   $count = count + 1$ 

```

```

12: end for
13:   $end_{B_k} = count - 1$ 
14:   $k = k + 1$ 
15: end for

```

8. 実験

本章では、宮崎大学医学部附属病院から提供される電子カルテデータに対して、提案手法を適用してどのような結果が得られるのかを示す。

8.1 実験目的

実際の症例に対する医療指示から抽出した頻出シーケンシャルパターンから、正しくクリニカルパスバリエーションが検出されているのかを示す。更に、クリニカルパスバリエーションを可視化ツールにより正しく表現されているのかを確認する。

8.2 実験内容

事前実験により求めた最小支持度を用いて、薬剤名称を用いてのマイニングを行い、その結果に対してタイムシーケンシャルパターンの共通部分検出を行う。さらに、実験結果をバリエーションの表現を考慮した形式での可視化も行う。マイニングにおいては **T-PrefixSpan** を用いてタイム頻出シーケンシャルパターンを求め、その後に飽和タイム頻出シーケンシャルパターンのみを求めて、それを共通部分検出の入力とする。

実験では、マイニングによって得られたタイム頻出シーケンシャルパターンから、バリエーションパターンを構成出来ていることを示す。

実験による実行環境は以下の通りである。

(1)CPU: 2 GHz Intel Core i7
 (2)Memory: 16 GB
 (3)OS: OS X Sierra ver.10.16.6 64bit
 (4)Java.ver: Java 1.8.0 111

8.3 実験対象のデータ

本研究では、宮崎大学医学部附属病院の電子カルテシステムに 1991 年 11 月 19 日から 2015 年 10 月 4 日までに記録された、実際に使われているクリニカルパスを元に行った医療指示データを対象とする。この医療指示データは宮崎大学医学部附属病院で使用されている電子カルテシステム **WATATUMI**[12] によって取得されており、個人情報保護の観点より患者を一意に特定できるような情報を含まない。

ある患者に対して行った医療指示を抽出する際には、連結不可能な匿名化患者 ID を用いている。

まず初めに、電子カルテシステムに記載されているカテテルアブレーションに対する医療指示から、頻出シーケンシャルパターンを抽出し、飽和の概念を導入して、出力シーケンスの削減を行ったものに対して、シーケンス同士の共通部分を医療指示が出される日の情報を考慮して検出していくことにより、クリニカルパスバリエーションの検出を行う。

電子カルテシステムに記録されたカテテルアブレーションという医療指示を含む医療指示データを対象のデータセットとしてシーケンシャルパターンの共通部分検出を行う。

8.4 クリニカルパスバリエーションの検出

対象データセットのアブレーションに関する医療指示数の

詳細情報は、以下の通りである。

(1)のべ対象患者数 21

(アブレーションの処置を行った実際の患者数)

(2)患者一人に対する医療指示(オーダー数)の最大数 121

(対象患者の医療指示の最大数)

(3)患者一人に対する医療指示(オーダー数)の最小数 38

(対象患者の医療指示の最小数)

(4)患者一人に対する医療指示の平均数 70.10

今回の実験では入院期間が 7 日間であるもののみを用いて実験を行い、抽出する頻出クリニカルパスの中で飽和なパターンのみ(部分集合は省く)とした薬名分類を行った。

これにより得られた頻出クリニカルパスの情報を以下に示す。

(5)最小支持度 0.4

(21×0.4 の値 8.4 人以上のパスに共通して出てくる頻出パスを SPM で抽出する)

(6)入院期間 7 日間

(データを絞るため)

(7)クリニカルパス数 12636

(SPM から得られた頻出パスの数)

(8)最大クリニカルパス長 12

(SPM から得られたパスの最大オーダー数)

(9)平均クリニカルパス長 7.48

この頻出クリニカルパスに対して、共通部分検出によるクリニカルパスバリエーションの作成を行う。

8.5 可視化実験

図 5 の得られたクリニカルパスバリエーションの一部を可視化ツールによって表現したものが図 6(1)である。同じように、実験により得られたクリニカルパスバリエーションの一部を可視化ツールによって表現したものが、図 6(2,3,4,5) である。

ツールの作成に関しては D3.js[14] を用いており、全体図と医療指示詳細の両方を確認可能であり、Web アプリケーションとして開発している。D3.js とは、javascript からデータを基に SVG を描画するライブラリである。

D3 は WEB 標準に重点を置いており、強力な視覚化コンポーネントとデータドリブン (データ駆動型)DOM 操作手法の組み合わせにより、特定のフレームワークに縛られることなく、モダンブラウザの性能をフルに引き出すことができる特徴を有している。

各医療指示をグラフのノードとし、シーケンスに従ってノードを矢印で表現することで可視化を実現し、バリエーションを含んだ、全体の医療指示順の把握が可能である。

手術などの大別と処置日の情報は全体を把握する上で必要なので常に表示し、各医療指示の細かな分析のために、詳細情報を(注射であれば注射する薬剤名)マウス操作で表示可能である。

まとめると以下ようになる。

- ・丸ノード：各医療指示(大別毎に色分)
