

別紙

対象データ： アルツハイマー病に関する公開データベースと島根大学医学部神経内科の外来患者を合わせた計 2142 例を解析対象とした。ベースライン時に脳の MRI 構造画像を測定し、一定期間ごとにアルツハイマー病に進行したかどうかのフォローアップデータを取得した。

解析： アルツハイマー病は脳の萎縮を一つの特徴とする。そのため、脳 MRI 画像から領域ごとの灰白質容積を算出し、これを特徴量とした。深層生存分析という機械学習の手法を用いて、経過年ごとの発症確率を推定した。すなわち、1 年後、2 年後、3 年後、・・・ごとにアルツハイマー病を発症する確率を個人レベルで推定した。従来のクラス分類にもとづく手法では例えば、2 年以内に発症するかどうかといった 2 分法による推定しか行われていなかった。

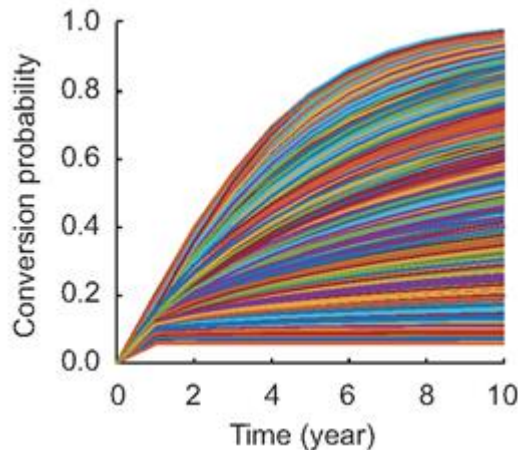


図 1 個人レベルにおける経過年数ごとの発症確率。一つ一つのラインが個人を示す。

結果： Concordance index という指標でモデルのパフォーマンスを評価した。我々の開発した手法では Concordance index が最大で 0.835 であった。これは、高齢者をランダムに二人選んできたときに 83.5% の確率でどちらが先にアルツハイマー病になるかを正答できるという値に相当する。

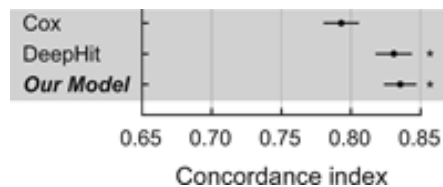


図 2 深層生存分析におけるアルツハイマー病発症予測のパフォーマンス

また、どの脳領域がアルツハイマー病発症予測に重要かを調べたところ、従来からアルツハイマー病との関連が示唆されるデフォルトモードネットワークだけでなく、前帯状回や島皮質といった顕著性ネットワークも重要な情報源であることが示された。

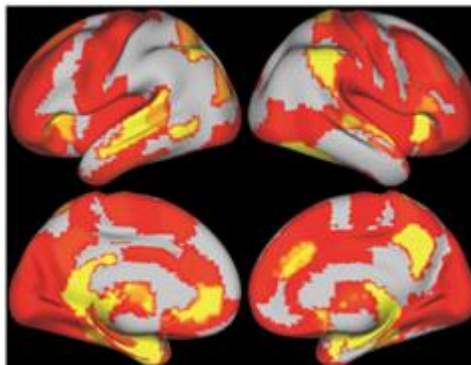


図 3 深層生存分析における各領域の寄与率。黄色ほど予測に貢献していることを示す。