

# **ΠΟΛΥΤΕΧΝΕΙΟ ΚΡΗΤΗΣ**

## **Ανάπτυξη Προσθετικών Μηχανών Διανυσμάτων Υποστήριξης: Μεθοδολογία και εφαρμογή στη πρόβλεψη ενδονοσοκομειακού θανάτου**

Διατριβή που υπεβλήθη για τη μερική ικανοποίηση των απαιτήσεων για την απόκτηση  
Μεταπτυχιακού Διπλώματος Ειδίκευσης

**υπό**

**Γκολφίνοπούλου Βασιλική**

**Χανιά 2006**

© Copyright υπό Γκολφίνοπούλου Βασιλική

Έτος: 2006

Η διατριβή της Γκολφινόπουλου Βασιλικής εγκρίνεται

Όνομα

Δούμπος Μιχάλης

Ζοπουνίδης Κων/νος

Μυγδαλάς Αθανάσιος

Υπογραφή

## **ΕΥΧΑΡΙΣΤΙΕΣ**

Θα ήθελα να ευχαριστήσω ορισμένους ανθρώπους οι οποίοι έπαιξαν σημαντικό ρόλο στην εκπόνηση αυτής της διατριβής.

Αρχικά θα ήθελα να ευχαριστήσω τον καθηγητή μου, κ. Μιχάλη Δούμπο για την άψογη συνεργασία μας, τη συγκατάθεσή του για τη διεξαγωγή της έρευνας αυτής, καθώς και για την καθημερινή του καθοδήγηση κατά το διάστημα της εκπόνησης της.

Επίσης θα ήθελα να ευχαριστήσω την αδελφή μου Γκολφίνοπούλου Κασσιανή, διδάκτορα του τμήματος Νοσηλευτικής του Πανεπιστημίου Αθηνών, για την παροχή δεδομένων και πολύτιμων πληροφοριών που σχετίζονταν με τον χώρο της υγείας.

Τέλος, θα ήθελα να ευχαριστήσω τους γονείς μου και τους φίλους μου για την συμπαράστασή τους.

## **ΣΥΝΤΟΜΟ ΒΙΟΓΡΑΦΙΚΟ ΣΗΜΕΙΩΜΑ**

Η Γκολφινόπουλου Δ. Βασιλική γεννήθηκε στην Αθήνα τον Ιούλιο του 1979. Το 2004 απέκτησε πτυχίο από το Τμήμα Μηχανικών Παραγωγής και Διοίκησης του Πολυτεχνείου Κρήτης. Η διπλωματική της εργασία αφορούσε στην κατασκευή υποδειγμάτων χρονολογικών σειρών για την εκτίμηση του αγροτικού εισοδήματος στην Ελλάδα.

<b>ΠΕΡΙΛΗΨΗ</b> .....	<b>7</b>
<b>ΕΙΣΑΓΩΓΗ</b> .....	<b>8</b>
<b>ΚΕΦΑΛΑΙΟ 1 ΜΗΧΑΝΕΣ ΔΙΑΝΥΣΜΑΤΩΝ ΥΠΟΣΤΗΡΙΞΗΣ</b> .....	<b>10</b>
1.1 ΑΝΑΓΝΩΡΙΣΗ ΠΡΟΤΥΠΩΝ.....	10
1.1.1 <i>Μαθηματικό υπόβαθρο Στατιστικής Θεωρίας Αποφάσεων</i> .....	13
1.2 ΥΠΕΡΕΠΙΠΕΔΟΙ ΤΑΞΙΝΟΜΗΤΕΣ.....	15
1.2.1 <i>Μοντελοποίηση των SVM</i> .....	15
1.2.2 <i>Μη γραμμική περίπτωση</i> .....	20
1.3 ΥΠΟΛΟΓΙΣΤΙΚΕΣ ΔΙΑΔΙΚΑΣΙΕΣ.....	22
1.3.1 <i>Εισαγωγή</i> .....	22
1.3.2 <i>Μέθοδοι διάσπασης</i> .....	22
1.3.3 <i>Άλλες υπολογιστικές διαδικασίες</i> .....	24
<b><u>ΚΕΦΑΛΑΙΟ 2 ΠΡΟΣΘΕΤΙΚΕΣ ΜΗΧΑΝΕΣ ΔΙΑΝΥΣΜΑΤΩΝ ΥΠΟΣΤΗΡΙΞΗΣ</u></b> .....	<b>27</b>
2.1 ΕΙΣΑΓΩΓΗ.....	27
2.2 ΠΡΟΣΘΕΤΙΚΑ ΜΟΝΤΕΛΑ.....	27
2.3 ΒΙΒΛΙΟΓΡΑΦΙΚΗ ΑΝΑΣΚΟΠΗΣΗ.....	31
2.4 ΜΕΘΟΔΟΛΟΓΙΑ ΑΝΑΠΤΥΞΗΣ ΠΡΟΣΘΕΤΙΚΩΝ ΜΗΧΑΝΩΝ ΔΙΑΝΥΣΜΑΤΩΝ ΥΠΟΣΤΗΡΙΞΗΣ (ASVM).....	32
2.5 ΣΥΓΚΡΙΤΙΚΑ ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ.....	37
<b><u>ΚΕΦΑΛΑΙΟ 3 ΠΡΟΒΛΕΨΗ ΕΝΔΟΝΟΣΟΚΟΜΕΙΑΚΟΥ ΘΑΝΑΤΟΥ</u></b> .....	<b>47</b>
3.1 ΕΙΣΑΓΩΓΗ.....	47
3.2 ΣΥΣΤΗΜΑΤΑ ΜΕΤΡΗΣΗΣ.....	49
3.2.1 <i>Δείκτης APACHE</i> .....	50
3.2.2 <i>Δείκτης APACHE II</i> .....	51
3.2.3 <i>Δείκτης APACHE III</i> .....	51
3.2.4 <i>Δείκτες SAPS</i> .....	52
3.2.5 <i>Δείκτες MPM</i> .....	53
3.3 ΧΡΗΣΗ ΠΡΟΣΘΕΤΙΚΩΝ ΜΗΧΑΝΩΝ ΔΙΑΝΥΣΜΑΤΩΝ ΑΠΟΦΑΣΗΣ ΣΤΗΝ ΠΡΟΒΛΕΨΗ ΕΝΔΟΝΟΣΟΚΟΜΕΙΑΚΟΥ ΘΑΝΑΤΟΥ.....	56
3.3.1 <i>Δείγμα και μεταβλητές</i> .....	57
3.3.2 <i>Αποτελέσματα</i> .....	63
3.3.3 <i>Σύγκριση δειγμάτων 9 και 16 μεταβλητών</i> .....	71
<b>ΣΥΜΠΕΡΑΣΜΑΤΑ</b> .....	<b>77</b>
<b>ΒΙΒΛΙΟΓΡΑΦΙΑ</b> .....	<b>79</b>

# ΠΕΡΙΛΗΨΗ

Οι μηχανές διανυσμάτων υποστήριξης (Support Vector Machines) είναι μια σχετικά καινούργια μέθοδος λήψης αποφάσεων η οποία βρίσκει ευρεία εφαρμογή σε προβλήματα όπως αυτό της αναγνώρισης προτύπων, ταξινόμησης, παλινδρόμησης και πρόβλεψης με τη χρήση χρονοσειρών. Οι μηχανές διανυσμάτων αποτελούν την τομή της θεωρίας εκπαίδευσης με την πράξη. Απλοί αλγόριθμοι χρησιμοποιώντας στατιστική θεωρία εκμάθησης, μπορούν να καταλήξουν με ακρίβεια στα σημαντικά για την εκπαίδευση διανύσματα. Για την επίλυση ωστόσο, προβλημάτων της καθημερινής ζωής τα οποία είναι δύσκολο να αναλυθούν θεωρητικά, είναι αναγκαία η χρήση πολύπλοκων μοντέλων και αλγορίθμων. Οι μηχανές διανυσμάτων υποστήριξης μπορούν να χρησιμοποιούν γραμμικά αλλά και μη γραμμικά μοντέλα. Ένα γραμμικό μοντέλο είναι απλό και καθιστά πιο εύκολη την ανάλυση των αποτελεσμάτων, ωστόσο, για την λεπτομερή προσέγγιση ενός καθημερινού προβλήματος που συνήθως είναι πιο πολύπλοκο, είναι αναγκαία η χρήση ενός μη-γραμμικού μοντέλου. Στα μη-γραμμικά μοντέλα ο υπολογιστικός φόρτος είναι μεγάλος, και επιπλέον το εξαγόμενο αποτέλεσμα δεν μπορεί να αναλυθεί ώστε να εντοπιστούν και να απομονωθούν οι σημαντικότερες για την ανάλυση παράμετροι.

Η αντιμετώπιση των παραπάνω θεμάτων μπορεί να γίνει μέσω της ανάπτυξης προσθετικών μοντέλων. Τα προσθετικά μοντέλα συνδυάζουν τη μη γραμμική συμπεριφορά με τη δυνατότητα ερμηνείας των αποτελεσμάτων τους. Στην εργασία αυτή προτείνεται μια πρωτότυπη μεθοδολογία ανάπτυξης προσθετικών μηχανών διανυσμάτων υποστήριξης. Η αποτελεσματικότητα της προτεινόμενης μεθοδολογίας αναλύεται μέσω κατάλληλης πειραματικής ανάλυσης σε διάφορα σύνολα δεδομένων, ενώ συγχρόνως συγκρίνεται με δύο υπάρχουσες υπολογιστικές διαδικασίες που χρησιμοποιούν μηχανές διανυσμάτων απόφασης τα Proximal Support Vector Machines (PSVM) και τα SVM<sup>light</sup>. Επιπλέον γίνεται και μια εκτενέστερη εφαρμογή στην πρόβλεψη ενδονοσοκομειακού θανάτου.

# ΕΙΣΑΓΩΓΗ

Η παρούσα εργασία έχει ως θέμα την ανάπτυξη μιας πρωτότυπης μεθοδολογίας ανάπτυξης προσθετικών μηχανών διανυσμάτων υποστήριξης. Αυτό που εξετάζεται ουσιαστικά, είναι η αποτελεσματικότητα αντί της χρήσης κάποιου γραμμικού ή μη – γραμμικού μοντέλου για την λειτουργία των μηχανών διανυσμάτων υποστήριξης αποφάσεων, η χρήση ενός προσθετικού μοντέλου έτσι ώστε να συνδυαστούν τα πλεονεκτήματα τόσο των γραμμικών μοντέλων (απλά, εύκολα ερμηνεύσιμα ), όσο και των μη-γραμμικών τα οποία προσεγγίζουν ακριβέστερα ένα πολύπλοκο καθημερινό πρόβλημα.

Αναλυτικότερα στο Κεφάλαιο 1 γίνεται παρουσίαση του πεδίου που ονομάζεται αναγνώριση προτύπων, ενώ ακολουθεί το μαθηματικό υπόβαθρο της Στατιστικής Θεωρίας Αποφάσεων. Στη συνέχεια του κεφαλαίου αναπτύσσεται η θεωρία των Μηχανών Διανυσμάτων Απόφασης κλείνοντας με αναφορά των υπολογιστικών διαδικασιών που τα χρησιμοποιούν.

Στο Κεφάλαιο 2 αρχικά παρουσιάζεται το θεωρητικό υπόβαθρο των Προσθετικών μοντέλων, ακολουθεί η μεθοδολογία ανάπτυξης των Προσθετικών Μηχανών Διανυσμάτων Υποστήριξης, αφού έχει προηγηθεί μια σύντομη βιβλιογραφική ανασκόπηση στο χώρο των προσθετικών μοντέλων, και τέλος εξετάζεται η αποτελεσματικότητα της μεθόδου σε σχέση με τις υπάρχουσες υπολογιστικές διαδικασίες Proximal Support Vector Machines (PSVM) και SVM<sup>light</sup> σε 11 σύνολα δεδομένων (benchmarks).

Στο Κεφαλαίο 3 παρουσιάζεται το πρόβλημα της πρόβλεψης θανάτου σε μια μονάδα εντατικής θεραπείας (ΜΕΘ), καθώς επίσης και τα πιο ευρέως χρησιμοποιούμενα συστήματα βαθμολόγησης της πιθανότητας θανάτου σε μια ΜΕΘ. Στη συνέχεια θεωρώντας σαν αφετηρία μια βάση δεδομένων που περιέχει συγκεντρωμένες τις περισσότερες από τις μεταβλητές που χρησιμοποιούνται σε τέτοια συστήματα, πραγματοποιείται σταδιακή μείωση τους χρησιμοποιώντας μεθόδους όπως είναι η ανάλυση Bootstrap και το 10-fold cross validation τόσο σε γραμμικά όσο και σε προσθετικά μοντέλα. Τέλος παρουσιάζονται τα αποτελέσματα προγνωστικής ακρίβειας των Proximal Support Vector Machines (PSVM), SVM<sup>light</sup> και Additive Support Vector



Machines (ASVM) στα σύνολα δεδομένων όπως αυτά προέκυψαν από τις παραπάνω αναλύσεις.

# ΚΕΦΑΛΑΙΟ 1

## ΜΗΧΑΝΕΣ ΔΙΑΝΥΣΜΑΤΩΝ ΥΠΟΣΤΗΡΙΞΗΣ

### 1.1 ΑΝΑΓΝΩΡΙΣΗ ΠΡΟΤΥΠΩΝ

Ένα από τα πιο σημαντικά και πολυποίκιλα προβλήματα στον χώρο της μηχανικής, καθώς και σε άλλες επιστήμες, όπως της βιολογίας, της ιατρικής, της ψυχολογίας και του marketing, αποτελεί η αυτόματη αναγνώριση προτύπων. Η *αυτόματη αναγνώριση προτύπων* θα μπορούσε να οριστεί σαν εκείνο το επιστημονικό πεδίο το οποίο ασχολείται με το πώς ένα αυτοματοποιημένο υπολογιστικό σύστημα μπορεί να παρακολουθεί το περιβάλλον, να μαθαίνει να ξεχωρίζει πρότυπα σε σχέση με το υπόβαθρό τους και τέλος να είναι σε θέση να λάβει ασφαλείς και λογικές αποφάσεις για την ταξινόμηση των προτύπων σε κατηγορίες.

Τα τελευταία χρόνια έχουν αναπτυχθεί πολλές διαφορετικές μεθοδολογίες και προσεγγίσεις. Ανεξάρτητα του ποια μέθοδος ή προσέγγιση χρησιμοποιείται, ένα σύστημα αναγνώρισης προτύπων δρα σε δύο φάσεις: την φάση της εκπαίδευσης (μάθηση) και την φάση της ταξινόμησης (έλεγχος). Στη φάση της μάθησης πραγματοποιείται η εύρεση των κατάλληλων χαρακτηριστικών για την αναπαράσταση των προτύπων και στη συνέχεια ακολουθεί η εκπαίδευση του ταξινομητή-διαχωριστή (classifier), ώστε να διαχωρίζει τον χώρο των χαρακτηριστικών. Στη φάση της ταξινόμησης ο εκπαιδευμένος ταξινομητής τοποθετεί το πρότυπο σε κάποια από τις κλάσεις προτύπων, λαμβάνοντας υπόψη τα χαρακτηριστικά που χρησιμοποιήθηκαν στη φάση της εκπαίδευσης.

Οι πιο γνωστές προσεγγίσεις για την αναγνώριση προτύπων είναι :

- Αντιστοίχιση σε προκαθορισμένα πρότυπα (Template matching)

Είναι μία από τις πιο απλές και πρωτοεμφανιζόμενες προσεγγίσεις της αναγνώρισης προτύπων. Ο όρος “matching” γενικότερα στην αναγνώριση προτύπων χρησιμοποιείται για να δηλώσει την ομοιότητα ανάμεσα σε δύο οντότητες του ίδιου είδους. Στο template matching ένα πρότυπο προς αναγνώριση συγκρίνεται με ένα σύνολο προκαθορισμένων προτύπων (templates). Το μέτρο της σύγκρισης, συνήθως μια συσχέτιση, στηρίζεται στο σύνολο των δεδομένων εκπαίδευσης. Η προσέγγιση αυτή απαιτεί μεγάλο υπολογιστικό φόρτο, πρόβλημα που τα τελευταία χρόνια έχει αντιμετωπιστεί με την χρήση γρήγορων επεξεργαστών.

- Συντακτική/Δομημένη αντιστοίχιση (Syntactic/Structural matching)

Σε πολλά προβλήματα αναγνώρισης προτύπων τα οποία περιέχουν πολύπλοκα πρότυπα υιοθετείται μια ιεραρχική προσέγγιση, όπου κάθε πρότυπο θεωρείται ότι αποτελείται από πιο απλά υποπρότυπα., τα οποία με τη σειρά τους αποτελούνται από ακόμη πιο απλά υποπρότυπα. Το πιο απλά, βασικά, προς αναγνώριση πρότυπα καλούνται “πρωτόγονα” (primitives) και το δεδομένο πολύπλοκο πρότυπο αναπαρίσταται βάσει της συσχέτισης που υπάρχει ανάμεσα στα πρωτόγονα. Η συντακτική αναγνώριση προτύπων στηρίζεται στο ανάλογο που προκύπτει ανάμεσα στη δομή των προτύπων και του συντακτικού μιας γλώσσας. Τα πρότυπα θεωρούνται σαν προτάσεις, τα πρωτόγονα σαν την αλφάβητο της γλώσσας, ενώ για τον σχηματισμό κάποιας πρότασης δηλαδή κάποιου πολύπλοκου προτύπου είναι απαραίτητη η ύπαρξη γραμματικής η οποία προκύπτει από τα δεδομένα εκπαίδευσης. Η δομημένη αναγνώριση προτύπων είναι μια αρκετά υποσχόμενη προσέγγιση γιατί ουσιαστικά εκτός από την κατάταξη των προτύπων δίνει και μια αναλυτική περιγραφή για το πώς το δεδομένο πολύπλοκο πρότυπο κατασκευάζεται από τα πρωτόγονα πρότυπα.

- Νευρωνικά δίκτυα

Τα νευρωνικά δίκτυα είναι παράλληλα υπολογιστικά συστήματα τα οποία αποτελούνται από ένα μεγάλο αριθμό απλών δομικών μονάδων, τους νευρώνες. Κάθε νευρώνας είναι ένας επεξεργαστής ο οποίος συνδέεται με άλλους μέσω πολλών συνδέσεων δημιουργώντας με τον τρόπο αυτό ένα πολύπλοκο δίκτυο.

Ένα νευρωνικό δίκτυο είναι ένας γράφος του οποίου οι κόμβοι είναι οι νευρώνες οι οποίοι συνδέουν τις εισόδους και τις εξόδους τους με κατάλληλες συνδέσεις χρησιμοποιώντας κάποια βάρη. Το κύρια χαρακτηριστικά των νευρωνικών δικτύων είναι ότι έχουν την ικανότητα της παράλληλης επεξεργασίας και μεγάλη προσαρμοστικότητα σε διαφορετικά δεδομένα.

