

進化計算を用いた噛み合わせ治療診断支援システム

武田 由美[†] 佐藤 裕二[†]

法政大学情報科学部コンピュータ科学科[†]

1. まえがき

歯の噛み合わせの悪さにより、肩こりや目眩、頭痛など、歯に関係のない部位に症状が現れることがある。その症状は様々であり、症状と病因の因果関係は明らかにされておらず、一意に定まらないことが多い。また、他の病気により症状が現れている可能性も考えられるため、判断が難しい。したがって診断は医者経験によるところが大きく、医師によって診断や治療法も異なるため、経験の浅い若い医師では診断が困難な場合がある。経験の浅い医師のための診断支援システムの研究例は内科等では報告されているが[1]、歯科学での研究事例は過去ほとんど報告されていない。そこで、過去の患者データから病因や治療法を学習し、歯科医師の診断を支援するシステムの構築を目指す。

本稿では機能診断によって得られた患者の口腔情報を入力して治療が必要か否かを判断するシステムを提案する。実際に治療を行った患者のデータを用いて評価実験を行い、教師データが少なく、またネットワーク構造の決定が難しい本稿の問題でも学習可能であることを示す。

2. 設計方針

2.1. システム概要

本研究では治療が必要か否かを判別できるネットワークのプロトタイプを作成を目指す。ネットワークの基盤にはニューラルネットを用いる。ネットワークは階層型とし、入力層、中間層、出力層の3層で表す。ノード間は $[-1, 1]$ の範囲で重み付けされた結合を持ち、同層との結合はないものとする。尚、重み値0は結合なしを意味する。ノード i は入力値 u_i と、ノード j 間の結合の重み値 w_{ij} を乗算した値の総和 In が閾値 δ を超えると発火する。 In を式(1)に示す。

$$In = \sum u_i w_{ij} \quad (1)$$

入力データとして実際に噛み合わせが悪いと診断され矯正治療を行った患者の機能診断のデータを用いる。強化学習には遺伝的アルゴリズムを組み合わせ、交叉・突然変異を繰り返しネットワークの構造と重み値の学習を行う。個体の適合度には出力値と期待値との二乗誤差を用いる。学習後テストデータを入力し、得られた出力値と期待値を比較し正解した割合を評価値とする。全件正解を目標とするため、正答率100%になると学習完了とし、達しない場合は最大世代数100000で打ち切りとする。

2.2. 入力データ

2.2.1 歯の平均角度

図1に標準的な歯の生え方の図を示す。顎と耳を結んだ直線を水平面とし、歯の生えている角度を測定する。全ての歯の角度の平均を θ とし、入力には標準角度 60° との差分を用いる。角度の式を式(2)に示す。

$$S = |\theta - 60| \quad (2)$$



図1 正常な歯の水平面に対する角度

2.2.2 ガンママックス

ガンママックスとは開閉口運動における顎頭の最大回転量である。入力には患者固有のガンママックス値 Gam と標準角度 30° の差分を用いる。入力値を式(3)に示す。

$$G = |Gam - 30| \quad (3)$$

2.2.3 顎の動き

顎機能診断により記した開閉口運動における顎の動きのグラフを用いる。図2にグラフの一例を示す。

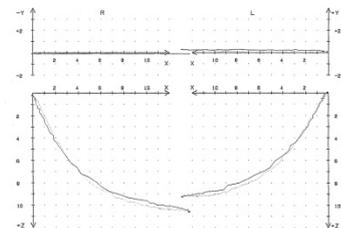


図2 開閉口運動における顎の動きのグラフ

開閉口運動における顎の動きのグラフにおいて着目するのはグラフの西遊対称性とグラフの形の2点である。更にグラフの形については以下の3項目に着目する。

- (i) 始点に生じるずれ
- (ii) 終点に生じるずれ
- (iii) y軸に関する終点と原点との距離

また、グラフはGraphcell1.11を用いて画像を数値化し、Excelファイルに左右別々に値を保存する。

2.3. NNとGAを組み合わせた学習

症状と病気の組み合わせは複雑で全ての症例を揃えることはできない。よって学習外のデータからも結果を導くことができる汎化能力を考慮し、学習の基盤にはニュー

ーラルネットワーク (NN) を用いる。

NN は学習に大量の教師データを必要とするが、本研究では入手できた症例が十分ではなく、学習が困難である。また、NN のネットワーク構造は問題に合わせて試行錯誤で決定するのが一般的だが、本稿で扱う問題では先行研究例がなく、適当なネットワーク構造を定めることが困難である。そこで、遺伝的アルゴリズム (GA) を用いてネットワーク構造とノード間の重み値について強化学習を行う。GA は評価値を基に交叉・突然変異を繰り返して環境適応していく大域検索であるため、データが不十分な本研究でも学習可能であると考えられる。