- ・四角ノード：医療指示の詳細情報(表示/非表示切替可)
- ・矢印：医療指示の順序関係
- ・バリエーション：縦に並んでいる医療指示

医療指示の(大別 type) は全体の流れを把握する上で必要な情報となるため、大別毎にノードに色の設定と色分けを行い、視認性を高め、各医療指示の細かな分析のために必要と思われる補足情報として、ノード上部の四角の枠内に(詳

しい説明 Explain , 薬剤名 Name) が記載されている。この部分はクリック等のマウス操作により表示と非表示の切り替えが可能である。

各医療指示の詳細情報の把握が可能であり、医療指示同士の細かな違いを把握することから、ノードと矢印を追っていくことでの全体の流れの把握、及び医療指示の補足情報を表示することでの医療指示単位の情報の把握が可能であり、対応する医療指示同士の比較が容易なことや、その可視化図の差異から新たな医学的知見が得られる可能性がある。

図 6(1)においては、内服薬剤、ラボナ錠と静脈内注射の違いや、更に、薬の与え方の相違、成分や目的の意味について熟考が必要であり、図 6(2,3,4,5)も同様に、各可視化図の場合によって熟考が必要である。

これによって可視化された出力結果図を熟考することで、新たな医療指示の組み合わせの発見が可能である。

従来の文字列による出力よりも理解がしやすく扱いやすい形式となった。表 1 に、D3.js 可視化グラフと医療行為関係表を示す。

表 1 D3.js 可視化グラフと医療行為関係表

D3.js 可視化グラフ	医療行為
グラフ全体	バリエーションを含むクリニカルパス
ノード	オーダー
エッジ	行為の向き
グラフの分岐から収束の流れ	バリエーション

```
[{"order_type": "生理検査", "order_explain": "心電図-心電図検査", "order_name": "", "code": "", "day": "-2"}, {"order_type": "生理検査", "order_explain": "心エコー-経胸壁", "order_name": "", "code": "", "day": "-2"}, {"order_type": "心臓カテーテル検査", "order_explain": "成人", "order_name": "", "code": "", "day": "0"}, {"order_type": "注射", "order_explain": "静脈内注射", "order_name": "", "code": "", "day": "0"}, {"order_type": "処方", "order_explain": "内服薬剤", "order_name": "ラボナ錠", "code": "112", "day": "0"}, {"order_type": "処方", "order_explain": "内服薬剤", "order_name": "ラボナ錠", "code": "112", "day": "1"}, {"order_type": "処方", "order_explain": "内服薬剤", "order_name": "バイアスピリン錠", "code": "339", "day": "1"}, {"order_type": "処方", "order_explain": "内服薬剤", "order_name": "バイアスピリン錠", "code": "339", "day": "2"}]
```

図 5 バリエーションパターン例 (一部抜粋)

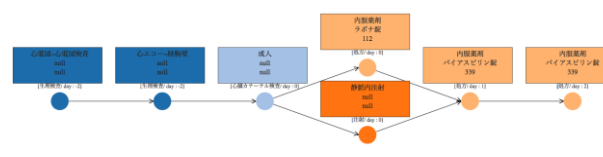


図 6(1) カテーテルアブレーションバリエーション可視化

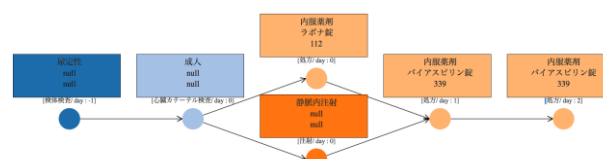


図 6(2) カテーテルアブレーションバリエーション可視化

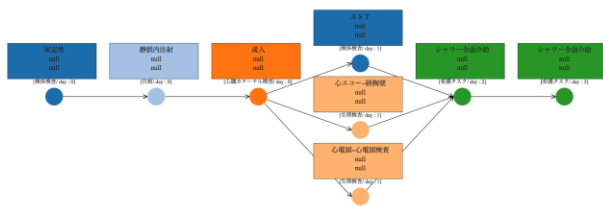


図 6(3) カテーテルアブレーションバリエーション可視化

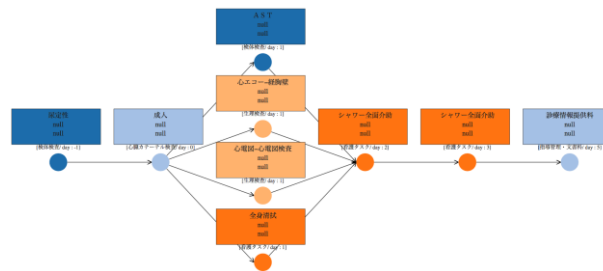


図 6(4) カテーテルアブレーションバリエーション可視化

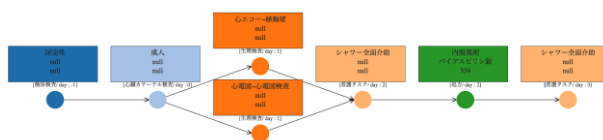


図 6(5) カテーテルアブレーションバリエーション可視化

9.まとめと今後の課題

9.1 まとめ

本研究では、医療指示履歴のデータ SDB から T-PrefixSpan によって得られた典型シーケンスに対して共通部分検出を行うことにより、医療指示の変形パターンであるバリエーションを、バリエーションパターンというグラフ表現をする手法を説明した。

提案手法を用いた実験の結果、カテーテルアブレーション術における典型臨床パス同士の対応関係が把握出来るようになったことを示すことができた。また、従来の文字列による出力よりも視認性を高めるため、可視化ツールの作成を行い、実験によって得られたデータの表示を行った。

しかしながら、医学的な観点からの臨床パスバリエーションの可視化効果の確認はこれからであり、現状では可視化手法が機能した段階である。

9.2 今後の課題

可視化の手法を実装して試したということが本研究結果の現状である。

まとめでも述べているが、本研究の今後の展開として、バリエーションを可視化することで得られたメリットをどう利用するのか、その利用シナリオについて論じることが今後の課題であると言える。

