

Моделирование диагностической деятельности врача на основе нечеткой нейронной сети

Аннотация. В статье рассматривается задача экспертного контроля качества принимаемых врачом диагностических решений на основе статистической обработки базы данных электронных историй болезни. Для решения задачи используется нечеткая нейронная сеть. Предлагается методика ее построения, а также генетический алгоритм вычисления ее параметров. Предложена методика экспертного контроля, основанная на использовании построенной нечеткой нейронной сети.

Ключевые слова: экспертный контроль качества, нечеткая нейронная сеть, генетический алгоритм.

Одной из актуальных задач в работе медицинских учреждений является контроль качества принимаемых врачом диагностических решений, который осуществляется на основе экспертизы историй болезни пациентов. Поскольку в современных клиниках, оборудованных компьютерами и локальными сетями, создаются электронные базы данных, то возникает возможность разработки экспертной системы для осуществления автоматизированного контроля качества диагностических решений.

Первым шагом при построении экспертной системы (ЭС) является определение механизма, с помощью которого система принимает те или иные решения. На сегодняшний день большое распространение получили ЭС, принцип работы которых основан на использовании искусственных нейронных сетей, нечеткого логического вывода или гибридных алгоритмов.

Под искусственными нейронными сетями (НС) понимают распределенные и параллельные вычислительные структуры, моделирующие простые биологические процессы, ассоциируемые с человеческим мозгом и способные к обучению. Главным достоинством НС является то, что они предоставляют возможность выразить зависимость между своими входами и выходами на основе обучения с минимумом предварительной аналитической работы чело-

века-эксперта и способны автоматически приобретать знания. К существенным недостаткам НС относятся необходимость достаточно объемной обучающей выборки и невозможность объяснения пользователю, как система получила то или иное решение.

Нечеткие логические выводы (НЛВ) представляют собой способ обработки информации на базе экспертных правил, задаваемых в нечетком виде. Нечеткие логические выводы создают модель приближенных рассуждений человека. При условии возможности формализации решений задачи человеком-экспертом в рамках нечетких правил базы знаний достоинствами НЛВ являются хорошая интерпретируемость решений и отсутствие необходимости в задании обучающей выборки. Существенным недостатком НЛВ является невозможность автоматического приобретения знаний.

В настоящее время значительную актуальность приобрело создание гибридных технологий, обладающих достоинствами, как нейронных сетей, так и нечетких логических выводов – с хорошей интерпретируемостью, минимумом предварительной аналитической работы человека-эксперта и способностью автоматически приобретать знания для их использования в механизмах выводов. Реализацией подобной гибридной технологии стали нечеткие нейронные

сети, которые осуществляют выводы на основе аппарата нечеткой логики, но параметры соответствующих функций принадлежности настраиваются с использованием алгоритмов обучения нейронной сети. В отличие от НС, нечеткие нейронные сети могут приобретать новые знания, оставаясь логически прозрачными.

Поскольку организм человека является сложной системой, а диагностика состояния пациента по значениям его показателей обладает определенной нечеткостью, то для разработки автоматизированной экспертной системы контроля качества решений врачей целесообразно использовать нечеткие нейронные сети (ННС). Для этого прежде всего необходимо построить математическую модель постановки диагнозов специалистом на основе нечеткой логики и статистических значений показателей состояния пациента.

Для построения математической модели целесообразно использовать правила вида:

$$\begin{aligned} \text{Правило } R: \text{ ЕСЛИ } P_1 \text{ есть } \tilde{A}_1(w_1) \text{ И } P_2 \\ \text{ есть } \tilde{A}_2(w_2) \text{ И ... И } P_k \text{ есть } \tilde{A}_k(w_k) \\ \text{ ТО Заключение } T \text{ [CF]} \end{aligned} \quad (1)$$

где $P = \{P_i\}$ – множество параметров, на которые накладываются ограничения в условиях правила R ; $\tilde{A} = \{\tilde{A}_i\}$ – множество нечетких ограничений на параметры множества P ; $w = \{w_i\}$ – веса нечетких ограничений \tilde{A} на параметры P ; T – заключение, следующее при выполнении условий \tilde{A} правила R . Кроме того, с каждым правилом R связан коэффициент CF – степень достоверности («универсальности») правила R . Выражение, стоящее между ключевыми словами ЕСЛИ и ТО правила (1) называется шаблоном [1].