- Στατιστική αναγνώριση προτύπων (Statistical pattern recognition)

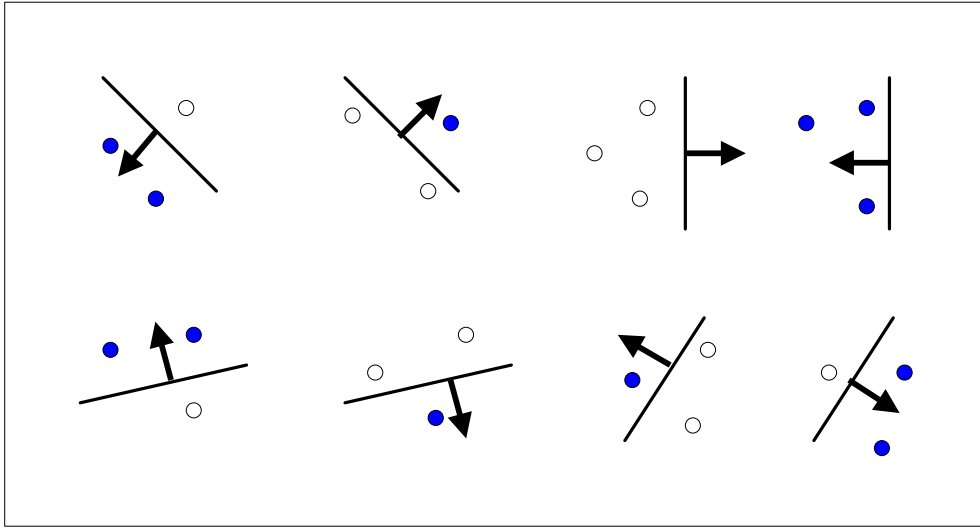
Μια από τις πιο ευρέως διαδεδομένες μεθοδολογικές κατευθύνσεις της αναγνώρισης προτύπων για την οποία γίνεται εκτενέστερη αναφορά στην παράγραφο 1.1.1. είναι η Στατιστική αναγνώριση προτύπων Χρησιμοποιώντας τη προσέγγιση αυτή, ένα πρότυπο αναπαρίσταται σαν ένα  $M$ -διαστάσεων διάνυσμα χαρακτηριστικών. Στη συνέχεια χρησιμοποιώντας έννοιες από τη στατιστική θεωρία αποφάσεων δημιουργούνται όρια απόφασης ανάμεσα στις διάφορες κλάσεις προτύπων.

Στο σημείο αυτό αξίζει να ειπωθεί ποσό σπουδαίο ρόλο παίζει τόσο το μέγεθος όσο και η ποιότητα του δείγματος εκπαίδευσης και κατ' επέκταση να οριστούν δύο πολύ σημαντικές ιδιότητες ενός ταξινομητή: η *υψηλή προσαρμογή στα πρότυπα εκπαίδευσης (overfitting)* και η *ικανότητα γενίκευσης (generalization ability)*. Η έννοια του *overfitting* αφορά σε ταξινομητές που προσεγγίζουν τέλεια το δείγμα εκπαίδευσης χωρίς βέβαια αυτό να τους καθιστά έτοιμους να ταξινομήσουν επιτυχώς κάποιο μελλοντικό δείγμα το οποίο μπορεί να διαφοροποιείται από το δείγμα εκπαίδευσης. Συνεπώς, η ικανότητα γενίκευσης έχει να κάνει με την ικανότητα που έχει ένα μοντέλο αναγνώρισης προτύπων να ταξινομεί επιτυχώς νέα δεδομένα τα οποία διαφέρουν από το δείγμα εκπαίδευσης. Μια άλλη πολύ σημαντική ιδιότητα ενός ταξινομητή είναι η πολυπλοκότητά του η οποία εκφράζεται με την έννοια της ικανότητας ως εξής: πολύπλοκοι ταξινομητές δηλαδή, ταξινομητές με πολλές ανεξάρτητες παραμέτρους θεωρείται ότι έχουν μεγάλη ικανότητα (capacity). Ένα διαδεδομένο μέτρο της ικανότητας ενός ταξινομητή είναι η διάσταση Vapnik-Chervonenkis (VC) <sup>[1]</sup>.

Η διάσταση VC αποτελεί χαρακτηριστική ιδιότητα μιας οικογένειας συναρτήσεων  $\{f(a)\}$ , όπου  $a$  είναι ένα σύνολο παραμέτρων. Έστω συναρτήσεις οι οποίες αναφέρονται στην περίπτωση ταξινόμησης σε δύο κλάσεις

$$f(x, a) \in \{-1, 1\} \quad \forall x, a \quad (1.1)$$

Ένα δεδομένο σύνολο  $\ell$  σημείων μπορεί να χαρακτηριστεί με  $2^\ell$  τρόπους.



Σχήμα 1.1: Διαχωρισμός 3 σημείων σε 2 κλάσεις

Εάν για κάθε χαρακτηρισμό μπορεί να βρεθεί ένα μέλος της οικογένειας  $\{f(a)\}$  το οποίο να καθορίζει τον χαρακτηρισμό αυτό, δηλαδή η  $\{f(a)\}$  να διαχωρίζει το δεδομένο σύνολο με όλους τους δυνατούς τρόπους, τότε:

*Η διάσταση VC για μια οικογένεια συναρτήσεων  $\{f(a)\}$  ορίζεται ως ο μέγιστος αριθμός των δεδομένων εκπαίδευσης ο οποίος μπορεί να διαχωριστεί από την  $\{f(a)\}$ .*

### 1.1.1 Μαθηματικό υπόβαθρο Στατιστικής Θεωρίας Αποφάσεων

Ένα δεδομένο πρότυπο πρόκειται να τοποθετηθεί σε μία από τις  $c$  κατηγορίες  $w_1, w_2, \dots, w_c$ , σύμφωνα με ένα διάνυσμα  $M$  χαρακτηριστικών  $x_1, x_2, \dots, x_M$ . Τα πρότυπα θεωρείται ότι περιγράφονται από μια συνάρτηση πυκνότητας πιθανότητας δηλαδή παρουσιάζουν μια κατανομή, που καθορίζεται από την κλάση του προτύπου. Αυτό που στην ουσία κάνει ένα σύστημα αναγνώρισης προτύπων είναι να υπολογίζει δεδομένου ενός προτύπου, σε ποια κατηγορία μπορεί αυτό να ταξινομηθεί. Μαθηματική έκφραση αυτής της ποσότητας αποτελεί η δεσμευμένη πιθανότητα  $P(w_i | x)$  η οποία, στην περίπτωση όπου υπάρχουν δύο κλάσεις, δίδεται από τον κανόνα του Bayes ως εξής:

$$P(w_1 | x) = \frac{P(w_1)P(x | w_1)}{P(w_1)P(x | w_1) + P(w_2)P(x | w_2)} \quad (1.2)$$

Για τον υπολογισμό της παραπάνω πιθανότητας απαιτείται να είναι γνωστές οι πιθανότητες  $P(x|w_i)$  δηλαδή ο τρόπος με τον οποίο κατανέμονται στην κάθε κατηγορία. Ουσιαστικά για τον προσδιορισμό των παραπάνω πιθανοτήτων είναι αναγκαίος ο καθαρισμός των ορίων απόφασης ανάμεσα στις κλάσεις των προτύπων. Υπάρχουν δύο προσεγγίσεις για τον καθορισμό των παραπάνω κατανομών, η παραμετρική και η μη-παραμετρική. Στην παραμετρική οι κατανομές θεωρούνται εξ' αρχής γνωστές (π.χ κανονική κατανομή), αλλά κάποιες από τις παραμέτρους της κατανομής, όπως ο μέσος όρος ή η διακύμανση είναι άγνωστες. Στην περίπτωση αυτή ένας τρόπος επίλυσης του προβλήματος είναι η αντικατάσταση των αγνώστων παραμέτρων από τις εκτιμώμενες τιμές τους, γεγονός που απαιτεί κάποια επιπρόσθετη πληροφορία για τις άγνωστες παραμέτρους. Στη μη-παραμετρική προσέγγιση οι κατανομές είναι εντελώς άγνωστες οπότε είτε εκτιμώνται, είτε γίνεται απ' ευθείας κατασκευή του ορίου απόφασης σύμφωνα με τα δεδομένα εκπαίδευσης<sup>[2]</sup>.

Για τον καθορισμό του ορίου απόφασης χρησιμοποιείται ένα πλήθος γνωστών κανόνων απόφασης συμπεριλαμβανομένου του κανόνα του Bayes. Έστω ότι ένα πρότυπο  $x$  ταξινομείται στην κλάση  $w_i$ , ενώ πραγματικά θα έπρεπε να ταξινομηθεί στη κλάση  $w_j$ . Τότε σαν κόστος ταξινόμησης ορίζεται η ποσότητα:

$$R(w_i | x) = \sum_{j=1}^c L(w_i, w_j) P(w_j | x) \quad (1.3)$$

η οποία πρέπει να ελαχιστοποιηθεί. Στην περίπτωση όπου

$$L(w_i, w_j) = \begin{cases} 0, & i = j \\ 1, & i \neq j \end{cases} \quad (1.4)$$

ο κανόνας του Bayes μπορεί να απλοποιηθεί ως εξής:

**Καταχώρηση του προτύπου  $x$  στην κλάση  $w_i$  εάν ισχύει**

$$P(w_i | x) > P(w_j | x), \quad j \neq i \quad (1.5)$$

Συνοπτικά, βασικός στόχος στην αναγνώριση προτύπων είναι ο βέλτιστος καθορισμός των ταξινομητών δηλαδή η καταλληλότερη τοποθέτηση των ορίων απόφασης ανάμεσα στις κλάσεις των προτύπων

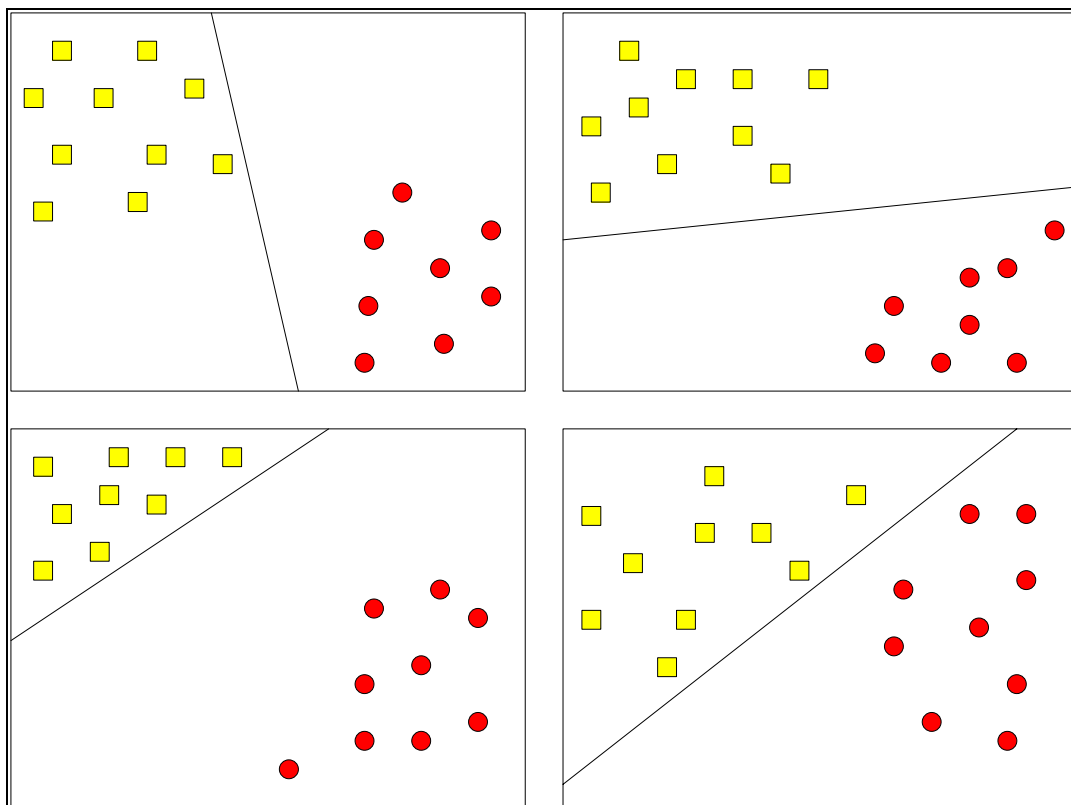
## 1.2 ΥΠΕΡΕΠΙΠΕΔΟΙ ΤΑΞΙΝΟΜΗΤΕΣ

Ένα από τα πεδία έρευνας της Στατιστικής Θεωρίας Αποφάσεων, στο οποίο δίνεται ιδιαίτερη έμφαση σε πρόσφατες έρευνες, αφορά στη μελέτη της πολυπλοκότητας των συναρτήσεων  $\{f(a)\}$  που χρησιμοποιούνται ως ταξινομητές. Έρευνες έχουν αποδείξει ότι η δυνατότητα γενίκευσης ενός ταξινομητή είναι αντιστρόφως ανάλογη της πολυπλοκότητας και ανάλογη της προσαρμογής του ταξινομητή στα δεδομένα εκπαίδευσης. Συνεπώς κατά την ανάπτυξη ενός μοντέλου ταξινόμησης είναι απαραίτητο να εξεταστούν τα δύο αυτά στοιχεία(πολυπλοκότητα-προσαρμογή) σε ένα ενιαίο πλαίσιο. Στη φιλοσοφία αυτή βασίζεται η μεθοδολογία των μηχανών διανυσμάτων υποστήριξης (SVM) στην οποία η έννοια της πολυπλοκότητας περιγράφεται από την διάσταση VC και την άμεση σχέση που έχει με το περιθώριο διάκρισης των κατηγοριών.

Οι μηχανές διανυσμάτων υποστήριξης (SVM) εισήχθησαν από τον Vladimir Vapnik<sup>[3]</sup> και η λογική τους στηρίζεται στον προσδιορισμό ενός υπερεπιπέδου χρησιμοποιώντας κατάλληλη συνάρτηση απόφασης που διαχωρίζει τον χώρο των δεδομένων σε κλάσεις.

### 1.2.1 Μοντελοποίηση των SVM

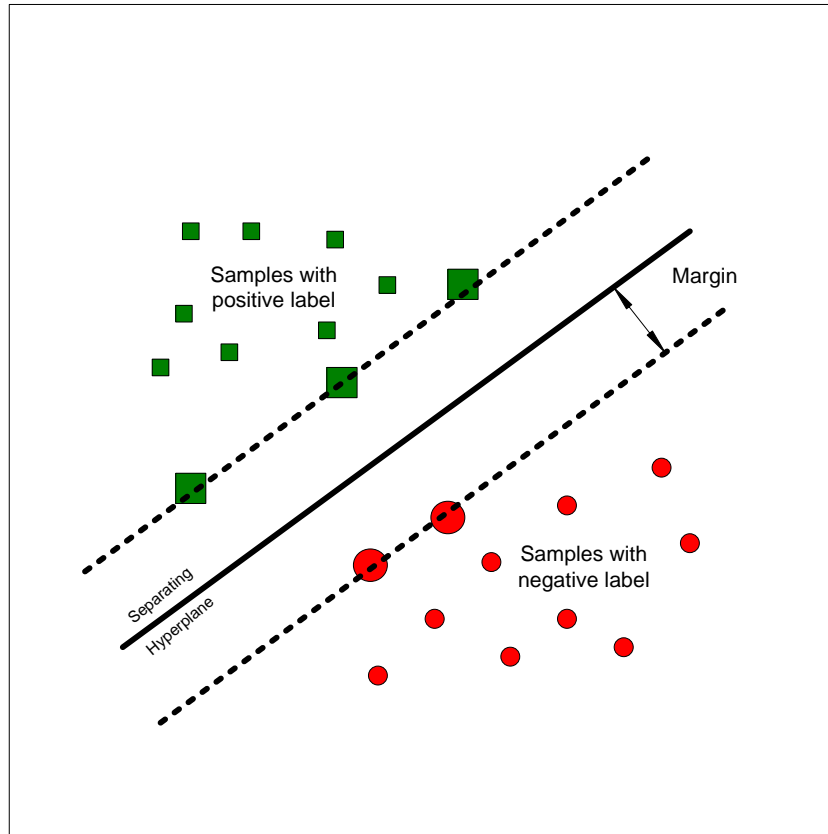
Όπως αναφέρθηκε και στην προηγούμενη παράγραφο, τα SVM είναι μια μεθοδολογία για την ανάπτυξη μοντέλων που πραγματοποιούν ταξινόμηση. Έστω μια δίτομη ταξινόμηση όπως αυτές του Σχήματος 1.2. Υπάρχουν διάφοροι τρόποι για να διαχωριστούν οι θετικές από τις αρνητικές περιπτώσεις.



**Σχήμα 1.2:** Δίτομη ταξινόμηση ενός συνόλου δεδομένων

Στην περίπτωση των SVM χρησιμοποιείται ένα υπερεπίπεδο για τον διαχωρισμό των δεδομένων στις δύο κλάσεις, όπως φαίνεται στο σχήμα παρακάτω.





**Σχήμα 1.3:** SV υπερεπίπεδο διαχωρισμού

Τα σημεία που βρίσκονται πάνω στα όρια του περιθωρίου ονομάζονται διανύσματα υποστήριξης (Support Vectors, SV) και είναι εκείνα που ταξινομούνται δυσκολότερα. Αποτελούν τα κρισιμότερα για την ταξινόμηση στοιχεία του δείγματος εκπαίδευσης. Επιπλέον, εάν τα SV μετακινηθούν θα αλλάξουν την θέση του διαχωριστικού υπερεπιπέδου.