更に、今回、確認を行ったのはカテーテルアブレーションであるので、他の臨床パスに対しても同様の実験を行う

必要がある。そして、この臨床パスバリエーションの情報を含んだ出力がどの程度医学的に有益なのか医療従事者と確認し、提案手法の評価を行う必要がある。

謝辞

本研究の一部は、公益財団法人日立財団「倉田奨励金」の助成により行われた。

本研究で宮崎大学医学部附属病院の電子カルテデータを医療指示支援に用いることは宮崎大学の HP[13] に記載されており、宮崎大学の倫理審査委員会及び東京工業大学の人を対象とする研究倫理審査委員会の承認を得ている。関係者各位の協力に感謝する。

参考文献

- 1) Yuichi Honda, Muneeo Kushima, Tomoyoshi Yamazaki, Kenji Araki, Haruo Yokota. Detection and Visualization of Variants in Typical Medical Treatment Sequences. The Third International Workshop on Data Management and Analytics for Medical and Healthcare (DMAH 2017), Ger., Sept., 2017.
- 2) 本田祐一、串間宗夫、山崎友義、荒木賢二、横田治夫. 典型的医療指示シーケンスの共通部分検出とその可視化. DEIM Forum 2017; I1-1.
- 3) 牧原健太郎、荒堀喜貴、渡辺陽介、串間宗夫、荒木賢二、横田治夫. 電子カルテシステムの操作ログデータ時系列分析による頻出シーケンスの抽出. DEIM Forum 2014; F6-2.
- 4) Rakesh Agrawal, Ramakrishnan Srikant. Fast algorithms for mining association rules in large databases. Proceeding of the 20th International Conference on Very Large Data Bases 1994; 487-499.
- 5) 佐々木夢、荒堀喜貴、串間宗夫、荒木賢二、横田治夫. 電子カルテシステムのオーダログデータ解析による医療行為の支援. DEIM Forum 2015; G5-1.
- 6) X. Yan, J. Han and R. Afshar. CloSpan: Mining closed sequential patterns in large databases, Proc.SIAM Int '1 Conf. Data Mining (SDM '03) 2003; 166-177.
- 7) Yen-Liang Chen, Mei-Ching Chiang and Ming-Tat Ko. Discovering time-interval sequential patterns in sequence databases. Expert Systems with Applications 25 2003; 343-354.
- 8) Jian Pei, Jiawei Han, Behzad Mortazavi-Asl, Helen Pinto, Qiming Chen, Umeshwar Dayal, Mei-Chun Hsu. PrefixSpan: Mining Sequential Patterns Efficiently by Prefix-Projected Pattern Growth. Proceeding of 2001 International Conference on Data Engineering 2001; 215-224.
- 9) 浦垣啓志郎、保坂智之、荒堀喜貴、串間宗夫、山崎友義、荒木賢二、横田治夫. 電子カルテの投薬履歴における薬効に着目した医療行為パターンの抽出. DEIM Forum 2016; G7-5.
- 10) K. Urakaki, T. Hosaka, Y. Arahori, M. Kushima, T. Yamazaki, K. Araki, H. Yokota. Sequential Pattern Mining on Electronic Medical Records with Handling Time Intervals and the Efficacy of Medicines. First IEEE Workshop on ICT Solutions for Health, in Proc. of the 21st IEEE International Symposium on Computers and Communications 2016; 20-25.
- 11) 保坂智之、浦垣啓志郎、荒堀喜貴、串間宗夫、山崎友義、荒木賢二、横田治夫. 医療履歴の時系列解析におけるシーケンス間類似度評価による時間間隔調整の導入. DEIM Forum 2016; G7-5.
- 12) 電子カルテシステム WATATUMI, http://www.corecreate.com/0201_izanami.html.
- 13) 宮崎大学医学部附属病院医療情報部, <http://www.med.miyazaki-u.ac.jp/home/jyoho/>.
- 14) D3.js., <https://d3js.org>.