Пример нечеткой нейронной сети, реализующей правила вида (1) может иметь структуру, представленную на рисунке. Данная сеть имеет два входа P_1 и P_2 , на значения которых накладывается по два нечетких ограничения $\tilde{A}_{11}, \tilde{A}_{12}$ и $\tilde{A}_{21}, \tilde{A}_{22}$ и три выхода T_q , где $q = \overline{1,3}$. Данная сеть моделирует 12 правил, основанных на четырех шаблонах и трех заключениях: R_{zq} , где $z = \overline{1,4}, q = \overline{1,3}$.

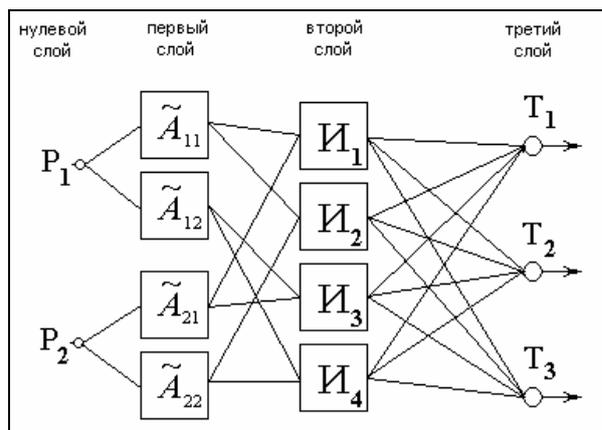


Рис. 1. Пример структуры нечеткой нейронной сети

Каждый нейрон нулевого слоя соответствует одному входному параметру. Остальные слои сети выполняют следующие функции.

Первый рассчитывает значения функций принадлежности по формуле $y_{ij} = \mu_{ij}(P_i)$, где $\mu_{ij}(P_i)$ – функция принадлежности j -го нечеткого ограничения i -го параметра ($j = \overline{1,2}, i = \overline{1,2}$). Функция принадлежности может принимать значение в интервале от нуля до единицы в зависимости от того, насколько значения параметров соответствуют нечетким ограничениям.

Второй вычисляет оценки степени срабатывания x_z шаблонов соответствующих правил согласно выражению:

$$x_z = \frac{\sum_{i=1}^k \tilde{y}_i w_{iz}}{\sum_{i=1}^k w_{iz}},$$

где $\tilde{y}_i \in \{y_{i1}, y_{i2}\}$ и определяется нечетким ограничением \tilde{A}_j предпосылки вида «ЕСЛИ P_i есть \tilde{A}_j » рассматриваемого шаблона, а k – количество нейронов нулевого слоя: $k = 2$.

Третий рассчитывает выходы сети по формуле:

$$y_q = \sum_{z=1}^t \frac{x_z CF_{zq}}{\sqrt{\sum_{i=1}^t (x_i)^2} \sqrt{\sum_{i=1}^t (CF_{iq})^2}},$$

где t – количество нейронов третьего слоя: ($t = 4$), x_z – выход третьего слоя сети, CF_{zq} – степень достоверности правила R_{zq} .

Для решения задачи построения ЭС контроля качества диагностических решений требуется:

1. Построить нечеткую нейронную сеть, для чего необходимо: разработать методику построения правил вида (1); вычислить веса нечетких ограничений и степени достоверности правил; идентифицировать значения параметров функций принадлежности нечетких ограничений в правилах.

2. Разработать методику контроля качества диагностической деятельности врачей на основе построенной нечеткой нейронной сети.

3. Разработать программное обеспечение.

Предлагается следующая методика построения правил вида (1):

1. С помощью экспертов-врачей для диагнозов D_1, \dots, D_n отбираются наиболее существенные признаки, наблюдаемые у пациентов - x_1, x_2, \dots, x_p .

2. Определяются возможные сочетания значений этих признаков для диагнозов D_1, \dots, D_n . При этом, для качественных признаков рассматриваются значения «присутствует» - x_i и «отсутствует» - \bar{x}_i . Для количественных признаков рассматриваются значения «в пределах нормы» и «вне пределов нормы». Обозначения вводятся аналогично качественным признакам.