Αναλυτικότερα, σε μια δίτομη ταξινόμηση η μοντελοποίηση ξεκινά με ένα δείγμα εκπαίδευσης  $T = (x_i, y_i)$ , όπου  $i = 1, \dots, N$  είναι το πλήθος των προτύπων,  $x_i$  (διάνυσμα  $M$ -χαρακτηριστικών) η εισαγόμενη πληροφορία που χρησιμοποιείται για την εκπαίδευση σχετικά με το πρότυπο  $i$  που στην ουσία αποτελούν τις ανεξάρτητες μεταβλητές του προβλήματος και  $y_i \in \{+1, -1\}$  η αντίστοιχη έξοδος (εξαρτημένη μεταβλητή). Στόχος της ανάλυσης είναι η κατασκευή μιας συνάρτησης  $f(x)$  η οποία να διαχωρίζει τις θετικές από τις αρνητικές περιπτώσεις. Στην απλούστερη περίπτωση η  $f$  ορίζεται από ένα υπερεπίπεδο  $wx = b$  ως εξής:

$$f(x) = \text{sgn}(wx - b) \quad (1.6)$$

όπου  $w$  είναι ένα διάνυσμα των συντελεστών των  $x$  χαρακτηριστικών και  $b$  μια σταθερά. Αποδεικνύεται ότι το βέλτιστο υπερεπίπεδο -και συνεπώς η βέλτιστη συνάρτηση- είναι εκείνο με το μέγιστο περιθώριο διαχωρισμού ανάμεσα στις δύο κλάσεις. Για τον υπολογισμό του περιθωρίου αρκεί να εφαρμοστεί ο τύπος υπολογισμού της απόστασης ενός σημείου από μια ευθεία. Πιο συγκεκριμένα όπως προκύπτει και από το Σχήμα 1.4 η απόσταση του  $H$  από το  $H_1$  είναι:

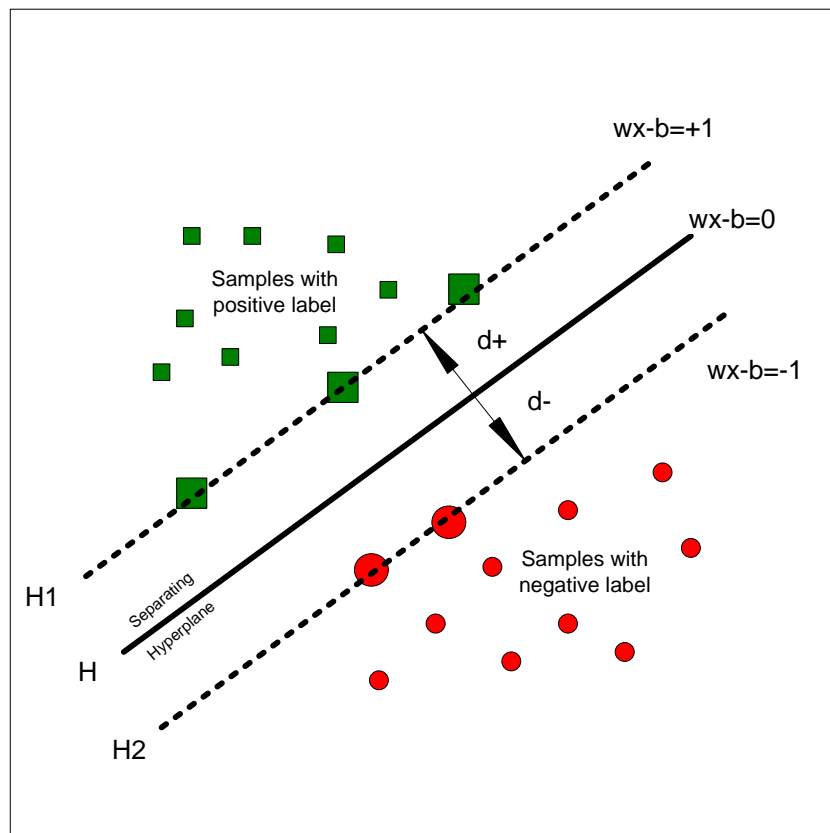
$$d^+ = \frac{|-1-b|}{\|w\|} \quad (1.7)$$

Ομοίως η απόσταση του  $H$  από το  $H_2$  είναι:

$$d^- = \frac{|1-b|}{\|w\|} \quad (1.8)$$

οπότε η απόσταση ανάμεσα στην  $H_1$  και την  $H_2$  δηλαδή το περιθώριο θα είναι:

$$\text{Περιθώριο} = d^+ + d^- = \frac{2}{\|w\|} \quad (1.9)$$



Σχήμα 1.4: Υπολογισμός περιθωρίου

Συνεπώς, προκειμένου να μεγιστοποιηθεί το περιθώριο διαχωρισμού θα πρέπει να ελαχιστοποιηθεί το  $\|w\|$  με την προϋπόθεση ότι δεν υπάρχουν άλλα σημεία ενδιάμεσα στις  $H_1$  και  $H_2$ , δηλαδή να ισχύει

$$\begin{aligned} x_i w - b &\geq 1, & y &= +1 \\ x_i w - b &\leq -1, & y &= -1 \end{aligned} \quad (1.10)$$

Οι δύο παραπάνω ανισότητες μπορούν να συνδυαστούν στην ακόλουθη

$$y_i(x_i w - b) \geq 1 \quad (1.11)$$

Αρκεί επομένως να επιλυθεί το εξής πρόβλημα ελαχιστοποίησης τετραγωνικού προγραμματισμού:

$$\begin{array}{l} \min \quad \frac{1}{2} w^T w + C e^T d \\ \text{υ.π} \\ \quad Y(Xw - eb) + d \geq e \\ \quad w \in \mathbb{R}^d, b \in \mathbb{R} \\ \quad d \geq 0 \end{array} \quad (1.12)$$

όπου:

X: πίνακας  $N \times M$  των δεδομένων εκπαίδευσης

Y: πίνακας  $N \times N$  τέτοιος ώστε  $Y_{ii} = y_i$  και  $Y_{ij} = 0$ ,  $i \neq j$

d: διάνυσμα  $N \times 1$  των μεταβλητών απόκλισης των μην αρνητικών σφαλμάτων οι οποίες ορίζονται ως εξής:  $d_i > 0$  εάν  $y_i(wx_i - b) < 1$

e: διάνυσμα  $N \times 1$  μοναδιαίο

C: σταθερά οριζόμενη από τον χρήστη η οποία δηλώνει παραχώρηση (trade-off) ανάμεσα στους δύο συγκρουόμενους στόχους (μεγιστοποίηση του διαχωριστικού περιθωρίου και ελαχιστοποίηση των σφαλμάτων εκπαίδευσης)

Από υπολογιστικής άποψης είναι προτιμότερο αντί του προβλήματος (1.12) να επιλυθεί το αντίστοιχο δυϊκό:

$$\begin{array}{l} \max \quad e^T u - \frac{1}{2} u^T Y X X^T Y u \\ \text{υ.π} \\ \quad e^T Y u = 0 \\ \quad 0 \leq u \leq C e \end{array} \quad (1.13)$$

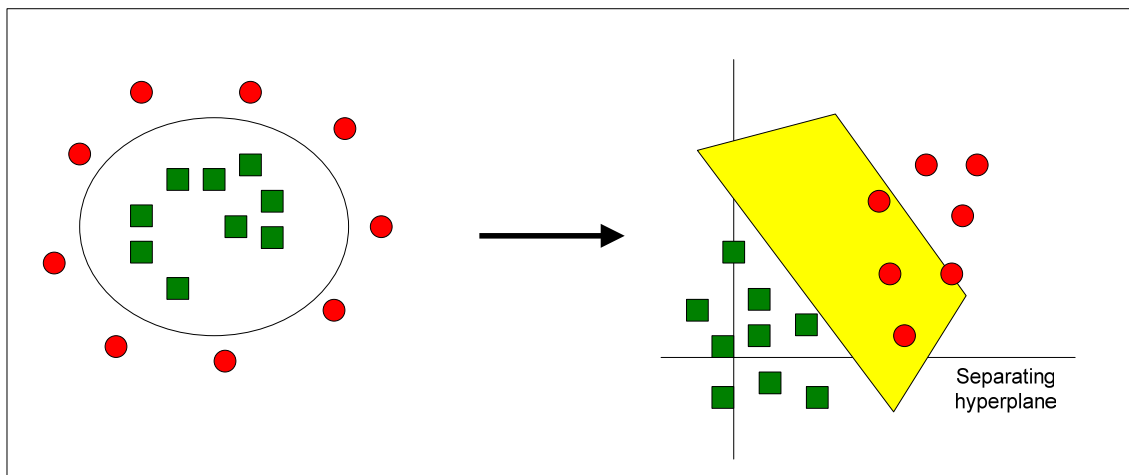
Στην συνέχεια η αντικειμενική συνάρτηση εκφράζεται συναρτήσει των διϊκών μεταβλητών  $\mathbf{u}$  ως εξής:

$$f(x) = \text{sgn}(xX^T Y\mathbf{u} - b) \quad (1.14)$$

Όπως φαίνεται από την παραπάνω σχέση η συνάρτηση ταξινόμησης εκφράζεται σαν το εσωτερικό γινόμενο των δεδομένων. Το γεγονός αυτό μπορεί στη συνέχεια να χρησιμοποιηθεί για την αντιμετώπιση περιπτώσεων όπου το σύνολο των δεδομένων δεν είναι εφικτό να διαχωριστεί σε κλάσεις γραμμικά.<sup>[4]</sup>

### 1.2.2 Μη γραμμική περίπτωση

Περιπτώσεις όπου το σύνολο των δεδομένων δεν είναι γραμμικά διαχωρίσιμο (Σχήμα 1.5) αντιμετωπίζονται ως εξής.



**Σχήμα 1.5:** Αντιμετώπιση μη γραμμικά διαχωρίσιμου χώρου δεδομένων

Πραγματοποιείται αναγωγή των δεδομένων εισόδου σε έναν νέο χώρο δεδομένων μεγαλύτερων διαστάσεων. Αναλυτικότερα ο χώρος  $M$ -διαστάσεων των δεδομένων μετασχηματίζεται σε έναν χώρο  $M'$  μεγαλύτερων διαστάσεων χρησιμοποιώντας τον παρακάτω μετασχηματισμό:

$$x_i x_j^T = \phi(x_i) \phi^T(x_j) \quad (1.15)$$

Το εσωτερικό γινόμενο στον νέο υψηλότερο διαστάσεων χώρο ορίζεται από μια συνάρτηση γνωστή ως πυρήνα (Kernel)

$$K(x_i, x_j) = \phi(x_i) \phi^T(x_j) \quad (1.16)$$

Οι πιο ευρέως χρησιμοποιούμενοι πυρήνες είναι οι εξής:

1. Γραμμικός πυρήνας:

$$K(x, y) = \langle x, y \rangle \quad (1.17)$$

2. Πολυωνυμικός πυρήνας:

$$K(x, y) = (x, y)^d \quad (1.18)$$

3. RBF πυρήνας:

$$K(x, y) = \exp\left(\frac{-\|x - y\|^2}{2\sigma^2}\right) \quad (1.19)$$

4. Σιγμοειδής πυρήνας:

$$K(x, y) = \tanh(\kappa(x \cdot y) + \Theta) \quad (1.20)$$

Οπότε το πρόβλημα (1.13) χρησιμοποιώντας κάποιο πυρήνα μπορεί να ξαναδιατυπωθεί ως εξής:

$$\begin{aligned} \max \quad & e^T u - \frac{1}{2} u^T Y(K(x_i, x_j)) Y u \\ \text{υ.π} \quad & \\ & e^T Y u = 0 \\ & 0 \leq u \leq C e \end{aligned} \quad (1.21)$$

και ο ταξινομητής (1.14) ως εξής:

$$f(x) = \text{sgn}(Y u(K(x_i, x_j)) - b) \quad (1.22)$$

Τα μοντέλα ταξινόμησης που χρησιμοποιούν τους πυρήνες εμφανίζουν μεγάλη ικανότητα γενίκευσης και μπορούν να χρησιμοποιηθούν σε πολλά σύνολα δεδομένων της καθημερινής ζωής αφού υπάρχουν πολλές ελεύθερες παράμετροι οι οποίες μπορούν να καθορίζονται ανάλογα με τη φύση του προβλήματος.

## 1.3 ΥΠΟΛΟΓΙΣΤΙΚΕΣ ΔΙΑΔΙΚΑΣΙΕΣ

### 1.3.1 Εισαγωγή

Τα τυπικά SVM οδηγούν στην επίλυση ενός προβλήματος τετραγωνικού προγραμματισμού το οποίο παρόλο που είναι πλήρως κατανοητό, εμφανίζει προβλήματα υπολογιστικού φόρτου καθώς και προβλήματα δέσμευσης μνήμης, στις περιπτώσεις όπου υπάρχει ένα μεγάλο πλήθος δεδομένων εκπαίδευσης. Για την αντιμετώπιση των παραπάνω προβλημάτων έχουν αναπτυχθεί διάφορες υπολογιστικές διαδικασίες όπως είναι ο αλγόριθμος Chunking, ο αλγόριθμος SMO, τα SVM<sup>light</sup>, τα Proximal Support Vector Machines (PSVM) και τα Reduced Support Vector Machines (RSVM).

### 1.3.2 Μέθοδοι διάσπασης

Ένας από τους πλέον διαδεδομένους τρόπους αντιμετώπισης των παραπάνω προβλημάτων βασίζεται στην ιδέα διάσπασης του προβλήματος σε υποπροβλήματα. Σε αυτήν την ιδέα βασίζονται ο αλγόριθμος Chunking, ο αλγόριθμος SMO και τα SVM<sup>light</sup> τα οποία περιγράφονται αναλυτικότερα παρακάτω.

#### Ο αλγόριθμος Chunking

Ο αλγόριθμος Chunking χρησιμοποιεί το γεγονός ότι το τετραγωνικό πρόβλημα (1.13) δεν θα αλλάξει εάν απαλειφθούν εκείνες οι γραμμές και οι στήλες του πίνακα που αναφέρονται στους μηδενικούς πολλαπλασιαστές Lagrange. Με βάση αυτή τη λογική το μεγάλο τετραγωνικό πρόβλημα μπορεί να διασπαστεί σε μικρότερα τετραγωνικά προβλήματα τα οποία κρατούν όλους τους μη-μηδενικούς πολλαπλασιαστές και απορρίπτουν όλους τους μηδενικούς. Σε κάθε βήμα επιλύεται ένα τετραγωνικό πρόβλημα που περιέχει όλους τους μη-μηδενικούς πολλαπλασιαστές Lagrange από το τελευταίο βήμα και τα  $P$  χειρότερα παραδείγματα που δεν ικανοποιούν τις συνθήκες βελτιστοποίησης (Karush-Kuhn-Tucker). Εάν σε κάθε βήμα υπάρχουν λιγότερα από  $P$  παραδείγματα που δεν ικανοποιούν τις συνθήκες KKT τότε προστίθενται όλα. Με τον τρόπο αυτό κάθε υποπρόβλημα αρχικοποιείται από τα αποτελέσματα του προηγούμενου υποπροβλήματος. Το μέγεθος του τετραγωνικού προβλήματος μπορεί να μεγαλώνει με τον χρόνο αλλά μπορεί και να μειωθεί. Στο τελευταίο βήμα όλοι οι μη-

μηδενικοί πολλαπλασιαστές Lagrange έχουν καταχωρηθεί και επιλύεται το μεγάλο τετραγωνικό πρόβλημα.

Ο αλγόριθμος Chunking μειώνει το μέγεθος του πίνακα από τον αριθμό των παραδειγμάτων εκπαίδευσης στο τετράγωνο, στον αριθμό των μη-μηδενικών πολλαπλασιαστών στο τετράγωνο. Ωστόσο το πρόβλημα που παρουσιάζουν εφαρμογές μεγάλης κλίμακας με πολλά δεδομένα εκπαίδευσης εξακολουθεί να ισχύει, γιατί ακόμη και ο μειωμένος πίνακας μπορεί να δημιουργήσει πρόβλημα χωρητικότητας μνήμης. Στην περίπτωση αυτή προτείνεται η εφαρμογή της λογικής του Chunking χρησιμοποιώντας τον αλγόριθμο PCG<sup>[5]</sup>

### **Sequential Minimal Optimization (SMO)**

Ο αλγόριθμος SMO είναι ένας απλός αλγόριθμος ο οποίος επιλύει γρήγορα το πρόβλημα (1.12) χωρίς να είναι απαραίτητη επιπλέον δέσμευση μνήμης και χωρίς να εμπλέκεται καμιά επαναληπτική ρουτίνα για την επίλυση κάθε υποπροβλήματος. Για την διάσπαση του προβλήματος σε υποπροβλήματα χρησιμοποιείται παρόμοια διάσπαση με αυτή του Osuna<sup>[6]</sup>. Σε αντίθεση με άλλες υπολογιστικές διαδικασίες ο αλγόριθμος SMO επιλέγει σε κάθε βήμα να επιλύει το μικρότερο δυνατό πρόβλημα βελτιστοποίησης<sup>[5]</sup>. Το γεγονός αυτό του δίνει τη δυνατότητα να βρει την λύση αναλυτικά, χρησιμοποιώντας λίγες γραμμές κώδικα από το να χρησιμοποιήσει ολόκληρη ρουτίνα επίλυσης του τετραγωνικού προβλήματος από κάποια βιβλιοθήκη.

Στο σημείο αυτό αξίζει να σημειωθεί ότι παρόλο τον μεγάλο αριθμό των υποπροβλημάτων, η επίλυση του κάθε ενός πραγματοποιείται τόσο γρήγορα που τελικά συντελεί και στην πολύ γρήγορη επίλυση ολόκληρου το τετραγωνικού προβλήματος. Επιπροσθέτως οι ανάγκες σε δέσμευση μνήμης δεν δημιουργούν κανένα πρόβλημα όποτε η επίλυση προβλημάτων ευρείας κλίμακας με πολλά δεδομένα εκπαίδευσης μπορεί να υλοποιηθεί ακόμη και σε έναν τυπικό προσωπικό ηλεκτρονικό υπολογιστή.

### **SVM<sup>light</sup>**

Το μέγεθος του προβλήματος μεγιστοποίησης (1.12) εξαρτάται από το πλήθος  $N$  των παραδειγμάτων εκπαίδευσης  $(x_i, y_i)$ . Έστω  $Q = YXX^T Y$ , προφανώς για ένα δείγμα εκπαίδευσης με 10000 παραδείγματα καθίσταται αδύνατη η συγκράτηση του πίνακα  $Q$  στην μνήμη. Μια εναλλακτική θα ήταν ο πίνακας  $Q$  να επανυπολογίζεται κάθε φορά

που είναι απαραίτητο. Το κόστος όμως για κάτι τέτοιο θα ήταν απαγορευτικό στις περιπτώσεις όπου ο πίνακας  $Q$  θα πρέπει να υπολογίζεται συχνά.

Η λύση που προτείνουν τα SVM<sup>light</sup> βασίζεται στην ιδέα της διάσπασης (decomposition) του προβλήματος. Η διάσπαση<sup>[6]</sup> που χρησιμοποιείται διαχωρίζει το πρόβλημα (1.12) σε ένα ανενεργό και ένα ενεργό μέρος το επονομαζόμενο “working set”. Καθένα μέρος στην ουσία αφορά σε ένα σύνολο μεταβλητών:

- Το σύνολο  $B$  των ελεύθερων μεταβλητών (working set)
- Το σύνολο  $Z$  των “σταθερών” μεταβλητών

Οι ελεύθερες μεταβλητές είναι εκείνες οι οποίες ανανεώνονται σε κάθε επανάληψη, ενώ οι σταθερές ρυθμίζονται προσωρινά σε κάποια συγκεκριμένη τιμή. Το working set έχει ένα σταθερό μέγεθος  $q$  πολύ μικρότερο του  $Z$ . Ο γενικός αλγόριθμος της διάσπασης λειτουργεί ως εξής:

■ Όσο παραβιάζονται οι συνθήκες βελτιστοποίησης (Kuhn-Tucker)

- ✓ επιλογή  $q$  μεταβλητών από το working set και ρύθμιση των υπολοίπων  $Z-q$  μεταβλητών στην τρέχουσα τιμή
- ✓ διάσπαση του (1.12) και επίλυση του υποπροβλήματος στο  $B$

■ Τερματισμός και επιστροφή του  $u$

Οι αλγόριθμοι που χρησιμοποιούν αυτή τη διάσπαση παρουσιάζουν το εξής πλεονέκτημα: η απαίτηση μνήμης είναι γραμμική τόσο ως προς τον αριθμό των παραδειγμάτων εκπαίδευσης, όσο και ως προς τον αριθμό των SV.<sup>[7]</sup>

### 1.3.3 Άλλες υπολογιστικές διαδικασίες

Κάποιες άλλες υπολογιστικές διαδικασίες οι οποίες βελτιώνουν τα τυπικά SVM και δεν βασίζονται στην λογική της διάσπασης του αρχικού τετραγωνικού προβλήματος, είναι τα Proximal Support Vector Machines και τα Reduced Support Vector Machines

#### **Proximal Support Vector Machines**

Μια άλλη διαδικασία είναι αυτή των Proximal Support Vector Machines (PSVM). Στην υπολογιστική αυτή διαδικασία αντί του προβλήματος (1.12) επιλύεται το παρακάτω πρόβλημα όπου πλέον ο περιορισμός ανισότητας έχει αντικατασταθεί από έναν περιορισμό ισότητας ενώ η αντικειμενική συνάρτηση εξαρτάται επιπλέον από το



τετράγωνο τόσο της σταθεράς  $b$  αλλά και από το τετράγωνο των μεταβλητών απόκλισης<sup>[8]</sup>:

$$\boxed{\begin{array}{l} \min \frac{1}{2}(w^T w + b^2) + \frac{1}{2} C d^T d \\ \text{υ.π} \\ Y(Xw - eb) + d = e \\ w \in \mathbb{R}^M, d \in \mathbb{R}^N, \gamma \in \mathbb{R} \end{array}} \quad (1.23)$$

Το μεγάλο πλεονέκτημα αυτής της υπολογιστικής διαδικασίας, έναντι των τυπικών SVM, είναι ότι περιέχει μόνο περιορισμούς ισότητας γεγονός που εξασφαλίζει την εύρεση της βέλτιστης λύσης απευθείας από το σύνολο των δεδομένων εκπαίδευσης χωρίς να είναι απαραίτητη η επίλυση ενός προβλήματος τετραγωνικού προγραμματισμού<sup>[4]</sup>.

