

ポスター発表

[P23-1A～P23-5A] ポスター

2018年6月23日(土) 13:25 ～ 14:30 第4会場 (3階・中会議室301A)

[P23-2A] シーケンシャルパターンマイニングを利用した椎弓切除クリニカルパスバリエーションの抽出

串間 宗夫（宮崎大学医学部附属病院）

シーケンシャルパターンマイニングを利用した椎弓切除 クリニカルパスバリエーションの抽出

串間 宗夫^{*1}, 本田 祐一^{*2}, Hieu Hanh Le^{*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医療情報部, ^{*2} 東京工業大学情報理工学院

Extraction of Laminectomy's Variants in Clinical Pathways Using Sequential Pattern Mining

Muneo Kushima^{*1}, Yuichi Honda^{*2}, Hieu Hanh Le^{*2}, Tomoyoshi Yamazaki^{*1},
 Kenji Araki^{*1}, Haruo Yokota^{*2}

^{*1} Medical Informatics, University of Miyazaki Hospital

^{*2} Department of Computer Science, Tokyo Institute of Technology

抄録:[目的] 電子カルテのデータを分析することにより、医療指示履歴から従来の典型クリニカルパスの妥当性の判断を示すことは有用であり、また新たな医療指示履歴の変形パターン「クリニカルパスバリエーション」の検出は医療指示改善への支援とすることが見込まれている。本研究では、宮崎大学医学部附属病院の電子カルテに記載されたクリニカルパスから、バリエーションの抽出を行なった。[方法] 整形外科椎弓切除医療指示履歴のデータからシーケンシャルパターンマイニング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抽出した。[結果] 得られた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の同士の共通部分検出を行った結果として、患者一人に対する医療指示のべ対象患者数21、クリニカルパスバリエーション 151 個を抽出することが出来た。[結論] 得られたクリニカルパスバリエーションを可視化することでバリエーション同士の対応関係が把握出来るようになったことが確認できた。

キーワード 電子カルテ、クリニカルパスバリエーション、シーケンシャルパターンマイニング、椎弓切除。

1. はじめに

電子カルテの二次利用の例としては、ある病気の患者に対してクリニカルパスと呼ばれる医療指示(オーダー)列の典型例を抽出することが挙げられる。従来の典型クリニカルパスは、医療従事者の医学的経験に基づいて作成されていたが、人が作成するのは容易ではなかった。このような背景により、電子カルテをデータ工学の観点において分析し医療指示の改善の支援を目的とした研究が行われている。クリニカルパスバリエーション[1]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。この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、医療支援改善への支援とすることが見込まれる。シーケンシャルパターンマイニング[2]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。

2. 方法

椎弓切除とは、脊柱管の骨構造の一部である椎弓板を取り除くことで、(単数あるいは複数の)神経根の圧迫を軽減する手術である。椎弓切除術は整形外科領域では比較的 common なオペである。実際の症例に対する整形外科椎弓切除医療指示から抽出した頻出シーケンシャルパターンについて、正しくシーケンシャルパターンバリエーションが検出されているのかを示す。更に、シーケンシャルパターンバリエーションを可視化により正しく表現されているのかを確認する。本研究では、最小支持度を利用し、薬剤名称を用いたマイニングを行い、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

リアント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[3] 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。本研究では、1991 年 11 月 19 日から 2015 年 10 月 4 日までのデータを対象とする。

3. 結果

今回の解析では、通常の入院期間よりも明らかに長いと考えられるものを解析の対象から除くため、入院期間が30日以内であるもののみを用いた。対象データセットに関する医療指示数の詳細情報は、次の通りである。(1)のべ対象患者数 21 (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 155(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 17(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 72.0。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次に示す。(5)最小支持度 0.3(21×0.3の値 6.3 人以上のパスに共通して出てくる頻出パスをシーケンシャルパターンマイニングで抽出する)。(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 1193(シーケンシャルパターンマイニングから得られた頻出パスの数)。(8)最大クリニカルパス長 12(シーケンシャルパターンマイニング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 6.0。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、1193 のクリニカルパスから 151 のバリエーションを検出することが出来た。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(D3.js)[4]によって表現したものが図 1 である。

4. 結論

本研究の結果、整形外科椎弓切除に関する典型シーケンシャルパターン同士の対応関係が把握出来ることを確認し、実験によって得られたデータの可視化を行った。

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。

参考文献

- [1] Yuichi Honda, Muneo 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] 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.
- [3] K. Uragaki, T. Hosaka, Y. Arahori, M. Kushima, T. Yamazaki, K. Araki, and H. Yokota, “ Sequential Pattern Mining on Electronic Medical Records with Handling Time Intervals and the Efficacy of Medicines, ” in Proc. 2016 IEEE Symposium on Computers and Communication (ISCC). IEEE, 2016, pp. 20–25.
- [4] D3.js., <https://d3js.org>.

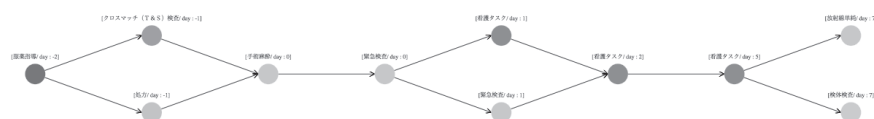


図 1 クリニカルパスバリエーション可視化例