3. В качестве параметров $P_i, i = \overline{1, k}$ в правилах вида (1) рассматриваются частоты встречаемости сочетаний значений признаков при постановке диагнозов D_1, \dots, D_n . Сами диагнозы рассматриваются как заключения. На сочетания накладываются нечеткие ограничения из множества $\tilde{A} = \{\text{«встречается часто»}, \text{«встречается редко»}\}$.

4. На основании электронной базы данных определяются частоты встречаемости сочетаний признаков для контролируемых диагнозов $D_i, i = \overline{1, n}$, причем каждому из диагнозов D_1, \dots, D_n могут соответствовать различные наборы частот встречаемости сочетаний признаков за различные временные периоды.

5. Традиционно степени достоверности правил CF_{zq} вычисляются как отношение числа строк в выборке частот с диагнозом D_q , со-

ответствующих шаблону, задаваемому правилом R_{zq} , к общему числу строк с диагнозом D_q . Веса предпосылок в правилах вычисляются аналогично [1].

Пример. Рассмотрим один диагноз D_1 и два существенных для него признака x_1, x_2 . Предположим также, что для данного диагноза возможными являются любые сочетания признаков x_1 и x_2 . Тогда правило для постановки диагноза D_1 в системе может иметь следующий вид:

ЕСЛИ $\overline{x_1 x_2}$ встречается редко (w_1) И $x_1 \overline{x_2}$ встречается часто (w_2) И $\overline{x_1} x_2$ встречается редко (w_3) И $x_1 x_2$ встречается редко (w_4) ТО диагноз D_1 [CF]

В таблице приведены частоты $(a_i, b_i, c_i, d_i), i = \overline{1, \xi}$ встречаемости сочетаний признаков для рассматриваемого примера, которые имеют числовые значения в интервале $[0, 1]$. Диагноз D_1 закодирован 1.

Наборы частот встречаемости сочетаний признаков

$\overline{x_1 x_2}$	$x_1 \overline{x_2}$	$\overline{x_1} x_2$	$x_1 x_2$	Диагноз
a_1	b_1	c_1	d_1	1
a_2	b_2	c_2	d_2	1
...
a_ξ	b_ξ	c_ξ	d_ξ	1

На основании частот, приведенных в таблице, вычисляются веса нечетких ограничений w_i , где $i = \overline{1, 4}$ и степень достоверности правила CF . Строки таблицы являются обучающей выборкой для ННС.

При построении ННС используются треугольные функции принадлежности, характеризуемые тремя параметрами – левым основанием, центром и правым основанием. Для идентификации параметров функций принадлежности предлагается использовать генетический алгоритм обучения ННС. Генетический алгоритм (ГА) — это эвристический алгоритм поиска, используемый для решения задач оп-

тимизации путем целенаправленного подбора, комбинирования и вариации искомым параметров с использованием механизмов, напоминающих биологическую эволюцию [2].

Поскольку нечеткие ограничения могут принимать два лингвистических значения («встречается часто» и «встречается редко»), то для решения поставленной задачи параметры функций принадлежности нечетких ограничений были сведены в хромосому вида:

$$S = (l_{11}, c_{11}, r_{11}, l_{12}, c_{12}, r_{12}, \dots, l_{k1}, c_{k1}, r_{k1}, l_{k2}, c_{k2}, r_{k2}), \quad (2)$$

где l, c, r – левое основание, центр и правое основание треугольных функций принадлежности, а k – число входов ННС.

Предлагается следующий алгоритм идентификации параметров функций принадлежности:

1. Задаются значения допустимой погрешности алгоритма E , размера популяции K , максимального количества шагов алгоритма V , коэффициента скрещивания p_c и вероятности мутации p_m .