### Reduced Support Vector Machines

Τα Reduced Support Vector Machines είναι άλλη μια υπολογιστική διαδικασία η οποία υπερέχει και αυτή των τυπικών SVM τόσο από άποψης μείωσης υπολογιστικού φόρτου αλλά και εξοικονόμησης μνήμης. Η χρήση των Kernels για την δημιουργία γραμμικών και μη-γραμμικών ταξινομητών στα τυπικά SVM παίζει ουσιαστικό ρόλο, όπως ήδη έχει αναφερθεί για την επίλυση προβλημάτων ταξινόμησης. Ωστόσο προβλήματα, με μεγάλο αριθμό δεδομένων, που χρησιμοποιούν μη-γραμμικά Kernel παρουσιάζουν τις εξής δυσκολίες:

- Το μέγεθος του προς επίλυση προβλήματος καθώς και τον χρόνο επίλυσης, ακόμη και για μεσαίου μεγέθους συνόλων δεδομένων
- Η εξάρτηση της μη-γραμμικής επιφάνειας διαχωρισμού πάνω σε όλο το σύνολο των δεδομένων η οποία δημιουργεί δυσεπίλυτα προβλήματα δέσμευσης μνήμης.

Τα RSVM βασίζονται στην διατύπωση (1.23) κύριο χαρακτηριστικό της οποίας είναι η ευστάθεια των αποτελεσμάτων που αποδίδει σε μεταβολές των δεδομένων που χρησιμοποιούνται. Αξιοποιώντας το στοιχείο αυτό στα RSVM χρησιμοποιείται ένα τυχαίο δείγμα  $\bar{X}$  του συνόλου των δεδομένων  $X$  (συνήθως το 10% του συνόλου), για τον προσδιορισμό της μη-γραμμικής διαχωριστικής επιφάνειας. Ουσιαστικά το ελαττωμένο δείγμα  $\bar{X}$  μαθαίνει από το  $X$  διαμορφώνοντας τον κατάλληλο πυρήνα  $K(\bar{X}, \bar{X}^T)$

Σε αριθμητικά παραδείγματα που πραγματοποιηθήκαν φαίνεται τα RSVM να δίνουν καλύτερα αποτελέσματα ταξινόμησης από όταν χρησιμοποιείται ολόκληρο το σύνολο των δεδομένων. Αυτό μπορεί να οφείλεται στην μείωση της πιθανότητας εμφάνισης του προβλήματος του overfitting. Επιπλέον το ότι η επιλογή του 10% από το συνολικό δείγμα γίνεται τυχαία δεν επηρεάζει καθόλου την ορθότητα των αποτελεσμάτων της ταξινόμησης (test) . Με άλλα λόγια όποιο κομμάτι και εάν επιλεγεί θα οδηγήσει σε παρόμοια αποτελέσματα. Κάτι τέτοιο δεν θα σύμβαινε στα τυπικά SVM όπου αποδεικνύεται ότι υπάρχουν βέβαιες αποκλίσεις πολύ μεγαλύτερες από εκείνες στα RSVM.<sup>[9]</sup>

# ΚΕΦΑΛΑΙΟ 2

## ΠΡΟΣΘΕΤΙΚΕΣ ΜΗΧΑΝΕΣ ΔΙΑΝΥΣΜΑΤΩΝ ΥΠΟΣΤΗΡΙΞΗΣ

### 2.1 ΕΙΣΑΓΩΓΗ

Οι μηχανές διανυσμάτων υποστήριξης μπορούν να χρησιμοποιούν γραμμικά αλλά και μη γραμμικά μοντέλα. Ένα γραμμικό μοντέλο είναι απλό και καθιστά πιο εύκολη την ανάλυση των αποτελεσμάτων, ωστόσο, για την λεπτομερή προσέγγιση ενός καθημερινού προβλήματος που συνήθως είναι πιο πολύπλοκο, είναι αναγκαία η χρήση ενός μη- γραμμικού μοντέλου. Στα μη-γραμμικά μοντέλα ο υπολογιστικός φόρτος είναι μεγάλος, και επιπλέον το εξαγόμενο αποτέλεσμα δεν μπορεί να αναλυθεί ώστε να εντοπιστούν και να απομονωθούν οι σημαντικότερες για την ανάλυση παράμετροι.

Η αντιμετώπιση των παραπάνω θεμάτων μπορεί να γίνει μέσω της ανάπτυξης προσθετικών μοντέλων. Τα προσθετικά μοντέλα συνδυάζουν τη μη γραμμική συμπεριφορά με τη δυνατότητα ερμηνείας των αποτελεσμάτων τους.

### 2.2 ΠΡΟΣΘΕΤΙΚΑ ΜΟΝΤΕΛΑ

Τα μοντέλα παλινδρόμησης παίζουν σημαντικό ρόλο σε πολλές εφαρμογές παρέχοντας την ικανότητα πρόβλεψης, κανόνες ταξινόμησης, καθώς επίσης πολλά αναλυτικά εργαλεία για την κατανόηση της αλληλεπιδραστικής σχέσης που παρουσιάζουν διάφορες μεταβλητές. Βασικός στόχος είναι η μοντελοποίηση της σχέσης ανάμεσα στην εξαρτημένη μεταβλητή  $y$  και τις ανεξάρτητες μεταβλητές  $x$ . Η μοντελοποίηση αυτή είναι πολύ χρήσιμη στην επίλυση τριών σημαντικών προβλημάτων. Το πρώτο αφορά στην περιγραφή. Όταν δηλαδή ένα μοντέλο

παλινδρόμησης χρησιμοποιείται για να περιγράψει την εξάρτηση της εξόδου του από τους εκτιμητές της, προκειμένου να εξαχθούν χρήσιμα συμπεράσματα για την διαδικασία με την οποία παράγεται η έξοδος. Ένα άλλο συνηθισμένο πρόβλημα έχει να κάνει με τον προσδιορισμό της συνεισφοράς κάθε μιας από τις ανεξάρτητες μεταβλητές στην μεταβλητή  $y$ . Τέλος υπάρχει το πρόβλημα της πρόβλεψης, δηλαδή όταν επιθυμείται ο προσδιορισμός της τιμής της εξαρτημένης μεταβλητής  $y$  για ένα νέο σύνολο δεδομένων χρησιμοποιώντας παλιότερα δεδομένα.

Για την επίτευξη των παραπάνω στόχων ένα διαδομένο μοντέλο που χρησιμοποιείται, είναι το μοντέλο της Πολλαπλής Γραμμικής Παλινδρόμησης.

$$Y = a + X_1\beta_1 + \dots + X_M\beta_M + \varepsilon \quad (2.1)$$

όπου  $\varepsilon$  είναι όρος σφάλματος με μέση τιμή μηδέν και διακύμανση  $\sigma^2$ .

Το μοντέλο αυτό μπορεί να εξάγει σωστά συμπεράσματα για την αλληλεπίδραση ανάμεσα στη μέση τιμή της εξόδου και των εκτιμητών εξαιτίας της γραμμικής τους σχέσης. Γενικότερα ένα μοντέλο Πολλαπλής Γραμμικής Παλινδρόμησης είναι πολύ χρήσιμο και πρόσφορο για τους εξής λόγους:

- περιγράφει με απλό τρόπο τα δεδομένα
- συνοψίζει την συνεισφορά καθενός από τους εκτιμητές σε έναν μοναδικό συντελεστή
- παρέχει την δυνατότητα πρόβλεψης για νέες παρατηρήσεις

Η γενική μορφή ενός προσθετικού μοντέλο προκύπτει από τη σχέση (2.1) εάν κάθε γραμμικός όρος αντικατασταθεί από έναν πιο γενικό όρο

$$Y = a + \sum_{j=1}^M f_j(X_j) + \varepsilon \quad (2.2)$$

Ένα συνηθισμένο στατιστικό μοντέλο που χρησιμοποιείται για δυαδικά δεδομένα είναι το μοντέλο λογιστικής παλινδρόμησης, όπου ο μέσος όρος της δυαδικής εξόδου  $\mu = P(y = 1)$  σχετίζεται με τους εκτιμητές της μεταβλητής  $x$  μέσω της σχέσης:

$$\log \left[ \frac{\mu}{1 - \mu} \right] = \alpha + \beta_1 x_1 + \dots + \beta_M x_M \quad (2.3)$$

Στο αντίστοιχο προσθετικό μοντέλο λογιστικής παλινδρόμησης κάθε γραμμικός όρος αντικαθίσταται από ένα πιο γενικό όρο, όπως φαίνεται στην παρακάτω σχέση:

$$\log \left[ \frac{\mu}{1-\mu} \right] = \alpha + f_1(x_1) + \dots + f_M(x_M) \quad (2.4)$$

όπου  $f$  είναι μια ομαλή μη-προσδιορισμένη συνάρτηση της ανεξάρτητης μεταβλητής  $x$ .

Το προσθετικό μοντέλο λογιστικής παλινδρόμησης είναι ένα παράδειγμα των γενικευμένων προσθετικών μοντέλων. Γενικά ο μέσος όρος  $\mu$  της εξόδου  $y$  σχετίζεται με μια προσθετική συνάρτηση των εκτιμητών της μέσω μια συνδετικής συνάρτησης  $g$ :

$$g(\mu) = \alpha + f_1(x_1) + \dots + f_M(x_M) \quad (2.5)$$

Άλλες κλασσικές συνδετικές συναρτήσεις  $g$  και τα αντίστοιχα προσθετικά μοντέλα είναι τα εξής:

- $g(\mu) = \mu = \sum_j f_j(x_j)$ , η προσθετική προσέγγιση του κλασσικού γραμμικού μοντέλου
- $g(\mu) = \log(\mu) = \sum_j f_j(x_j)$ , ένα λογιστικό προσθετικό μοντέλο για δεδομένα που ακολουθούν κατανομή Poisson

Τα τρία παραπάνω παραδείγματα ανήκουν στην οικογένεια των γενικευμένων γραμμικών μοντέλων<sup>[10]</sup> και κατ' επέκταση αποτελούν τα Γενικευμένα Προσθετικά Μοντέλα.

Οι συναρτήσεις  $f_j$  μπορούν να εκτιμηθούν χρησιμοποιώντας τεχνικές εξομάλυνσης των δεδομένων, π.χ. splines. Οι εκτιμώμενες συναρτήσεις  $\hat{f}_j(x_j)$  μπορούν να είναι γραμμικές αλλά και μη-γραμμικές, γεγονός που δηλώνει μη-γραμμική επίδραση των  $x_j$ . Στην περίπτωση ειδικά όπου κάποιες από τις ανεξάρτητες μεταβλητές είναι μη-ποσοτικές είναι αναγκαία η δημιουργία μοντέλων όπου θα συνδυάζονται γραμμικοί, μη-γραμμικοί και παραμετρικοί όροι.<sup>[11]</sup> Ενδεικτικά αναφέρονται τρεις γενικές περιπτώσεις τέτοιων μοντέλων:

- $g(\mu) = X' \beta + a_k + f(z)$

ένα ημι-παραμετρικό μοντέλο, όπου  $X$  είναι το διάνυσμα των γραμμικών εκτιμητών,  $\alpha_k$  επίδραση του  $k$ -οστής τιμής των μη-ποσοτικών μεταβλητών και  $f(z)$  η μη παραμετρική επίδραση των μη-γραμμικών εκτιμητών  $z$ .

- $g(\mu) = f(x) + g_k(z)$

όπου με  $k$  συμβολίζεται κάποια τιμή μιας μη-ποσοτικής μεταβλητής, ενώ με  $g_k(z)$  δηλώνεται η αλληλεπίδραση που μπορεί να έχει η τιμή αυτή με κάποια από τις μεταβλητές  $z$

- $g(\mu) = f(x) + g(z, w)$

όπου η  $g$  μια μη-παραμετρική συνάρτηση που υποδηλώνει τη σχέση ανάμεσα σε δύο μεταβλητές

Μερικά άλλα παραδείγματα όπου τα προσθετικά μοντέλα μπορούν να αντικαταστήσουν τους γραμμικούς όρους ανάλογα με τις απαιτήσεις της εφαρμογής φαίνονται παρακάτω:

- Μοντέλα μετασχηματισμού-αλγόριθμος ACE:

$$g(Y) = a + f_1(x_1) + f_2(x_2) + \dots + f_M(x_M) + \varepsilon$$

- Μοντέλα επιβίωσης

$$\lambda(x, t) = \lambda_0(t) e^{f_1(x_1) + f_2(x_2) + \dots + f_M(x_M)}$$

- Προσθετική διάσπαση χρονοσειρών με τάση και εποχικότητα:

$$Y_t = S_t + T_t + \varepsilon_t$$

- Μοντέλα μεταβαλλόμενων συντελεστών:

$$\eta(x, t) = a(t) + x_1\beta_1(t) + x_2\beta_2(t) + \dots + x_M\beta_M(t)$$

όπου το μοντέλο είναι γραμμικό αλλά οι συντελεστές  $\beta$  μεταβάλλονται με το χρόνο  $t$ .

Τα προσθετικά μοντέλα σαν γενίκευση των γραμμικών διατηρούν το μεγάλο πλεονέκτημα αυτών, την προσθετικότητα, οπότε μπορούν και να αναλυθούν πολύ εύκολα, αλλά παρουσιάζουν ένα επιπλέον πλεονέκτημα, αυτό της ευελιξίας, εξαιτίας της μη-παραμετρικής μορφής των συναρτήσεων  $f$ .

## 2.3 ΒΙΒΛΙΟΓΡΑΦΙΚΗ ΑΝΑΣΚΟΠΗΣΗ

Δοθέντων κάποιων δεδομένων παλινδρόμησης  $(y_n, \bar{x}_n)$ , με  $n=1, \dots, N$  και  $\bar{x}_n = x_{n1}, \dots, x_{nM}$ , το προσθετικό μοντέλο που περιγράφει τα δεδομένα θα είναι της μορφής:

$$y = \sum_{m=1}^M \phi_m(x_m) \quad (2.6)$$

όπου  $\phi_m$  είναι ένα σύνολο ομαλών συναρτήσεων.

Στην περίπτωση που το διάνυσμα  $\bar{x}$  είναι μονοδιάστατο, τότε πρόκειται για ένα πρόβλημα μονοδιάστατης παλινδρόμησης, για το οποίο έχουν προηγηθεί πολλές δημοσιεύσεις και για το οποίο υπάρχει εκτενής βιβλιογραφική αναφορά. Ωστόσο στην περίπτωση όπου το  $\bar{x}$  είναι πολυδιάστατο, η βιβλιογραφία για την προσέγγιση τέτοιου τύπου δεδομένων με προσθετικά μοντέλα, είναι πολύ πιο περιορισμένη. Μια γενική μέθοδος αναπτύχθηκε αρχικά από τους Breiman και Friedman<sup>[12]</sup> αναπτύσσοντας τον αλγόριθμο ACE. Ακολούθησαν ο Stone<sup>[13]</sup>, οι Stone και Koo<sup>[14]</sup>, καθώς και οι Hastie και Tibshirani<sup>[15],[16]</sup> με γενικευμένα προσθετικά μοντέλα. Οι Buja et al.<sup>[17]</sup>, ασχολήθηκαν με τη δομή και τη σύγκλιση ενός επαναληπτικού “backfitting” αλγορίθμου που χρησιμοποιείται στον ACE, ενώ ο Tibshirani<sup>[18]</sup> ανέπτυξε έναν αλγόριθμο σαν τον ACE ο οποίος βασίζεται στην διακύμανση της σταθερότητας των κριτηρίων. Στην συνέχεια οι Friedman και Silverman<sup>[19]</sup> ανέπτυξαν μια νέα μέθοδο ονομαζόμενη TURBO ενώ αναφορά στην εναλλακτική μέθοδο που ανέπτυξε ο Hastie, η οποία βασιζόταν στον αλγόριθμο ACE, γίνεται στο βιβλίο των Hastie και Tibshirani<sup>[20]</sup>. Από την ανάπτυξη του αλγορίθμου ACE και μετά από την εκτενή του χρήση προέκυψαν κάποια προβλήματα και ελλείψεις, όπως στις περιπτώσεις όπου το πλήθος των δεδομένων είναι μικρό ( $\leq 100$ ), τα αποτελέσματα μπορούν να εμφανίσουν θόρυβο γεγονός που καθιστά δύσκολη την ανάλυση τους και την εξαγωγή συμπερασμάτων. Μια μέθοδος η οποία αντιμετώπισε αυτά τα προβλήματα αναπτύχθηκε από τον Breiman<sup>[21]</sup> και αφορούσε στην προσαρμογή των προσθετικών μοντέλων σε πολυδιάστατα δεδομένα παλινδρόμησης. Οι Kooperberg, Stone και Truong<sup>[22]</sup> περιγράφουν μια διαφορετική μέθοδο προσεγγίζοντας τις συναρτήσεις παλινδρόμησης με splines χρησιμοποιώντας καθορισμένους κόμβους. Οι Green και Silverman<sup>[23]</sup> μελετούν την επιβολή όρων τιμωρίας, καθώς και τη χρήση splines σε επικείμενες μεταβολές των

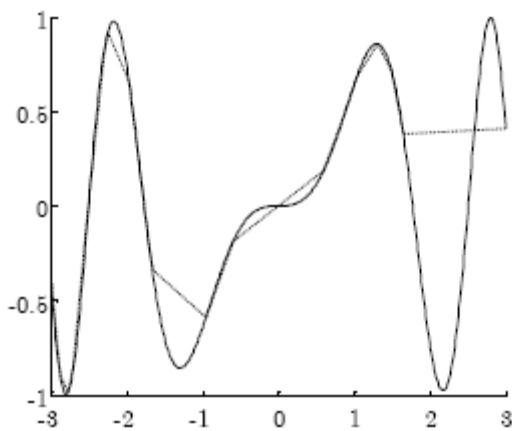
ρυθμίσεων του μοντέλου, ενώ οι Hastie και Tibshirani<sup>[24]</sup> προτείνουν το *varying coefficient* μοντέλο, στο οποίο η επίδραση των παραμέτρων εξαρτάται από παράγοντες όπως αυτόν του χρόνου.