ネットワーク全体を 1 個体で表す。個体の遺伝子は 2 次元配列でネットワークの隣接行列を表現し、情報として結合の重みを保持する [3][4]。個体には適合度と正答率を与える。適合度 $eval$ は出力 x_i と期待値 y_i の二乗誤差の総和を表す。適合度を式 (4) に示す。

$$eval = \sum (x_i - y_i)^2 \quad (4)$$

正答率は評価データの内期待値通りの出力が得られた、即ち $eval = 0$ となった患者の割合を表す。

交叉は 1 ノードについて行う。交叉の例を図 4 に示す。ルーレット選択で選択した親個体の染色体を交叉させる。ランダムに入力層以外のノードを 1 つ選択する。選択したノードを頂点としたピラミッド構造について結合を入れ換え子個体を生成し、次世代群の個体とする [5]。

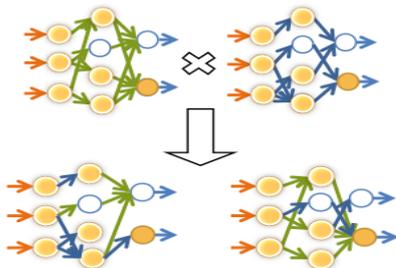


図 4 交叉例

突然変異では突然変異率に基づき結合の重み値を乱数により変化させる。

また、どのノードにも結合しないノードが発生する可能性があるが、その場合は突然変異により少なくとも 1 ノード以上と結合するように重み値を乱数で変化させる。

3. 評価実験

3.1. 実験環境

実験は OS Windows 8.1 Enterprise, プロセッサ Intel (R) Core™ 2 CPU 2.40GHz, メモリ (RAM) 4.00GB, 64 ビットオペレーティングシステムで行った。ツールは Eclipse を用いた。

GA パラメータとしては、個体数 200, 遺伝子長 22×16 , 交差率 0.6, 突然変異率 0.03 とした。

3.2. サンプルデータ

データは患者 50 人分を用いる。内 30 人分を教師データ, 20 人分を評価データとする。実験にはデータ A, データ B の 2 種類のデータを用いる。データ A では入力値

が全て揃っているデータ, データ B では入力値の内未計測のものがあるデータを用いる。尚, データ A に関して、実際に治療した患者データにおいて、入力値である 3 種類の項目が揃っているデータ数が 50 人に満たなかったため、足りない分は妥当な結果が得られると予測されるデータで補間する。

3.3. 実験結果と考察

表 1 にデータ A を用いた評価の実験結果を示す。データ A の実験では全ての実験で正答率が 100 となり、世代数は平均で 2944 世代, 最悪で 6054 世代で学習を完了することができた。実行時間は平均で 66 秒, 最悪で約 24 分 37 秒となった。

表 1 データ A を用いた評価の実験結果

	世代数	実行時間
平均	2944	66s
ワースト	6543	24m37s

データ B での実験では平均正答率 95 となり、実行時間は平均約 54 分という結果になった。データに欠損がある、つまり入力値 0 の場合発火するノードが少なくなり、期待値通りの出力がされない可能性が高い。しかし、本稿で構築を目指すシステムは治療法を提案し医師の診断を支援するものであり、診断を決定するものではないため、95% の正答率でも十分に有用であると考えられる。

4. むすび

患者の診断データから学習し治療が必要か否か判断するシステムのプロトタイプを作成した。ニューラルネットワークを基盤に遺伝的アルゴリズムを強化学習に使用し、ネットワークの構造と重み値を学習させる手法に教師データが少なく構造決定が難しい本稿の問題でも正答率 100% まで学習することができた。また、実際のカルテでは入力データが未計測のものがあり全項目が揃っていない場合があるが、データに欠損がある場合でも正答率 95% まで学習することができた。問診を加えたデータでの評価実験や治療法を提案するシステムの作成が今後の課題である。

文 献

- [1] 斎藤恵一, 加藤研也, 橋本洋, 横山泉, 内山明彦, “ファジィ測度論による医療診断支援システムの構築”, 全国大会講演論文集, 第 56 回 4 巻, pp420, March 1998
- [2] 長坂斉, 松久保隆, 高江洲義矩, 小林義昌, 佐藤, 石川達也, “歯科処置及び左右均等噛み指導による聴力の変化と均衡化”,
- [3] 北野宏明, “遺伝的アルゴリズムとニューラル・ネットワークの融合”, “遺伝的アルゴリズム”, 北野宏明(編), pp.235-262, 産業図書, 1993
- [4] David J. Montana, Lawrence Davis, “Training Feedforward Neural Networks Using Genetic Algorithms”, Proceedings of International Joint Conference on Artificial Intelligence (IJCAI-89), 1989
- [5] 佐藤裕二, 古谷立美, “適応システムにおける先読みモデルの進化的獲得”, “遺伝的アルゴリズム 2”, 北野宏明(編), pp.147-173, 産業図書, 1995