2. Генерируется K наборов начальных значений параметров функций принадлежности. Каждый набор кодируется в хромосому вида (2). Значения параметров функций принадлежности в хромосомах определяются следующим образом: генерируются случайные числа l_{ij} , c_{ij} , r_{ij} , равномерно распределенные в интервалах $[\underline{P}_i, \overline{P}_i]$, $[l_{ij}, \overline{P}_i]$, $[c_{ij}, \overline{P}_i]$ соответственно. Здесь $[\underline{P}_i, \overline{P}_i]$ – интервал изменения значений входного параметра P_i нечеткой нейронной сети, $i = \overline{1, k}$, $j = \overline{1, 2}$. Сгенерированные K хромосом вида (2) составляют начальную популяцию Ω генетического алгоритма. Каждая хромосома соответствует значениям параметров всех функций принадлежности в ННС.

3. На входы ННС, значения параметров функций принадлежности которой закодированы в хромосоме $S \in \Omega$, последовательно подаются все строки обучающей выборки и определяется значение функции соответствия для хромосомы S по формуле:

$$FF(S) = -\sum_{i=1}^N (y_i - z_i)^2,$$

где z_i – выходной параметр, заданный в i -той строке обучающей выборки, y_i – решение, полученное ННС для входов, определенных в i -той строке обучающей выборки, N – объем обучающей выборки. Таким образом оцениваются все хромосомы, составляющие начальную популяцию Ω .

4. Определяются $K \cdot p_c / 2$ пар хромосом-родителей. При выборе родителей используется принцип случайности с условием: чем больше значение функции соответствия некоторой хромосомы, тем больше вероятность того, что данная хромосома даст потомство.

Родители определяются следующим образом:

а) каждой хромосоме $S_j \in \Omega$ ставится в соответствие число

$$h_j = \frac{\overline{FF}(S_j)}{\sum_{i=1}^K \overline{FF}(S_i)}, \quad \overline{FF}(S_j) = FF(S_j) - \min_{i=1, K} (FF(S_i)).$$

При этом очевидно, что

$$h_j \geq 0, \quad \sum_{j=1}^K h_j = 1;$$

если $FF(S_i) > FF(S_j)$, то $h_i > h_j$, $i, j = \overline{1, K}, i \neq j$, где K – число хромосом в популяции;

б) на горизонтальной оси откладывается ряд чисел h_j ;

в) генерируется случайное число z , равномерно распределенное в интервале $[0, 1]$;

г) в качестве родителя выбирается хромосома S_{j^*} , соответствующая подинтервалу

$$\left(\sum_{i=1}^{j^*-1} h_i, \sum_{i=1}^{j^*} h_i \right],$$

в который попало число z . Вторая хромосома-родитель выбирается аналогично, но при этом очевидно не должна совпадать с первой хромосомой.

5. Для каждой пары хромосом-родителей выполняется операция скрещивания. Скрещиваются две хромосомы-родители S_1 и S_2 , в результате чего появятся потомки Ch_1 и Ch_2 , следующим образом:

а) генерируются случайные числа z_l , где $l = \overline{1, 2k}$, равномерно распределенные в интервале $[1, 2]$ и округляются до ближайшего целого;

б) определяются тройки генов потомков $g_{ij}^\lambda = (l_{ij}, c_{ij}, r_{ij})$, где $i = \overline{1, k}, j = \overline{1, 2}, \lambda \in \{Ch1, Ch2\}$, на основе обмена троек генов родителей g_{ij}^λ , где $\lambda \in \{S_1, S_2\}$, следующим образом:

$$g_{ij}^{Ch1} = \begin{cases} g_{ij}^{S_1}, j \leq z_l \\ g_{ij}^{S_2}, j > z_l \end{cases}, g_{ij}^{Ch2} = \begin{cases} g_{ij}^{S_2}, j \leq z_l \\ g_{ij}^{S_1}, j > z_l \end{cases}.$$

6. Осуществляется мутация полученных хромосом-потомков следующим образом:

а) для каждого гена хромосомы S генерируется случайное число z равномерно распределенное в интервале $[0, 1]$. Если $z > p_m$, то мутация элемента не производится, иначе переход к шагу б);

б) генерируется новое значение рассматриваемого гена хромосомы S по правилу: если ген соответствует левому основанию l_{ij} функции принадлежности j -ого нечеткого ограничения i -го входного параметра, то берется случайное число, равномерно распределенное в интервале $[P_i, c_{ij}]$; если ген соответствует центру функции принадлежности c_{ij} , то берется случайное число, равномерно распределенное в интервале $[l_{ij}, r_{ij}]$; если ген соответствует правому основанию r_{ij} , то берется случайное число, равномерно распределенное в интервале $[c_{ij}, P_i]$. Здесь $[P_i, P_i]$ - интервал изменения значений i -го входного параметра.