## 2.4 ΜΕΘΟΔΟΛΟΓΙΑ ΑΝΑΠΤΥΞΗΣ ΠΡΟΣΘΕΤΙΚΩΝ ΜΗΧΑΝΩΝ ΔΙΑΝΥΣΜΑΤΩΝ ΥΠΟΣΤΗΡΙΞΗΣ (ASVM)

Ένα μοντέλο Προσθετικών Μηχανών Διανυσμάτων Υποστήριξης (Additive Support Vector Machines) περιγράφεται από την σχέση:

$$f(x) = \sum_{j=1}^M f_j(x_j) - b \quad (2.7)$$

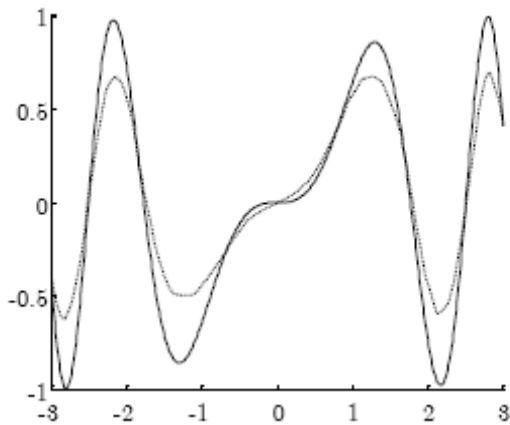
Στόχος της προτεινόμενης μεθοδολογίας είναι να γίνεται ο προσδιορισμός των συναρτήσεων  $f$  από τα δεδομένα εκπαίδευσης. Αυτό μπορεί να επιτευχθεί χρησιμοποιώντας το γεγονός ότι κάθε πραγματική συνάρτηση μπορεί να προσεγγιστεί από έναν μεγάλο αριθμό γραμμικών τμημάτων. Για παράδειγμα, έστω η συνάρτηση  $f(x) = \sin(x^2) \tanh(x)$ , με το  $x \in [-3, 3]$ . Στο Σχήμα 2.1 φαίνεται η προσέγγιση της συνάρτησης αυτής από 21 γραμμικά τμήματα, τα οποία καθορίζονται από 22 κόμβους, οι οποίοι επιλεχθήκαν τυχαία μέσα στο διάστημα  $[-3, 3]$ .



Σχήμα 2.1: Γραμμική κατά τμήματα προσέγγιση



Προφανώς, η προσέγγιση αυτή δεν είχε σαν αποτέλεσμα μια ομαλή συνάρτηση. Στη συνέχεια επαναλαμβάνεται η ίδια διαδικασία 10 φορές, κάθε φορά με διαφορετική επιλογή των 22 κόμβων μέσα στο διάστημα  $[-3, 3]$ . Το Σχήμα 2.2 δείχνει το μέσο όρο των 10 προσεγγίσεων, όπως αυτές προέκυψαν σε κάθε επανάληψη. Η προσέγγιση αυτή οδηγεί σε μια ομαλή συνάρτηση με καλύτερη προσαρμογή στα δεδομένα εισόδου και ευστάθεια στην επιλογή των κόμβων.



**Σχήμα 2.2:** Επαναληπτική γραμμική κατά τμήματα προσέγγιση

Σε αυτή τη διαδικασία της γραμμικής κατά τμήματα προσέγγισης εξετάζονται δύο παράμετροι: η *πολυπλοκότητα* της προσεγγιστικής συνάρτησης καθώς και το πόσο *ομαλή* αυτή είναι. Το πόσο πολύπλοκη θα είναι η προσεγγιστική συνάρτηση εξαρτάται από τον αριθμό των κόμβων μέσα στο εκάστοτε διάστημα τιμών των  $x$ , ενώ το πόσο ομαλή καθορίζεται από τον αριθμό των επαναλήψεων.

Η παραπάνω επαναληπτική διαδικασία όπου σε κάθε επανάληψη επιλέγονται τυχαία  $k$  κόμβοι μέσα σε ένα προκαθορισμένο διάστημα και στο τέλος προκύπτει μια κατά μέσο όρο προσεγγιστική συνάρτηση, αποτελεί τη βάση της ανάπτυξης του προσθετικού SVM μοντέλου όπως αυτό περιγράφεται από τη σχέση (2.7). Η εφαρμογή της παραπάνω διαδικασίας απαιτεί την κωδικοποίηση των μεταβλητών  $x_j$ , ώστε να παραχθούν οι αντίστοιχες συναρτήσεις  $f_j(x_j)$ .

Η κωδικοποίηση των ανεξάρτητων μεταβλητών  $x_j$  βασίζεται στον ορισμό  $k_j$  το πλήθος κόμβων, τέτοιων ώστε :  $n_1^j < n_2^j < \dots < n_{k_j}^j$ , όπου  $n_1^j = \min_{x_i \in T} \{x_{ij}\}$  και

$n_{k_j}^j = \max_{x_i \in T} \{x_{ij}\}$ , όπου  $T = \{x_i, y_i\}$  το δείγμα εκπαίδευσης. Για κάθε έναν από αυτούς τους κόμβους ορίζεται μια νέα μεταβλητή  $\bar{x}_t^j$  ως εξής:

$$\bar{x}_t^j = \begin{cases} \frac{n_{t+1}^j - x_{ij}}{n_{t+1}^j - n_t^j}, & \forall x_{ij} \in [n_t^j, n_{t+1}^j] \\ 0 & , \text{ αλλιώς} \end{cases} \quad t = 1, \dots, k_j - 1$$

$$\bar{x}_{t+1}^j = \begin{cases} 1 - \bar{x}_t^j, & \forall x_{ij} \in [n_t^j, n_{t+1}^j] \\ 0 & , \text{ αλλιώς} \end{cases} \quad t = 1, \dots, k_j - 1$$

Αυτή η κωδικοποίηση οδηγεί σε μια γραμμική κατά  $k_j - 1$  τμήματα προσεγγιστική συνάρτηση της συνάρτησης συνεισφοράς  $f_j(x_j)$ , ως εξής:

$$f_j(x_j) = \sum_{t=1}^{k_j} f_j(n_t^j) \bar{x}_t^j = \sum_{t=1}^{k_j} w_t^j \bar{x}_t^j \quad (2.8)$$

όπου  $w_t^j = f_j(n_t^j)$  είναι άγνωστες παράμετροι οι οποίες πρέπει να εκτιμηθούν. Εάν συμβολιστεί με  $\bar{x}$  το διάνυσμα των νέων συνεισφορών  $\bar{x}_t^j$ , τότε το προσθετικό SVM μοντέλο (2.7) μπορεί να γραφτεί ως εξής:

$$f(x) = w\bar{x} - b \quad (2.9)$$

Η εκτίμηση των  $w$  και  $b$  μπορεί εύκολα να πραγματοποιηθεί χρησιμοποιώντας κατάλληλο αλγόριθμο εκπαίδευσης γραμμικών μηχανών διανυσμάτων υποστήριξης. Στην συγκεκριμένη μελέτη χρησιμοποιήθηκε ο αλγόριθμος PSVM Όπως έχει ήδη αναφερθεί η καταλληλότητα της προσεγγιστικής συνάρτησης εξαρτάται από την επιλογή των κόμβων ,ενώ για να εξασφαλιστεί ότι η συνάρτηση αυτή θα είναι ομαλή η απαιτείται επανάληψη της όλης διαδικασίας για R γύρους όποτε και εξάγεται τελικά ο μέσος όρος των αποτελεσμάτων. Η επαναληπτική διαδικασία έχει ως εξής:

1) Για κάθε μεταβλητή  $x_j$  ορίζονται  $R$  αλληλουχίες κόμβων  $n_1^j(r) < n_2^j(r) < \dots < n_{k_j}^j(r)$ ,  $r = 1, 2, \dots, R$  με  $n_1^j(r) = \min_{x_i \in T} \{x_{ij}\}$  και  $n_{k_j}^j(r) = \max_{x_i \in T} \{x_{ij}\}$ .

2) Για κάθε επανάληψη  $r = 1, 2, \dots, R$  υλοποιούνται τα παρακάτω βήματα:

a) Διαμορφώνεται ο πίνακας  $\bar{\mathbf{X}}_r$  με τα κωδικοποιημένα δεδομένα εκπαίδευσης χρησιμοποιώντας τους κόμβους:

$$n_1^j(r) < n_2^j(r) < \dots < n_{k_j}^j(r), \quad j = 1, \dots, M$$

b) Χρησιμοποιείται ένας αλγόριθμος SVM για την κατασκευή ενός γραμμικού μοντέλου βάσει των  $\bar{\mathbf{X}}_r$ , θεωρώντας τα  $\mathbf{w}_r$  και  $b_r$  τις προς εκτίμηση παραμέτρους του μοντέλου.

c) Οι τμηματικές συναρτήσεις  $f_j^r$ , ( $j = 1, \dots, M$ ), που ορίζονται από το διάνυσμα  $\mathbf{w}_r$  χρησιμοποιούνται για την εκτίμηση των  $f_j^r(n_t^j(p))$ , όπως περιγράφονται στη σχέση (2.8) για όλα τα  $j = 1, \dots, M$ ,  $t = 1, \dots, k_j$   $p = 1, \dots, R$

3) Κατασκευή των ομαλών συναρτήσεων συνεισφοράς  $f_j$  χρησιμοποιώντας τον μέσο όρο:

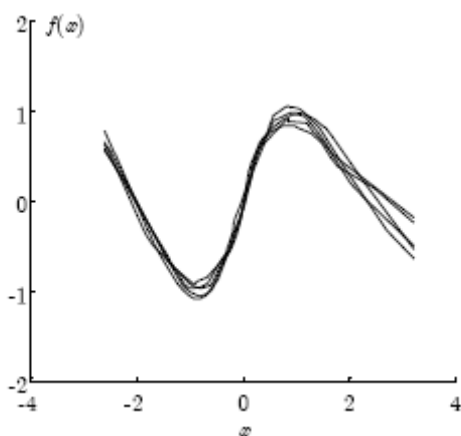
$$f_j(n_t^j(p)) = \frac{1}{R} \sum_{r=1}^R f_j^r(n_t^j(p)) \quad (2.10)$$

4) Για κάθε μεταβλητή  $x_j$  γίνεται προσαρμογή μιας ομαλής spline πάνω στις παρατηρήσεις  $(n_t^j(p), f_j(n_t^j(p)))$ . Η spline που αναπτύσσεται αποτελεί την τελική συνάρτηση συνεισφοράς  $f_j$ .

Η χρήση των splines στο τέταρτο βήμα, δίνει τη δυνατότητα στη παραπάνω μεθοδολογία να εφαρμόσει το προσθετικό SVM μοντέλο επιτυχώς και σε νέα δεδομένα εισόδου εκτός του διαστήματος ορισμού των συναρτήσεων αναφοράς  $[\min_{x_i \in T} \{x_{ij}\}, \max_{x_i \in T} \{x_{ij}\}]$ . Ουσιαστικά στο τέταρτο βήμα εφαρμόζεται μια ομαλή spline στα αποτελέσματα του τρίτου βήματος. Θεωρώντας έναν επαρκή αριθμό επαναλήψεων, οι παρατηρήσεις που χρησιμοποιούνται για την εφαρμογή της spline,

σχηματίζουν μια ομαλή συνάρτηση της οποίας οι παράμετροι, όπως ο αριθμός των κόμβων και οι παράμετροι εξομάλυνσης, δεν επηρεάζουν τα αποτελέσματα. Με τον τρόπο αυτό γενικεύεται η χρήση του μοντέλου για οποιοδήποτε διάνυσμα  $\mathbf{x}$ .

Όπως έχει ήδη αναφερθεί ο τρόπος με τον οποίο θα γίνει η επιλογή των κόμβων παίζει σημαντικό ρόλο στην εφαρμογή της παραπάνω μεθοδολογίας ανάπτυξης προσθετικών μηχανών διανυσμάτων απόφασης. Ένας τρόπος είναι να γίνει η επιλογή αυτή τυχαία. Σε αυτή την περίπτωση, εξαιτίας του στοχαστικού της χαρακτήρα, ο κίνδυνος εμφάνισης διαφορετικών αποτελεσμάτων όταν η διαδικασία εφαρμόζεται στα ίδια δεδομένα παραπάνω από μια φορά είναι πολύ πιθανός. Στο Σχήμα 2.3 εμφανίζονται τα αποτελέσματα πέντε διαφορετικών εφαρμογών, με 1000 παρατηρήσεις που ακολουθούν κανονική κατανομή σε μονοδιάστατα δεδομένα και στο οποίο το πλήθος των κόμβων είναι 5 και ο αριθμός των επαναλήψεων 20.



**Σχήμα 2.3:** Η επίδραση τυχαίας επιλογής κόμβων

Οι διακυμάνσεις ανάμεσα στις συναρτήσεις είναι εμφανείς, ενώ οι περισσότερες από αυτές δεν είναι αρκετά ομαλές, γεγονός που επιβάλει την αύξηση του αριθμού των επαναλήψεων. Ένας τρόπος για να ξεπεραστούν τα προβλήματα που δημιουργούνται με την τυχαία επιλογή των κόμβων σε κάθε επανάληψη, είναι να πραγματοποιείται ο ορισμός των κόμβων ως εξής:

$$n_1^j(r) = \min_{x_i \in T} \{x_{ij}\} \quad \text{και} \quad n_{k_j}^j(r) = \max_{x_i \in T} \{x_{ij}\}$$

$$n_t^j(r) = L \left( x_j, \frac{100}{k_j - 2} (t - 2) + \frac{100}{(k_j - 2)} (R + 1) \right), \quad t = 2, \dots, k_j - 2$$

όπου η  $L(x_j, \alpha)$  υποδηλώνει το  $\alpha\%$  εκατοστημόριο (percentile) των διακριτών τιμών της ανεξάρτητης μεταβλητής  $x_j$ .

## 2.5 ΣΥΓΚΡΙΤΙΚΑ ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ

Προκειμένου να εξεταστεί η αποτελεσματικότητα της μεθοδολογίας ανάπτυξης των προσθετικών διανυσμάτων υποστήριξης αποφάσεων (ASVM) σε σχέση με άλλες γνωστές μεθοδολογίες χρησιμοποιήθηκαν τα παρακάτω σύνολα δεδομένων (benchmarks) τα οποία είναι διαθέσιμα στο UCI Machine Learning Repository ([www.ics.uci.edu/~mlern/MLRepository.html](http://www.ics.uci.edu/~mlern/MLRepository.html)):

- **Australian Credit Approval**

Αυτό το σύνολο δεδομένων παρουσιάζει ερευνητικό ενδιαφέρον γιατί συνδυάζει τόσο συνεχείς μεταβλητές όσο και κατηγορικές με μικρό και μεγάλο πλήθος κατηγοριών αλλά και αρκετές ελλειπείς τιμές. Αποτελείται από 690 εγγραφές και 14 ανεξάρτητες μεταβλητές εκ των οποίων οι 6 είναι συνεχείς και οι 8 κατηγορικές.

- **Wisconsin Diagnostic Breast Cancer (WDBC)**

Αυτό το σύνολο δεδομένων αποτελείται από 569 εγγραφές και 32 μεταβλητές εκ των οποίων 30 αφορούν σε μετρήσεις που ανήκουν στο σύνολο των πραγματικών αριθμών, μία μεταβλητή με τον αναγνωριστικό αριθμό ασθενούς και τέλος η μεταβλητή που αφορά στην διάγνωση. Ελλειπείς τιμές δεν υπάρχουν.

- **German Credit data**

Αυτό το σύνολο δεδομένων αποτελείται από 20 ανεξάρτητες μεταβλητές εκ των οποίων οι 7 είναι ποσοτικές και οι 13 κατηγορικές άλλες με μικρό (2) και άλλες με μεγάλο (10) πλήθος κατηγοριών.

- **Heart disease**

Αυτό το σύνολο δεδομένων περιέχει 270 εγγραφές και 13 ανεξάρτητες μεταβλητές εκ των οποίων 6 είναι πραγματικές 3 δυαδικές, 3 κατηγορικές και μία διατεταγμένη. Ελλιπείς τιμές δεν υπάρχουν.

- **Hepatitis Domain**

Αυτό το σύνολο δεδομένων αποτελείται από 155 εγγραφές και 20 μεταβλητές συμπεριλαμβανομένης της εξαρτημένης μεταβλητής εκ των οποίων οι 13 είναι δυαδικές. Υπάρχουν 169 ελλιπείς τιμές

- **Johns Hopkins University Ionosphere database**

Αυτό το σύνολο δεδομένων αποτελείται από 351 εγγραφές 34 συνεχείς ανεξάρτητες μεταβλητές και την εξαρτημένη μεταβλητή. Ελλιπείς τιμές δεν υπάρχουν.

- **BUPA liver disorders**

Αυτό το σύνολο δεδομένων αποτελείται από 345 εγγραφές και 7 ανεξάρτητες μεταβλητές. Ελλιπείς τιμές δεν υπάρχουν.

- **Pima Indians Diabetes Database**

Αυτό το σύνολο δεδομένων αποτελείται από 768 εγγραφές και 8 ανεξάρτητες ποσοτικές μεταβλητές. Ελλιπείς τιμές δεν υπάρχουν.

- **Spambase**

Αυτό το σύνολο δεδομένων αποτελείται από 4601 εγγραφές και 57 συνεχείς ανεξάρτητες μεταβλητές Ελλιπείς τιμές δεν υπάρχουν.

- **Thyroid disease**

Αυτό το σύνολο δεδομένων αποτελείται από 2800 εγγραφές και 26 ανεξάρτητες μεταβλητές εκ των οποίων οι 7 είναι συνεχείς και οι υπόλοιπες δυαδικές. Ελλιπείς τιμές δεν υπάρχουν.

Σε κάθε ένα από τα παραπάνω δέκα σύνολα δεδομένων εφαρμόστηκαν οι υπολογιστικές διαδικασίες των Proximal Support Vector Machines, των SVM<sup>light</sup> καθώς και η μεθοδολογία των Προσθετικών μηχανών διανυσμάτων εκπαίδευσης (ASVM), χρησιμοποιώντας τους αντίστοιχους αλγόριθμους σε περιβάλλον της Matlab 7. Για την εξαγωγή πιο ασφαλών συμπερασμάτων όσον αφορά στη σύγκριση των μεθοδολογιών, σε κάθε σύνολο δεδομένων εφαρμόστηκε η διαδικασία του 10-fold cross validation. Στη διαδικασία αυτή ένα σύνολο δεδομένων  $T$  διασπάται (τυχαία) σε 10 αμοιβαίως αποκλειόμενα μέρη  $T_1, T_2, \dots, T_{10}$ , τα οποία είναι περίπου του ίδιου μεγέθους. Στη συνέχεια κάθε μέθοδος εφαρμόζεται 10 φορές, χρησιμοποιώντας σε κάθε επανάληψη  $t$  ως δείγμα εκπαίδευσης το σύνολο των δεδομένων  $T - T_t$ . Το κάθε μοντέλο που αναπτύσσεται, αξιολογείται στα δεδομένα του συνόλου  $T_t$  ως προς την ικανότητα γενίκευσης που διαθέτει. Η ικανότητα γενίκευσης μετράται από τη συνολική ακρίβεια, από τη μέση ακρίβεια και τον δείκτη Gini<sup>[25], [26], [27]</sup> Συγκεντρωτικά αποτελέσματα (μέσες τιμές των δέκα επαναλήψεων) περιγράφονται στους πίνακες παρακάτω.

