

慢性骨髓性白血病の治療に対する離散時間 NN 適応制御による投薬量の決定法

Treatment of Chronic Myelogenous Leukemia by Discrete-Time NN Adaptive Control

80817569 矢口洪太 (Kohta Yaguchi) Supervisor 大森浩充 (Hiromitsu Ohmori)

1 緒論

白血病は「血液のがん」と呼ばれ、癌化した白血球が増加し、正常な血液を作ることができなくなる病気である。本研究では、白血病のうち、慢性骨髓性白血病(CML)を対象とする。また、生命をシステムとして理解することを目的とした、システムバイオロジーという学問分野がある。本研究は、システムバイオロジーの観点から、自動的に投薬量を決定する制御手法を提案する。これにより、CMLをすばやく減少させ、かつ、投薬による副作用の少ない、患者に負担の小さな治療を実現する。

2 CML 3次元分子モデル

本研究では、2004年に提唱されたCMLのモデル[1]を使用する。このモデルは、単位血液中のナイーブT細胞 T_n 、エフェクターT細胞数 T_e 、CML細胞数 C を変数としている(図1)。ナイーブT細胞は、CML抗原との接觸によって活性化し、エフェクターT細胞へと分化する。CML細胞は自己増殖をするが、エフェクターT細胞との接觸により、消滅する。

また、 u_1 、 u_2 は制御入力値であり、それぞれイマチニブ、その他の複合治療の治療効果を示す指標である。

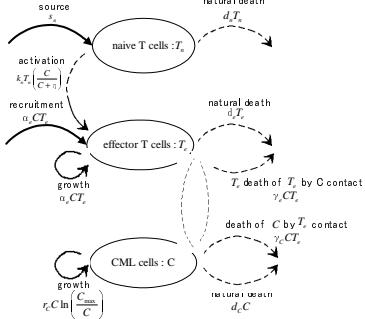


図1: CML モデルの模式図

このモデルを3次元の非線形微分方程式として記述すると、以下の式で表される。

$$\frac{dT_n(t)}{dt} = s_n - (1 + u_2)d_n T_n - k_n T_n \left(\frac{C}{C + \eta} \right) \quad (1)$$

$$\frac{dT_e(t)}{dt} = \alpha_n k_n T_n \left(\frac{C}{C + \eta} \right) + \alpha_e T_e \left(\frac{C}{C + \eta} \right) - (1 + u_2)d_e T_e - \gamma_e C T_e \quad (2)$$

$$\frac{dC(t)}{dt} = (1 - u_1)r_c C \ln \left(\frac{C_{\max}}{C} \right) - (1 + u_2)d_c C - \gamma_c C T_e \quad (3)$$

ここで、 s_n は T_n 細胞の発生数、 d_n 、 d_e 、 d_c はそれぞれ T_n 細胞、 T_e 細胞、CML細胞の死亡率、 k_n 、 α_n は T_e 細胞への分化に関する割合、 η はMichaelis-Menten定数、 α_e は T_e 細胞の浸潤率、 C_{\max} はCML細胞数の最大値、 r_c はCML細胞の増殖率、 γ_e はCML細胞による T_e 細胞の減少定数、 γ_c は T_e 細胞によるCML細胞の減少定数である。

3 問題設定

従来より提案してきた制御手法は、コントローラを連続時間で設計している。しかし、実際の医療現場では、連続的な患者の状態の測定や、投薬を行えない。そこで、サンプル間隔を考慮したコントローラを設計する必要がある。本研究は、従来法のNN適応コントローラ[2]を離散時間化することで、離散時間NN適応コントローラを設計することが目的である。

4 離散時間 NN 適応コントローラの設計

離散時間NN適応コントローラの概略を図2に示す。

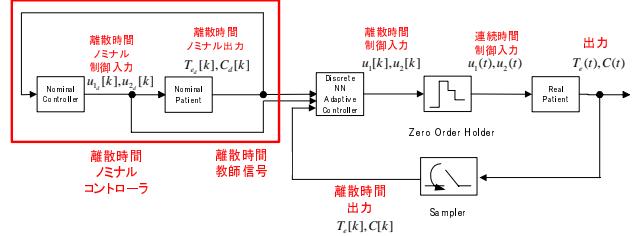


図2: 離散時間 NN 適応コントローラの概略

本研究では、従来法のNN適応コントローラの離散化に際し、後退差分法を用いる。後退差分法は

$$\frac{d}{dt}x(t) \approx \frac{x[k+1] - x[k]}{T} \quad (4)$$

として一次近似する方法である。これをNN適応コントローラに適用させることで、離散時間NN適応コントローラを設計した。

5 シミュレーション結果

患者(制御対象)のパラメータを、実験的に得られる最悪なパラメータとし、サンプル間隔を2時間おき($T = 0.833$)とした。また、制御対象の T_n 、 T_e 、 C の初期値を、それぞれ $T_n(0) = 1510$ 、 $T_e(0) = 20$ 、 $C(0) = 10000$ とし、シミュレーションを行った。図3はCMLの軌跡、図4は u_1 の軌跡、図5は u_2 の軌跡である。

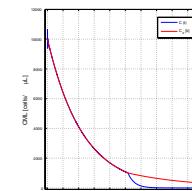


図3:CML の軌跡

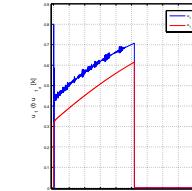


図4:u1 の軌跡

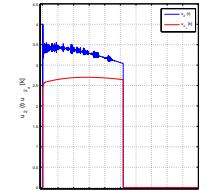


図5:u2 の軌跡

図3より、CML細胞が $1000(\text{cells}/\mu\text{L})$ 以下まで減少し、制御されていることがわかる。また、図4、図5より、シミュレーション開始直後に値域を越える大きな振動がみられるが、その後、多少の振動に抑えられ、値域内に収まっている。

6 結論

従来法のNN適応コントローラを離散化することにより、サンプル間隔を考慮した離散時間NN適応コントローラを設計した。また、シミュレーションによって、その有効性を確認した。

参考文献

- [1] Helen Moorea, Natasha K. Lib, "A mathematical model for chronic myelogenous leukemia (CML) and T cell interaction," American Institute of Mathematics, 360 Portage Avenue, 2003
- [2] Radhakant Padhia, Mangal Kotharib, "An optimal dynamic inversion-based neuro-adaptive approach for treatment of chronic myelogenous leukemia," Department of Aerospace Engineering, Indian Institute of Science, Bangalore, 2007