7. Вычисляются функции соответствия для потомков и из полученного множества хромосом размером $K + K \cdot p_c$ отбрасываются $K \cdot p_c$ хромосом, имеющих худшие значения функции соответствия. Оставшиеся хромосомы составляют новую популяцию Ω .

8. Если получена хромосома, для которой $|FF(S)| < E$, где E - заданная погрешность алгоритма, то алгоритм заканчивается. В противном случае проверяется условие: исчерпано ли заданное максимальное количество шагов V . Если условие не выполняется, то осуществляется переход к шагу 3 алгоритма. В противном случае, хромосома с наибольшим значением функции соответствия считается субоптимальным решением.

Таким образом, в результате работы генетического алгоритма идентифицируются параметры функций принадлежности нечетких ограничений входных параметров ННС. На этом процесс построения нечеткой нейронной сети заканчивается.

Для контроля качества диагностической деятельности врача с помощью построенной ННС предлагается следующая методика:

1. На основе электронной базы данных историй болезни пациентов вычисляются частоты встречаемости сочетаний значений признаков для какого-либо диагноза, поставленного врачом за определенный интервал времени.

2. Вычисленные частоты подаются на вход ННС и вычисляется диагноз.

3. Если диагноз, полученный ННС, совпадает с рассматриваемым диагнозом врача, то качество диагностической деятельности врача по данному диагнозу считается удовлетворительным. В противном случае - неудовлетворительным и необходим детальный анализ историй болезни пациентов для выяснения причин.

На основании разработанных методик и генетического алгоритма была построена ННС для двух диагнозов - «рак желудка» (D_1) и «язва желудка» (D_2).

Для названных диагнозов был выделен список диагностических показателей: x_1 - анемия, x_2 - результаты пальпации, x_3 - боли в эпигастральной области, x_4 - дисфагия, x_5 - рентгенологическое исследование, x_6 - эндоскопическое исследование, x_7 - морфологическое исследование, x_8 - УЗИ стенок желудка и их возможные значения.

При участии эксперта-онколога были определены возможные сочетания значений указанных параметров, для которых на основании БД электронных историй болезни пациентов была построена выборка частот встречаемости этих сочетаний при диагнозах D_1 и D_2 . Выборка была разделена на обучающую и тестовую часть.

После обучения ННС была осуществлена проверка ее адекватности на тестовой выборке объемом 30 строк. Тестирование показало, что точность решений, принятых ННС, составила 90%, что позволяет делать вывод о том, что построенная ННС может быть использована для контроля качества диагностической деятельности врачей в рамках диагнозов D_1 и D_2 .

Литература

1. Круглов В.В. Адаптивные системы нечеткого вывода // Нейрокомпьютеры: разработка и применение. – 2003. – № 5. – с. 15-19.
2. Пилиньский М., Рутковская Д., Рутковский Л. Нейронные сети, генетические алгоритмы и нечеткие системы. – М.: Горячая Линия-Телеком, 2007. – 452с.

Емалетдинова Лилия Юнеровна. Доктор технических наук, профессор кафедры Прикладной математики и информатики КГТУ им. А.Н. Туполева, декан факультета Технической кибернетики и информатики КГТУ им. А.Н. Туполева. Окончила Казанский авиационный институт им. А.Н. Туполева в 1979 году. Автор 71 печатной работы, в том числе трех монографий. Область научных интересов: разработка распределенных информационных систем организационного управления; построение и использование нечетких нейронных сетей в решении задач оптимизации, принятия решений и управления. E-mail: lilia@steline.ru.

Стрункин Дмитрий Юрьевич. Аспирант кафедры Прикладной математики и информатики КГТУ им. А.Н. Туполева. Окончил магистратуру Казанского государственного технического университета им. А.Н. Туполева в 2009 году. Автор 4-х печатных работ. Область научных интересов: искусственный интеллект, нейронные сети, методы нечетких вычислений, программирование. E-mail: dstrunkin@yandex.ru.