Αναλυτικότερα στον Πίνακα 2.1 εμφανίζονται τα αποτελέσματα ως προς την ικανότητα γενίκευσης των τριών μοντέλων βάσει του δείκτη Gini στο δείγμα ελέγχου (test). Τόσο για τα PSVM όσο και για τα SVM<sup>light</sup> εξετάζεται η ικανότητα γενίκευσης αφενός εάν χρησιμοποιηθεί κάποιος γραμμικός ταξινομητής και αφετέρου εάν χρησιμοποιηθεί κάποιος πυρήνας RBF. Στην περίπτωση χρήσης πυρήνα RBF εξετάζονται για την παράμετρο  $\sigma$  οι τιμές 0.01, 0.05 και 0.1. Για τα ASVM εξετάζονται δύο περιπτώσεις: α) χρήση τριών κόμβων για την κατασκευή της τμηματικής συνάρτησης και β) χρήση τεσσάρων κόμβων για την κατασκευή της τμηματικής συνάρτησης. Η τελευταία γραμμή του Πίνακα 2.1 αφορά στο μέσο όρο των δέκα συνόλων δεδομένων.

Ενδεικτικά για τα benchmarks Ionosphere και Liver-disorders όπως προκύπτει από τον Πίνακα 2.1, ο δείκτης Gini για τα προσθετικά μοντέλα συγκριτικά με τα γραμμικά PSVM εμφανίζει αύξηση της τάξης του 11% και 35% αντίστοιχα, καθώς για το benchmark Ionosphere η τιμή του δείκτη Gini αυξάνεται από 0,806 στα γραμμικά PSVM σε 0,896 στα ASVM, ενώ για το σύνολο δεδομένων Liver-disorders παρατηρείται αύξηση της τιμής του δείκτη Gini από 0,423 στα γραμμικά PSVM σε 0,57 στα ASVM. Επιπλέον κατά την σύγκριση των προσθετικών μοντέλων με τα γραμμικά SVM<sup>light</sup> προκύπτουν ακόμη μεγαλύτερες ποσοστιαίες μεταβολές της τάξης του 25% και

31% αντίστοιχα για τα προαναφερόμενα σύνολα δεδομένων, καθώς ο δείκτης Gini αυξάνεται από 0,715 σε 0,896 όσον αφορά στο σύνολο δεδομένων Ionosphere και από 0,435 σε 0,57 όσον αφορά στο σύνολο δεδομένων Liver-disorders.

Όσον αφορά στην σύγκριση των ASVM με τα μη-γραμμικά PSVM και τα SVM<sup>light</sup> οι μεταβολές είναι πολύ μικρές. Ενδεικτικά για το σύνολο δεδομένων Liver-disorders η τιμή του δείκτη Gini τόσο για τα μη-γραμμικά PSVM όσο και για τα μη-γραμμικά SVM<sup>light</sup> κυμαίνεται από 0,382 έως 0,518, ενώ στα ASVM φτάνει το 0,57. Στο σύνολο δεδομένων Pima-Indian-Diabetes η μέγιστη τιμή που επιτυγχάνεται με τη χρήση κάποιου μη-γραμμικού πυρήνα είναι 0,655, ενώ αντίστοιχα στα ASVM είναι 0,675. Τέλος υπάρχουν και σύνολα δεδομένων όπου τα μη-γραμμικά PSVM και SVM<sup>light</sup>, φαίνεται να συμπεριφέρονται λίγο καλύτερα από τα ASVM, όπως συμβαίνει στο σύνολο δεδομένων Hepatitis όπου στα SVM<sup>light</sup> για RBF-πυρήνα με την παράμετρο  $\sigma=0,1$  ο δείκτης Gini ισούται με 0,721 ενώ στα ASVM ισούται με 0,638.

Το γενικό συμπέρασμα που προκύπτει από την παρατήρηση του Πίνακα 2.1 είναι ότι η νέα μεθοδολογία εφαρμογής των μηχανών διανυσμάτων εκπαίδευσης σε προσθετικό μοντέλο δηλαδή τα ASVM συμπεριφέρονται καλύτερα από ότι τα γραμμικά PSVM και SVM<sup>light</sup> όπως προκύπτει και από την τελευταία γραμμή του Πίνακα 2.1 που αφορά στο μέσο όρο των δέκα συνόλων δεδομένων, ενώ συγκρίνοντας με τις μη γραμμικές περιπτώσεις τα ASVM συμπεριφέρονται τουλάχιστον εξίσου καλά με τις ήδη υπάρχουσες μεθοδολογίες των PSVM και των SVM<sup>light</sup>.



Δείγμα δεδομένων NxM	PSVM		SVM <sub>light</sub>		ASVM		
	Γραμμικός πυρήνας	RBF	Γραμμικός πυρήνας	RBF	3 κόμβοι	4 κόμβοι	
Australian credit 690x14	0,846	0,01: 0,844	0,815	0,01: 0,847	0,857	0,854	
		0,05: 0,848					0,05: 0,837
		0,1: 0,856					0,1: 0,803
Breast cancer 569x32	0,983	0,01: 0,988	0,973	0,01: 0,991	0,992	0,989	
		0,05: 0,984					0,05: 0,981
		0,1: 0,968					0,1: 0,971
German credit 1000x20	0,57	0,01: 0,574	0,565	0,01: 0,581	0,576	0,574	
		0,05: 0,561					0,05: 0,538
		0,1: 0,556					0,1: 0,539
Heart disease 270x13	0,821	0,01: 0,829	0,819	0,01: 0,820	0,826	0,821	
		0,05: 0,820					0,05: 0,776
		0,1: 0,823					0,1: 0,726
Hepatitis 155x19	0,681	0,01: 0,696	0,65	0,01: 0,705	0,638	0,576	
		0,05: 0,663					0,05: 0,699
		0,1: 0,670					0,1: 0,721
Ionosphere 351x33	0,806	0,01: 0,939	0,715	0,01: 0,962	0,896	0,873	
		0,05: 0,949					0,05: 0,965
		0,1: 0,926					0,1: 0,968
Liver disorders 345x6	0,423	0,01: 0,382	0,435	0,01: 0,513	0,57	0,582	
		0,05: 0,495					0,05: 0,518
		0,1: 0,507					0,1: 0,474
Pima indians diabetes 768x8	0,648	0,01: 0,649	0,649	0,01: 0,655	0,675	0,664	
		0,05: 0,653					0,05: 0,624
		0,1: 0,647					0,1: 0,600

Δείγμα δεδομένων NxM	PSVM		SVMlight		ASVM	
	Γραμμικός πυρήνας	RBF	Γραμμικός πυρήνας	RBF	3 κόμβοι	4 κόμβοι
Spambase 4601x57	0,905	0,01: 0,940	0,943	0,01: 0,955	0,957	0,958
		0,05:0,931		0,05:0,942		
		0,1:0,906		0,1:0,930		
Thyroid disease 2800x26	0,897	0,01: 0,903	0,885	0,01: 0,929	0,919	0,931
		0,05:0,925		0,05:0,948		
		0,1:0,932		0,1:0,962		
<b>Μέσος όρος</b>	<b>0,758</b>	<b>0,774</b>	<b>0,745</b>	<b>0,796</b>	<b>0,791</b>	<b>0,782</b>
		<b>0,783</b>		<b>0,783</b>		
		<b>0,780</b>		<b>0,770</b>		

**Πίνακας 2.1:** Αποτελέσματα του δείκτη Gini

Στους πίνακες 2.2 - 2.4 που ακολουθούν για κάθε σύνολο δεδομένων δίνονται δύο στοιχεία. Το πρώτο αφορά στο μέσο όρο -για τις δέκα επαναλήψεις της διαδικασίας του cross-validation- της μέσης ακρίβειας ελέγχου η οποία δίνεται από τον μέσο όρο της ακρίβειας ταξινόμησης των παρατηρήσεων των δύο κατηγοριών. Το δεύτερο στοιχείο αφορά στο μέσο όρο -για τα δέκα σύνολα διάσπασης των δεδομένων που χρησιμοποιούνται στη διαδικασία του cross-validation- της συνολικής ακρίβειας ελέγχου η οποία δίδεται σαν το σύνολο των σωστών ταξινομήσεων ως προς το πλήθος των παρατηρήσεων.

Το γενικό συμπέρασμα που επίσης εξάγεται από την παρατήρηση και αυτών των πινάκων είναι ότι οι Προσθετικές Μηχανές Διανυσμάτων Υποστήριξης (ASVM) εμφανίζουν πολύ καλή συμπεριφορά αφού ο μέσος όρος των δύο ακριβειών που αφορούν στον έλεγχο είναι μεγαλύτερος του 80%, ενώ σε σχέση με τις ήδη υπάρχουσες μεθοδολογίες φαίνεται να λειτουργούν αρκετά πιο ικανοποιητικά ως προς την γραμμική προσέγγιση των PSVM και SVM<sup>light</sup> και εξίσου καλά ως προς τις μη-γραμμικές τους προσεγγίσεις. Ενδεικτικά αναφέρονται οι περιπτώσεις του benchmark Spambase όπου οι τιμές της μέσης και της συνολικής ακρίβειας είναι 0,940 και 0,942 αντίστοιχα, ενώ οι αντίστοιχες τιμές για τα PSVM και SVM<sup>light</sup> δεν ξεπερνούν το 0,932 και 0,936 και του benchmark Ionosphere όπου εδώ τα PSVM συμπεριφέρονται λίγο καλύτερα από τα ASVM, όπου οι τιμές της μέσης και της συνολικής ακρίβειας είναι 0,959 και 0,960(RBF<sub>0,1</sub>) αντίστοιχα, ενώ οι αντίστοιχες τιμές για τα ASVM είναι 0,878 και 0,897.

Δείγμα δεδομένων NxM	PSVM			
		<i>M.O Μέσης ακρίβειας</i>		<i>M.O Συνολικής ακρίβειας</i>
	Γραμμικός πυρήνας	RBF 0,01	RBF 0,05	RBF 0,1
Australian credit 690x14	0,862	0,863	0,855	0,855
	0,854	0,856	0,849	0,849
Breast cancer 569x32	0,952	0,948	0,952	0,922
	0,963	0,961	0,954	0,918
German credit 1000x20	0,712	0,708	0,707	0,707
	0,712	0,730	0,734	0,734
Heart disease 270x13	0,838	0,834	0,822	0,850
	0,848	0,848	0,833	0,859
Hepatitis 155x19	0,778	0,789	0,750	0,753
	0,780	0,840	0,787	0,807
Ionosphere 351x33	0,858	0,899	0,908	0,896
	0,880	0,923	0,906	0,880
Liver disorders 345x6	0,633	0,626	0,690	0,689
	0,626	0,629	0,694	0,697
Pima indians diabetes 768x8	0,736	0,734	0,747	0,742
	0,745	0,751	0,753	0,751
Spambase 4601x57	0,904	0,915	0,895	0,876
	0,909	0,924	0,908	0,893
Thyroid disease 2800x26	0,875	0,811	0,822	0,819
	0,860	0,956	0,965	0,969
<b>Μέσος όρος</b>	<b>0,815</b>	<b>0,813</b>	<b>0,815</b>	<b>0,811</b>
	<b>0,818</b>	<b>0,842</b>	<b>0,838</b>	<b>0,836</b>

**Πίνακας 2.2:** Αποτελέσματα PSVM

Δείγμα δεδομένων NxM	SVMlight			
	<i>Μ.Ο Μέσης ακρίβειας</i> <i>Μ.Ο Συνολικής ακρίβειας</i>			
	Γραμμικός πυρήνας	RBF0,01	RBF0,05	RBF0,1
Australian credit 690x14	0,856	0,861	0,865	0,848
	0,846	0,854	0,864	0,848
Breast cancer 569x32	0,961	0,972	0,968	0,951
	0,964	0,975	0,970	0,948
German credit 1000x20	0,710	0,707	0,682	0,674
	0,714	0,715	0,729	0,749
Heart disease 270x13	0,826	0,834	0,822	0,779
	0,837	0,841	0,826	0,781
Hepatitis 155x19	0,789	0,765	0,720	0,730
	0,820	0,807	0,813	0,827
Ionosphere 351x33	0,841	0,949	0,942	0,959
	0,863	0,957	0,949	0,960
Liver disorders 345x6	0,671	0,714	0,716	0,673
	0,674	0,718	0,718	0,676
Pima indians diabetes 768x8	0,740	0,742	0,723	0,735
	0,753	0,749	0,736	0,747
Spambase 4601x57	0,925	0,932	0,921	0,910
	0,928	0,936	0,927	0,920
Thyroid disease 2800x26	0,883	0,928	0,925	0,912
	0,897	0,930	0,956	0,965
<b>Μέσος όρος</b>	<b>0,820</b>	<b>0,840</b>	<b>0,828</b>	<b>0,817</b>
	<b>0,829</b>	<b>0,848</b>	<b>0,849</b>	<b>0,842</b>

**Πίνακας 2.3:** Αποτελέσματα SVM<sup>light</sup>

Δείγμα δεδομένων NxM	ASVM	
	<i>M.O Μέσης ακρίβειας</i>	<i>M.O Συνολικής ακρίβειας</i>
	3 κόμβοι	4 κόμβοι
Australian credit 690x14	0,863	0,863
	0,855	0,855
Breast cancer 569x32	0,974	0,971
	0,979	0,975
German credit 1000x20	0,713	0,711
	0,717	0,716
Heart disease 270x13	0,836	0,819
	0,844	0,826
Hepatitis 155x19	0,778	0,745
	0,793	0,760
Ionosphere 351x33	0,878	0,867
	0,897	0,889
Liver disorders 345x6	0,740	0,731
	0,741	0,735
Pima indians diabetes 768x8	0,753	0,749
	0,757	0,753
Spambase 4601x57	0,940	0,943
	0,942	0,945
Thyroid disease 2800x26	0,902	0,912
	0,889	0,905
<b>Μέσος όρος</b>	<b>0,838</b>	<b>0,831</b>
	<b>0,841</b>	<b>0,836</b>

**Πίνακας 2.4:** Αποτελέσματα ASVM

# ΚΕΦΑΛΑΙΟ 3

## ΠΡΟΒΛΕΨΗ

## ΕΝΔΟΝΟΣΟΚΟΜΕΙΑΚΟΥ

## ΘΑΝΑΤΟΥ

### 3.1 ΕΙΣΑΓΩΓΗ

Ο σκοπός της εντατικής φροντίδας υγείας είναι η θεραπεία οξέων, απειλητικών για τη ζωή νοσημάτων και η αποκατάσταση της υγείας και της ποιότητας ζωής των ασθενών. Τις τελευταίες δεκαετίες, η πολυπλοκότητα της φροντίδας των βαρέως πασχόντων αυξάνεται ολοένα και περισσότερο. Τα σύγχρονα ιατρικά τεχνολογικά επιτεύγματα επιτρέπουν τη διαχείριση καταστάσεων που παλαιότερα θεωρούνταν μη αντιμετωπίσιμες και οι ασθενείς μπορούν πλέον να διατηρηθούν στη ζωή για εβδομάδες ή και μήνες, ακόμη και όταν η κατάστασή τους είναι δυσμενής. Έτσι, η ομάδα εντατικής φροντίδας υγείας έρχεται αντιμέτωπη με μία ακόμη υποχρέωση: να βοηθήσει τον ασθενή για τον οποίο οι ελπίδες ανάρρωσης σταδιακά χάνονται, να καταλήξει με έναν ήρεμο και αξιοπρεπή τρόπο<sup>[28]</sup>.

Οι μονάδες εντατικής θεραπείας (ΜΕΘ) διεκδικούν τα τελευταία χρόνια ένα από τα μεγαλύτερα μερίδια των διαθέσιμων νοσοκομειακών πόρων. Στις Η.Π.Α., οι ΜΕΘ καλύπτουν περίπου 5%-10% της συνολικής δυναμικότητας των κλινών των νοσοκομείων, αλλά καταναλώνουν 20%-34% του συνόλου των πόρων που διατίθενται για την οξεία φροντίδα υγείας. Η δαπάνη αυτή υπερβαίνει το 1% του αμερικανικού Ακαθάριστου Εγχώριου Προϊόντος (ΑΕΠ). Στην Ευρώπη, οι δαπανώμενοι πόροι για την εντατική φροντίδα υγείας δεν αγγίζουν μεν αυτά τα ύψη, αλλά το ποσοστό τους παραμένει δυσανάλογα υψηλό σε σχέση με αυτό άλλων υπηρεσιών<sup>[29]</sup>. Τα παραπάνω καθιστούν επιτακτική την ανάγκη για σωστή κατανομή

των περιορισμένων πόρων κατά τη λήψη αποφάσεων που αφορούν στην παροχή εντατικής φροντίδας υγείας, και επιβάλλουν την αξιολόγηση της αποτελεσματικότητας της φροντίδας αυτής.

Για περισσότερες από δύο δεκαετίες, κλινικοί ερευνητές έχουν επιδοθεί στη δημιουργία και αξιολόγηση συστημάτων μέτρησης της βαρύτητας της νόσου ασθενών της ΜΕΘ σε μια προσπάθεια αξιοποίησης της συλλογικής κλινικής εμπειρίας από το χώρο της εντατικής φροντίδας υγείας για την προσέγγιση ζητημάτων σχετικών με την αποτελεσματικότητα, την αποδοτικότητα, την ισότητα και την ποιότητα της εντατικής φροντίδας υγείας<sup>[30]</sup>. Τα συστήματα αυτά επιχειρούν την ποσοτικοποίηση-μέτρηση της βαρύτητας της νόσου των ασθενών που νοσηλεύονται σε ΜΕΘ, την απόδοσή της δηλαδή με τη μορφή βαθμολογίας, η οποία μπορεί να χρησιμοποιηθεί για την *πρόβλεψη* της πιθανότητας ενδονοσοκομειακού θανάτου των ασθενών αυτών, δηλαδή για τη διατύπωση πρόγνωσης της έκβασης των ασθενών αυτών.

Με τον όρο έκβαση νοείται το πέρας μιας διαδικασίας. Στις επιστήμες υγείας, έκβαση μπορεί να είναι το πέρας του νοσήματος, δηλαδή η ίαση, η αναπηρία ή ο θάνατος<sup>[31]</sup>. Η διατύπωση πρόγνωσης για την έκβαση των ασθενών αποτελεί μία από τις σημαντικότερες πνευματικές δραστηριότητες των επιστημόνων. Υπακούει στο λογικό σχήμα της πρόβλεψης, η οποία μαζί με την εξήγηση των φαινομένων της πραγματικότητας αποτελούν τις δύο κεντρικές λειτουργίες της επιστημονικής γνώσης. Αποτελεί επιστημονική συστηματοποίηση, με την οποία εφαρμόζονται οι επιστημονικές υποθέσεις ή νόμοι και θεωρίες σε συγκεκριμένες περιπτώσεις, αποκαλύπτοντας με αυτόν τον τρόπο τις διαρθρωτικές σχέσεις μεταξύ των φαινομένων.

Παράγοντες που σχετίζονται με τον κίνδυνο θανάτου σε ασθενείς που νοσηλεύονται σε ΜΕΘ, περιλαμβάνουν: 1) τη φύση του νοσήματος από το οποίο πάσχει ο ασθενής (διάγνωση), 2) την υποβολή του σε επείγουσα χειρουργική επέμβαση πριν την εισαγωγή στη ΜΕΘ, 3) το βαθμό στον οποίο έχει διαταραχθεί η φυσιολογία του από το οξύ νόσημα και, 4) την κατάσταση υγείας του πριν την εμφάνιση του οξέος νοσήματος (χρόνια κατάσταση υγείας), η οποία συνήθως σχετίζεται με τη βιολογική ηλικία και το ιστορικό ύπαρξης χρόνιων νοσημάτων<sup>[32]</sup>. Οι παράγοντες αυτοί θεωρείται ότι συνθέτουν τη *βαρύτητα της νόσου* για τους ασθενείς ΜΕΘ.



Τα διαθέσιμα συστήματα μέτρησης της βαρύτητας της νόσου σε ασθενείς της ΜΕΘ στοχεύουν στον προσδιορισμό της βαρύτητας της νόσου με κατά το δυνατόν αντικειμενικό τρόπο, επιτρέποντας θεωρητικά την προτύπωση της σύνθεσης του πληθυσμού των ασθενών ΜΕΘ και κατά συνέπεια τη διενέργεια συγκρίσεων της αποτελεσματικότητας της παρεχόμενης εντατικής φροντίδας υγείας. Επιπλέον, η χρήση των συστημάτων αυτών ως προγνωστικών εργαλείων για τον προσδιορισμό της πιθανότητας θανάτου των ασθενών έχει προταθεί για την υποστήριξη της λήψης κλινικών αποφάσεων στο χώρο της ΜΕΘ και για την υποβοήθηση του εξορθολογισμού της χρήσης της<sup>[33]</sup>.

Είναι γεγονός ότι δεν υπάρχει κανένα σύστημα μέτρησης απαλλαγμένο πλήρως από τυχαία και συστηματικά σφάλματα και η επίτευξη της τέλει αυθεντικότητας (απουσία τόσο τυχαίων όσο και συστηματικών σφαλμάτων – accuracy) αποτελεί ουτοπία<sup>[31]</sup>. Ωστόσο, η δημιουργία των συστημάτων μέτρησης της βαρύτητας και πρόβλεψης της πιθανότητας θανάτου των ασθενών ΜΕΘ αποτελεί μία προσπάθεια μείωσης της αβεβαιότητας που ενυπάρχει στην κλινική πράξη, και η χρήση τους από τη θεραπευτική ομάδα, με κατανόηση πάντα των εγγενών περιορισμών και αδυναμιών τους, μπορεί να λειτουργήσει υποστηρικτικά στην κλινική κρίση. Όπως αναφέρει το περιοδικό Lancet: «Η εμπειρία έχει δείξει ότι η απόδοση του κλινικού ιατρού μπορεί να ενισχυθεί από τη χρήση πιθανοθεωρητικών προσεγγίσεων, βασιζόμενων σε απτά δεδομένα, αλλά η πιθανότητα είναι ένας μόνο παράγοντας που πρέπει να λαμβάνεται υπόψη κατά τη λήψη μιας κλινικής απόφασης. Η στατιστική θα πρέπει να χρησιμοποιείται με τρόπο παρόμοιο με αυτόν που χρησιμοποιεί ο μεθυσμένος το φανοστάτη: περισσότερο για στήριξη παρά για φωτισμό.»

### **3.2 ΣΥΣΤΗΜΑΤΑ ΜΕΤΡΗΣΗΣ**

Υπάρχουν τέσσερα ευρέως διαδεδομένα συστήματα μέτρησης της βαρύτητας της νόσου και πρόβλεψης της έκβασης βαρέως πασχόντων στο χώρο εντατικής φροντίδας υγείας. Τα συστήματα αυτά είναι το APACHE II, APACHE III, SAPS II και MPM II τα οποία παρουσιάζονται παρακάτω.

### 3.2.1 Δείκτης APACHE

Ο δείκτης APACHE αποτελείται από δύο βασικά τμήματα: 1) μία κλίμακα βιολογικών παραμέτρων, που ποσοτικοποιεί την οξεία νόσο (κλίμακα οξείας φυσιολογίας της νόσου) και 2) μία εκτίμηση της χρόνιας κατάστασης υγείας, που είναι ενδεικτική της κατάστασης υγείας του ατόμου πριν την έναρξη της οξείας νόσου<sup>[34]</sup>. Ο δείκτης APACHE χρησιμοποιεί 34 μεταβλητές

Συνολικά, η θετική προγνωστική αξία του δείκτη APACHE υπολογίστηκε στο 90%, ενώ η αρνητική προγνωστική αξία ήταν 79%, χρησιμοποιώντας σαν κριτήριο διάκρισης μεταξύ των ασθενών μία προβλεπόμενη πιθανότητα θανάτου ίση με 0,50<sup>[35]</sup>. Τα αποτελέσματα από τον αρχικό πληθυσμό μελέτης επαληθεύτηκαν στη συνέχεια σε ανεξάρτητους πληθυσμούς ασθενών<sup>[36],[37],[38]</sup>

Ο δείκτης APACHE έχει δεχτεί κριτική για μια σειρά από θέματα που αφορούν στη μεθοδολογία δημιουργίας του και στις οδηγίες εφαρμογής του. Κατά τους Kowen και Kelley<sup>[39]</sup>, ένα βασικό σημείο κριτικής κατά του δείκτη είναι ότι η επιλογή των μεταβλητών που τον απαρτίζουν (καθώς και του βάρους με το οποίο έχει σταθμιστεί η καθεμιά), έγινε από μία ομάδα ειδικών. Το γεγονός αυτό θεωρητικά μπορεί να έχει συνέπειες όσον αφορά στην εγκυρότητα του δείκτη, αφού ενέχει τον κίνδυνο της υποκειμενικότητας και της εισαγωγής συστηματικών σφαλμάτων. Η πιο σύγχρονη προσέγγιση υπαγορεύει τη χρήση αντικειμενικών στατιστικών μεθόδων κατά την ανάπτυξη προγνωστικών μοντέλων.

Είναι χαρακτηριστικό ότι όταν κάθε μία από τις μεταβλητές που συμμετέχουν στη διαμόρφωση της βαθμολογίας οξείας φυσιολογίας του δείκτη APACHE εξετάστηκε από τους Le Gall et al<sup>[40]</sup> και από τους Knaus et al<sup>[41]</sup> για συσχέτιση με τη θνητότητα μέσω πολυπαραγοντικών μεθόδων ανάλυσης, βρέθηκε ότι κάποιες μεταβλητές που είχαν θεωρηθεί από τους ειδικούς σημαντικές από κλινικής σκοπιάς, δε βελτίωναν τη συνολική προγνωστική ισχύ του συστήματος.

Ένα άλλο σημείο που έγινε αντικείμενο κριτικής ήταν αυτό του μεγάλου αριθμού μεταβλητών. Κατά τους Cowen και Kelley<sup>[39]</sup>, ο μεγάλος αριθμός μεταβλητών καθιστά το δείκτη APACHE δύσχρηστο και αυξάνει τις πιθανότητες παραλείψεων και λαθών κατά τη συλλογή και μηχανογράφηση των δεδομένων. Επιπλέον, ο μεγάλος αριθμός των μεταβλητών σχετίζεται με ένα ακόμη πρακτικό πρόβλημα, αυτό του ότι δεν είναι πολύ πιθανό να μετρώνται πάντα για κάθε ασθενή και οι 34 μεταβλητές – συστατικά του δείκτη, γεγονός που αυξάνει το πλήθος των

ελλειπουσών τιμών. Κάποιες δε από τις απαιτούμενες μετρήσεις παραλείπονται πιο συχνά από άλλες, λόγω του ότι δεν αποτελούν μέρος της καθιερωμένης καθημερινής πρακτικής των ΜΕΘ, ή λόγω του ότι οι συγκεκριμένες δοκιμασίες μέτρησης δεν είναι διαθέσιμες στα εργαστήρια όλων των νοσοκομείων. Έτσι η πρακτική - σύμφωνα με τις οδηγίες των κατασκευαστών - της απόδοσης στις αντίστοιχες μεταβλητές της τιμής 0 (που αντιστοιχεί στο φυσιολογικό εύρος τιμών), θα μπορούσε να οδηγήσει σε εσφαλμένα συμπεράσματα<sup>[39]</sup>.

### 3.2.2 Δείκτης APACHE II

Το 1985, οι Knauss et al<sup>[41]</sup>, εισήγαγαν το δείκτη APACHE II, ο οποίος παρουσίαζε σημαντικές αναθεωρήσεις σε σχέση με τον πρωτότυπο δείκτη. Η μείωση του αρχικού αριθμού των μεταβλητών στο νέο δείκτη αποτέλεσε πρώτη προτεραιότητα. Ο μικρότερος δυνατός αριθμός μεταβλητών που να αντανακλά με ικανοποιητικό τρόπο τη διαταραχή από το φυσιολογικό, διατηρώντας παράλληλα τη στατιστική ακρίβεια, αποδείχτηκε ότι ήταν 12. Συμπερασματικά, με το δείκτη APACHE II υπολογίζεται ένα σύνολο βαθμών για κάθε ασθενή, το οποίο προέρχεται από τρία διαφορετικά τμήματα: την κλίμακα οξείας φυσιολογίας της νόσου, την ηλικία) και την εκτίμηση της χρόνιας κατάστασης υγείας. Ο μέγιστος δυνατός βαθμός είναι 71<sup>[41]</sup>. Τα αποτελέσματα για την επιφάνεια κάτω από την καμπύλη ROC και το συνολικό ποσοστό ορθής ταξινόμησης όσον αφορά στο APACHE II ήταν 0.85 και 85.5%.

### 3.2.3 Δείκτης APACHE III

Το 1991, οι Knaus et al<sup>[42]</sup>, σε μια προσπάθεια βελτίωσης του συστήματος APACHE II για την επίτευξη μεγαλύτερης αυθεντικότητας στην πρόβλεψη της ενδονοσοκομειακής θνητότητας ασθενών που δέχονται εντατική φροντίδα υγείας, εισήγαγαν ένα νέο σύστημα, το σύστημα APACHE III. Η ερευνητική ομάδα του Knaus συνέλεξε στοιχεία από 17.440 ασθενείς παθολογικών/χειρουργικών ΜΕΘ, από 40 νοσοκομεία των Η.Π.Α., με στόχο την ανάλυση της σχέσης μεταξύ της πιθανότητας επιβίωσης των ασθενών μέχρι την έξοδό τους από το νοσοκομείο και τις ακόλουθες προγνωστικές μεταβλητές: κύρια διάγνωση εισόδου, αποκλίνουσες από το

φυσιολογικό παραμέτρους φυσιολογίας, σημαντικά συνυπάρχοντα νοσήματα και πηγή παραπομπής των ασθενών στη ΜΕΘ. Η συνολική ακρίβεια της πρόβλεψης του συστήματος APACHE III ήταν τέτοια, ώστε μέσα στο πρώτο 24ωρο από την εισαγωγή στη ΜΕΘ, 95% των εκτιμήσεων της πιθανότητας ενδονοσοκομειακού θανάτου ήταν εντός του 3% της πραγματικής, παρατηρηθείσας θνητότητας ( $r^2=0.41$ , επιφάνεια κάτω από την καμπύλη ROC: 0.90). Η επιλογή των μεταβλητών που συμμετέχουν στο δείκτη και των βαρών με τα οποία σταθμίστηκαν, έγινε με τη χρήση στατιστικής μεθοδολογίας για την εξασφάλιση μεγαλύτερης αντικειμενικότητας. Ωστόσο, ο μεγαλύτερος σε σχέση με το APACHE II αριθμός μεταβλητών αυξάνει θεωρητικά την πιθανότητα σφαλμάτων κατά τη συλλογή, ερμηνεία και μηχανογράφηση των δεδομένων.

### 3.2.4 Δείκτες SAPS

Το 1984, οι LeGall et al<sup>[40]</sup>, δημοσίευσαν ένα νέο σύστημα μέτρησης της βαρύτητας της νόσου για ασθενείς που νοσηλεύονται σε ΜΕΘ, το Απλοποιημένο Σύστημα Αξιολόγησης Οξέων Διαταραχών της Φυσιολογίας (The Simplified Acute Physiology Score – SAPS), εφεξής αναφερόμενο και ως δείκτης SAPS. Το SAPS προτάθηκε σε μια προσπάθεια απλοποίησης του πρωτότυπου APACHE, που δημοσιεύτηκε το 1981 από τους Knaus et al<sup>[35]</sup>. Οι μεταβλητές που περιλαμβάνονται στο δείκτη ανέρχονται σε 14, επιλέχτηκαν ειδικά για την αξιολόγηση, άμεσα ή έμμεσα, των ανεπαρκειών των οργάνων συστημάτων που απαντώνται σε ασθενείς που νοσηλεύονται σε ΜΕΘ. Το 1993, οι LeGall et al<sup>[43]</sup> πρότειναν μία νέα έκδοση του δείκτη SAPS, το δείκτη SAPS II ο οποίος περιείχε 17 μεταβλητές. Τέλος, το 2003, ανακοινώθηκε από τους Vasquez et al<sup>[44]</sup>, η προετοιμασία μιας τρίτης εκδοχής του SAPS, το SAPS III. Η νέα εκδοχή θα ενσωματώνει επιπλέον την κύρια αιτία εισόδου στη ΜΕΘ, ένα μεγαλύτερο αριθμό συνυπαρχουσών παθήσεων, καθώς και την πηγή παραπομπής του ασθενούς στη ΜΕΘ, ενώ το πιο καινοτόμο χαρακτηριστικό που θα εισάγει είναι ότι θα λαμβάνει υπόψη τη μεταβλητότητα στην κλινική πρακτική, περιλαμβάνοντας πληροφορία για τη συνέχιση ή απόσυρση των θεραπευτικών μέτρων και τη διακομιδή σε άλλο νοσοκομείο.

### 3.2.5 Δείκτες MPM

Το μοντέλο πρόβλεψης θνητότητας (Mortality Prediction Models System – MPM) είναι βασισμένο σε ένα πιθανοθεωρητικό μοντέλο, το οποίο παράγει με άμεσο τρόπο μία πιθανότητα ενδονοσοκομειακού θανάτου, όταν εφαρμόζεται σε κάποιο συγκεκριμένο ασθενή<sup>[45]</sup>. Η διαφορά του σε σχέση με τα προγνωστικά συστήματα APACHE και SAPS, έγκειται στη δυνατότητα απευθείας πρόβλεψης της πιθανότητας θανάτου για κάθε ασθενή, με τη χρήση μίας εξίσωσης πολλαπλής λογιστικής παλινδρόμησης, στην οποία οι κατασκευαστές του συμπεριέλαβαν έναν αριθμό μεταβλητών που σχετίζονταν στατιστικά με την ενδονοσοκομειακή θνητότητα, παραλείποντας το ενδιάμεσο στάδιο της δημιουργίας μιας κλίμακας μέτρησης της βαρύτητας της νόσου<sup>[46]</sup>.

Το σύστημα MPM το οποίο περιλαμβάνει 11 μεταβλητές δημοσιεύτηκε από τους Lemeshow et al<sup>[47]</sup> και αναθεωρήθηκε από τους Lemeshow et al<sup>[46]</sup> με την εισαγωγή του συστήματος MPM II. Το MPM II συμπληρώθηκε με δύο επιπρόσθετα μοντέλα, από τους Lemeshow et al<sup>[48]</sup> το MPM II<sub>0</sub>, που υπολογίζεται κατά την εισαγωγή του ασθενούς στη ΜΕΘ και περιλαμβάνει 15 μεταβλητές και το MPM II<sub>24</sub>, που υπολογίζεται κατά τη συμπλήρωση 24 ωρών νοσηλείας στη ΜΕΘ και περιλαμβάνει συνολικά 13 μεταβλητές.

Στα θετικά σημεία του μοντέλου MPM περιλαμβάνεται το γεγονός ότι η επιλογή των μεταβλητών και ο υπολογισμός των συντελεστών τους έγινε με τη χρήση στατιστικών μεθόδων, κάτι που απομάκρυνε το υποκειμενικό στοιχείο από τη διαδικασία δημιουργίας του. Ωστόσο, οι Cowen και Kelley<sup>[39]</sup> επισημαίνουν ότι οι περισσότερες μεταβλητές στο μοντέλο δεν είναι συνεχείς, αλλά κατηγορικές, υπογραμμίζοντας τον κίνδυνο της λανθασμένης ταξινόμησης των ασθενών.

Ο Shann<sup>[49]</sup>, συγκρίνοντας το MPM II με τους δείκτες APACHE II και III, υποστηρίζει ότι παρουσιάζει σημαντικά θεωρητικά, πρακτικά και οικονομικά πλεονεκτήματα στη χρήση του. Η συλλογή της χειρότερης τιμής του 24ώρου για τις τα στοιχεία που απαρτίζουν το σύστημα MPM II είναι πολύ πιο εύκολα και άμεσα διαθέσιμα, αφού αφορούν ως επί το πλείστον ποιοτικά χαρακτηριστικά και όχι μετρήσεις, και επιπλέον συλλέγονται σε συγκεκριμένα χρονικά σημεία. Ακολουθεί ο Πίνακας 3.1 ο οποίος περιέχει όλες τις μεταβλητές για κάθε ένα από τα προαναφερθέντα συστήματα.

Μεταβλητές	MPMII <sub>0</sub>	MPMII <sub>24</sub>	APACHE II	SAPS II	APACHE III
<b>Χρόνια κατάσταση υγείας</b>					
AIDS				✓	✓
Κίρρωση	✓	✓			✓
Λέμφωμα					✓
Αιματολ. κακοήθεια				✓	
Λευχαιμία / πολλαπλό μυέλωμα					✓
Ηπατική ανεπάρκεια			✓		✓
Μεταστατικό Ca	✓	✓		✓	✓
Ανοσοκαταστολή			✓		✓
Χρόνια καρδιακή ανεπάρκεια			✓		
Χρόνια αναπνευστική ανεπάρκεια			✓		
Χρόνια νεφρική ανεπάρκεια	✓		✓		
<b>Παράμετροι φυσιολογίας</b>					
Θερμοκρασία			✓	✓	✓
Καρδιακή συχνότητα	✓		✓	✓	✓
Αναπνευστική συχνότητα			✓		✓
Πίεση αίματος (μέση ή συστολική)	✓		✓	✓	✓
Αιματοκρίτης			✓		✓
Λευκά αιμοσφαίρια			✓	✓	✓
Αλβουμίνη					✓
Χολερυθρίνη				✓	✓
Γλυκόζη					✓
Νάτριο ορού			✓	✓	✓
Κάλιο ορού			✓	✓	
Διττανθρακικά ορού				✓	

Ουρία ή άζωτο ουρίας				✓	✓
Κρεατινίνη		✓	✓		✓
Διούρηση		✓		✓	✓
PaO <sub>2</sub>		✓			
PaO <sub>2</sub> ή (A-a)DO <sub>2</sub>			✓		✓
PaO <sub>2</sub> / FiO <sub>2</sub> (αν σε μηχ.υποστήριξη της αναπνοής)				✓	
pH			✓		✓
PCO <sub>2</sub>					✓
Χρόνος προθρομβίνης		✓			
Κλίμακα Γλασκώβης	✓	✓	✓	✓	✓
<b>Οξείες διαγνώσεις</b>					
Οξεία νεφρική ανεπάρκεια	✓				
Καρδιακή αρρυθμία	✓				
AEE	✓				
Αιμορραγία γαστρεντερικού	✓				
Λοίμωξη		✓			
Ενδοκρανιακή μάζα	✓	✓			
Επιλογή από λίστα			✓		✓
<b>Άλλο</b>					
Ηλικία	✓	✓	✓	✓	✓
Πηγή παραπομπής					✓
Είδος εισαγωγής	✓	✓		✓	✓
CPR πριν την εισαγωγή	✓				
Μηχανικός αερισμός	✓	✓			
Ινότροπα φάρμακα		✓			

**Πίνακας 3.1:** Μεταβλητές που απαρτίζουν τους δείκτες

### **3.3 ΧΡΗΣΗ ΠΡΟΣΘΕΤΙΚΩΝ ΜΗΧΑΝΩΝ ΔΙΑΝΥΣΜΑΤΩΝ ΑΠΟΦΑΣΗΣ ΣΤΗΝ ΠΡΟΒΛΕΨΗ ΕΝΔΟΝΟΣΟΚΟΜΕΙΑΚΟΥ ΘΑΝΑΤΟΥ**

Ένα εγγενές πρόβλημα όλων ανεξαιρέτως των προγνωστικών συστημάτων που αφορούν βαρέως πάσχοντες που νοσηλεύονται σε ΜΕΘ και το οποίο δυσχεραίνει τη γενίκευση της χρήσης τους, είναι το αναπόφευκτο σφάλμα επιλογής που σχετίζεται με την απόφαση εισαγωγής του ασθενούς στη ΜΕΘ, δεδομένου ότι η απόφαση αυτή είναι συχνά μία αυθαίρετη κλινική κρίση, που γίνεται με υποκειμενικά κριτήρια<sup>[40]</sup>. Το μειονέκτημα αυτό αφορά και στα τέσσερα συγκρινόμενα συστήματα, καθώς κανένα δεν μπορεί να αντιμετωπίσει πλήρως τη διαφορετικότητα στη σύνθεση των πληθυσμών ΜΕΘ, που η υποκειμενική διαδικασία εισαγωγής των ασθενών συνεπάγεται.

Ένα άλλο γενικό πρόβλημα των μοντέλων πρόβλεψης θνητότητας ασθενών ΜΕΘ, αφορά στην ακρίβεια συλλογής των δεδομένων που απαιτούνται για τον υπολογισμό τους, καθώς η απόκτηση, ερμηνεία και μηχανογράφηση των δεδομένων αποτελούν πεδία όπου υπεισέρχεται ο παράγοντας του ανθρώπινου λάθους<sup>[39]</sup>.

Το πλήθος και το είδος των μεταβλητών που απαρτίζουν ένα μοντέλο είναι καθοριστικής σημασίας για την επίτευξη κατά το δυνατόν υψηλής ακρίβειας στα δεδομένα. Συγκεκριμένα, ο μεγάλος αριθμός μεταβλητών αυξάνει τις πιθανότητες σφαλμάτων και παραλείψεων κατά τη συλλογή των δεδομένων, ενώ οι συνεχείς μεταβλητές θεωρούνται προτιμητέες σε σχέση με τις κατηγορικές, καθώς μεταφέρουν περισσότερη πληροφορία για ένα συγκεκριμένο χαρακτηριστικό και εξαλείφουν τον κίνδυνο υποκειμενικών σφαλμάτων κατά την κατάταξη των ασθενών σε κατηγορίες<sup>[50]</sup>. Στη συνέχεια εξετάζεται ο τρόπος επιλογής των απαραίτητων μεταβλητών -από μια συγκεντρωτική βάση δεδομένων η οποία περιέχει 61 ευρέως χρησιμοποιούμενες μεταβλητές των προγνωστικών συστημάτων που αφορούν βαρέως πάσχοντες που νοσηλεύονται σε ΜΕΘ- χρησιμοποιώντας τις Προσθετικές Μηχανές Διανυσμάτων Απόφασης (ASVM) καθώς και τα Proximal Support Vector Machines.



### 3.3.1 Δείγμα και μεταβλητές

Βάσει των μεταβλητών που απαρτίζουν τους δείκτες APACHE, MPM και SAPS δημιουργήθηκε μια βάση δεδομένων οι οποία αποτελείται από 338 ασθενείς και 61 ανεξάρτητες μεταβλητές συν την εξαρτημένη μεταβλητή του θανάτου. Σε πρώτο στάδιο ξεκινώντας με την παραπάνω βάση δεδομένων όπως αυτή αναλύεται στους Πίνακες 3.1α και 3.1β πραγματοποιήθηκε ανάλυση Bootstrap κατά την οποία:

- 1) Κατασκευάζονται 1000 δείγματα Bootstrap. Κάθε δείγμα έχει 338 παρατηρήσεις επιλεγμένες τυχαία, με επανατοποθέτηση, από το αρχικό δείγμα.
- 2) Σε κάθε δείγμα Bootstrap εφαρμόζεται ο αλγόριθμος των PSVM για την ανάπτυξη ενός μονομεταβλητού γραμμικού μοντέλου με εξαρτημένη μεταβλητή την τελική έκβαση της νοσηλείας του ασθενή στη ΜΕΘ (θάνατος ή όχι) και ανεξάρτητη μεταβλητή μία από τις 61 μεταβλητές του δείγματος. Συνολικά λοιπόν σε κάθε δείγμα αναπτύσσονται 61 γραμμικά μοντέλα, ένα για κάθε ανεξάρτητη μεταβλητή,
- 3) Μετά την ολοκλήρωση της ανάλυσης για τα 1000 δείγματα Bootstrap καθορίζεται η επίδραση κάθε ανεξάρτητης μεταβλητής, στο αποτέλεσμα της νοσηλείας ενός ασθενούς στη ΜΕΘ, βάσει της μέσης τιμής και του 95% διαστήματος εμπιστοσύνης του αριθμητικού συντελεστή της μεταβλητής στα μοντέλα που αναπτυχθήκαν.

Η μεθοδολογία αυτή ουσιαστικά αποτελεί ένα μη παραμετρικό έλεγχο της σημαντικότητας κάθε μεταβλητής, ο οποίος βασίζεται στη μεθοδολογία των SVM που χρησιμοποιείται για την ανάπτυξη του τελικού μοντέλου πρόβλεψης.

<b>ΜΕΤΑΒΛΗΤΕΣ (ΕΠΕΞΗΓΗΣΗ)</b>
fylo (φύλο)
surgery (εγχείρηση πριν την εισαγωγή στη ΜΕΘ)
cancer (νεοπλασία)
otherbef (άλλο χρόνιο πρόβλημα υγείας κατά την εισαγωγή)
eisagogi (πηγή παραπομπής στη ΜΕΘ)
typesurg (είδος εγχείρησης)
casetype (είδος περιστατικού)
ona (οξεία νεφρική ανεπάρκεια)
arrhythm (διαταραχές καρδιακού ρυθμού)
aee (αγγειακό εγκεφαλικό επεισόδιο)
bleedgas (αιμορραγία από το γαστρεντερικό)
ime (επιπτώσεις από την παρουσία ενδοκρανιακής μάζας)
cpr24 (καρδιοαναπνευστική αναζωογόνηση κατά το προηγούμενο 24ωρο)
cardrugs (αγγειοδραστικά φάρμακα κατά το πρώτο 24ωρο στη ΜΕΘ)
infectio (λοίμωξη)
coma (κόμα)
hemodial (αιμοδιάλυση)
psychos (ψύχωση/σύγχυση)
Cardfail (καρδιακή ανεπάρκεια)
respfail (αναπνευστική ανεπάρκεια)
hna (χρόνια νεφρική ανεπάρκεια)
hnadial (χρόνια νεφρική ανεπάρκεια και αιμοδιάλυση)
nonster (μη στεροειδή φάρμακα)
imnsurg (ανοσοκαταστολή)
cort (λήψη κορτικοστεροειδών)
diabetes (σακχαρώδης διαβήτης)
chemothe (χημειοθεραπεία)
lymphoma (λέμφωμα)
cirrhosi (κίρρωση)
mechvent (υπό μηχανικό αερισμό)
metastca (μεταστατικός καρκίνος)
hemalign (αιματολογική κακοήθεια)
sedated (καταστολή)
urinecre (υψηλή κρεατινίνη-χαμηλή διούρηση)
chrpoint (βαθμολογία χρόνιας κατάστασης υγείας)
cardrate (καρδιακή συχνότητα)
sbp (συστολική πίεση)
dbp (διαστολική πίεση)
temperat (θερμοκρασία)
breath (συχνότητα αναπνοών)
oura24 (ούρα 24 ώρου)
oura8 (ούρα 8ώρου)
ht (αιματοκρίτης)
wbc (λευκά αιμοσφαίρια)
platelet (αιμοπετάλια)
urea (ουρία ορού)
glucose (γλυκόζη ορού)
na (νάτριο ορού)
k (κάλιο ορού)
creatini (κρεατινίνη ορού)
bilirubi (χολερυθρίνη ορού)

fio2 (κλάσμα εισπνεόμενου οξυγόνου)
pH (pH αρτηριακού αίματος)
pcO2 (μερική πίεση CO2 στο αρτηριακό αίμα)
po2 (μερική πίεση O2 στο αρτηριακό αίμα)
hco3 (επίπεδο διτανθρακικών στο αίμα)
gcs (κλίμακα γλασκώβης)
estgcs (εκτιμώμενη κλίμακα γλασκώβης)
ventdurb (διάρκεια μηχανικού αερισμού)
daysurg (αριθμός ημερών μεταξύ τυχόν χειρουργικής επέμβασης και εισαγωγής στη ΜΕΘ)
<b>death (έκβαση)</b>

**Πίνακας 3.2α :** Επεξήγηση μεταβλητών αρχικής βάσης

<b>fylo</b> 0=male 1=female	<b>ona</b> 0=no 1=yes	<b>hemodial</b> 0=no 1=yes	<b>diabetes</b> 0=no 1=yes	<b>chrpoint</b> <b>cardrate</b> <b>sbp</b>
<b>surgery</b> 0=no 1=yes	<b>arrhythm</b> 0=no 1=yes	<b>psychos</b> 0=no 1=yes	<b>chemothe</b> 0=no 1=yes	<b>dbp</b> <b>temperat</b> <b>breath</b>
<b>cancer</b> 0=no 1=yes	<b>aee</b> 0=no 1=yes	<b>cardfail</b> 0=no 1=yes	<b>lymphoma</b> 0=no 1=yes	<b>oura24</b> <b>oura8</b> <b>ht</b>
<b>otherbef</b> 0=no 1=yes	<b>bleedgas</b> 0=no 1=yes	<b>respfail</b> 0=no 1=yes	<b>cirrrosi</b> 0=no 1=yes	<b>wbc</b> <b>platelet</b> <b>urea</b>
<b>eisagogi</b> 0=emergency department 1=surgery 2=other department 3=other hospital 4=other ICU	<b>ime</b> 0=no 1=yes	<b>hna</b> 0=no 1=yes	<b>mechvent</b> 0=no 1=yes	<b>glucose</b> <b>na</b> <b>k</b>
	<b>cpr24</b> 0=no 1=yes	<b>hnadial</b> 0=no 1=yes	<b>metastca</b> 0=no 1=yes	<b>creatini</b> <b>bilirubi</b> <b>fio2</b>
<b>typesurg</b> 0=neurosurgery 1=cardiosurgery 2=abdominal 3=thoracic 4=orthopaedic 5=trauma	<b>cardrugs</b> 0=no 1=yes	<b>nonster</b> 0=no 1=yes	<b>hemalign</b> 0=no 1=yes	<b>ph</b> <b>pcO2</b> <b>po2</b>
	<b>infectio</b> 0=no 1=yes	<b>imnsupr</b> 0=no 1=yes	<b>sedated</b> 0=no 1=yes	<b>hco3</b> <b>gcs</b> <b>estgcs</b>
	<b>coma</b> 0=no 1=yes	<b>cort</b> 0=no 1=yes	<b>urinecre</b> 0=no 1=yes	<b>ventdurb</b> <b>daysurg</b>
<b>casetype</b> 0=after scheduled surgery 1=after urgent surgery 2=non surgical				<b>death</b> 0=alive 1=dead

**Πίνακας 3.2β :** Κατηγορίες μεταβλητών αρχικής βάσης

Στη συνέχεια εξαιρέθηκαν οι μεταβλητές που το 95% διάστημα εμπιστοσύνης τους περιελάμβανε την τιμή 0, οπότε τελικά απέμειναν 25 μεταβλητές. Ακολούθως για τις 25 μεταβλητές που απέμειναν εξετάστηκε η κωδικοποίηση των ποιοτικών μη-δυναδικών μεταβλητών έτσι ώστε να διαμορφωθούν κατηγορίες βάσει των αρχικών οι οποίες ήταν σαφώς διαφοροποιημένες μεταξύ τους ως προς την πιθανότητα θανάτου. Οι μεταβλητές αυτές είναι: το *Είδος εισαγωγής*, *Είδος εγχείρησης*, *Coma*, *hna*, *casetype*. Η διαδικασία με την οποία έγινε η νέα κωδικοποίηση των ποιοτικών μεταβλητών είναι η εξής: Για κάθε μια κατηγορία της εκάστοτε ποιοτικής μεταβλητής υπολογίστηκε η εμπειρική πιθανότητα θανάτου. Κατηγορίες των οποίων οι πιθανότητες ήταν παρόμοιες συγχωνεύτηκαν σε μία κατηγορία οπότε τελικά οι ποιοτικές μεταβλητές προέκυψαν ως εξής:

<b>Είδος εισαγωγής (eisagogi)</b>	
<b>1η κατηγορία</b>	<b>2η κατηγορία</b>
emergency department	other department
surgery	
other hospital	
other ICU	

<b>Είδος εγχείρησης (typesurg)</b>	
<b>1η κατηγορία</b>	<b>2η κατηγορία</b>
όχι	νευροχειρουργική
άγνωστο	καρδιοχειρουργική
θωρακική	κοιλιακή
	ορθοπαιδική
	τραύμα

<b>Κώμα (coma)</b>	
<b>1η κατηγορία</b>	<b>2η κατηγορία</b>
άγνωστο	ναι
όχι	

<b>hna</b>	
<b>1η κατηγορία</b>	<b>2η κατηγορία</b>
άγνωστο	ναι
όχι	

<b>casetype</b>	
<b>1η κατηγορία</b>	<b>2η κατηγορία</b>
προγραμ/η εγχείρηση	επείγουσα εγχείρηση
όχι εγχείρηση	

Η τελική βάση δεδομένων όπως προέκυψε μετά την ανάλυση bootstrap και μετά την κωδικοποίηση των ποιοτικών μεταβλητών φαίνεται στους Πίνακες 3.3α και 3.3β όπου και αναγράφονται τα τελικά διαστήματα εμπιστοσύνης για κάθε μια μεταβλητή.

		1η κατηγορία	2η κατηγορία
<b>ΠΟΙΟΤΙΚΕΣ ΜΕΤΑΒΛΗΤΕΣ</b>	<b>eisagogi</b>	-0,257	0,042
		-0,038	0,265
	<b>surgery</b>	0,025	-0,244
		0,243	-0,025
	<b>typesurg</b>	-0,298	0,067
		-0,069	0,275
	<b>ona</b>	-0,305	0,114
		-0,065	0,515
	<b>arrhythm</b>	-0,341	0,239
		-0,151	0,524
	<b>bleedgas</b>	-0,353	0,128
		-0,067	0,673
	<b>cardrugs</b>	-0,336	0,102
		-0,11	0,304
	<b>coma</b>	0,17	-0,319
		0,56	-0,092
	<b>hemodial</b>	-0,322	0,011
		-0,006	0,599
	<b>hna</b>	0,218	-0,359
		0,677	-0,111
	<b>imnsupr</b>	-0,254	0,003
		-0,002	0,431
	<b>casetype</b>	-0,306	0,088
		-0,087	0,298
	<b>sedated</b>	-0,392	0,037
		-0,054	0,261

**Πίνακας 3.3α:** Διαστήματα εμπιστοσύνης ποιοτικών μεταβλητών

<b>ΠΟΣΟΤΙΚΕΣ ΜΕΤΑΒΛΗΤΕΣ</b>	<b>age</b>	0,139
		0,36
	<b>chrpoint</b>	0,038
		0,245
	<b>sbp</b>	-0,261
		-0,033
	<b>dbp</b>	-0,276
		-0,054
	<b>breath</b>	0,03
		0,224
	<b>urea</b>	0,059
		0,247
	<b>glucose</b>	0,095
		0,291
	<b>creatini</b>	-0,003
		0,211
	<b>fio2</b>	0,088
		0,291
	<b>hco3</b>	-0,261
		-0,034
	<b>gcs</b>	-0,32
		-0,104
<b>estgcs</b>	-0,463	
	-0,281	

**Πίνακας 3.3β:** Διαστήματα εμπιστοσύνης ποσοτικών μεταβλητών

Στο σημείο αυτό αξίζει να σημειωθεί ότι και κατά την εφαρμογή μιας μονομεταβλητής στατιστικής ανάλυσης με μια σχετικά διαδεδομένη διαδικασία που βασίζεται στην καμπύλη ROC, που πραγματοποιήθηκε στην αρχική βάση δεδομένων των 61 μεταβλητών, προκειμένου να επαληθευτούν τα αποτελέσματα, προέκυψαν οι ίδιες ακριβώς ποσοτικές μεταβλητές όπως φαίνονται στον Πίνακα 3.3β (*age-estgcs*), ενώ στην επιλογή των ποιοτικών μεταβλητών υπήρχαν κάποιες διαφοροποιήσεις αφού εξαιρέθηκαν τρεις επιπλέον μεταβλητές οι *eisagogi*, *coma*, *hna*.

### 3.3.2 Αποτελέσματα

#### Αποτελέσματα με βάση το σύνολο δεδομένων των 25 μεταβλητών

Στην παράγραφο αυτή παρουσιάζονται τα αποτελέσματα για τον δείκτη Gini καθώς και για την Μέση και Συνολική ακρίβεια, όπως αυτά προέκυψαν για τις προσθετικές μηχανές διανυσμάτων απόφασης (ASVM) καθώς και για τις υπολογιστικές διαδικασίες PSVM και SVM<sup>light</sup>, για τις 25 μεταβλητές όπως αυτές προέκυψαν από την ανάλυση Bootstrap.

Όπως προκύπτει από τα αποτελέσματα των Πινάκων 3.4-3.7 τα καλύτερα αποτελέσματα τόσο για τον δείκτη Gini όσο και για την Μέση και τη Συνολική ακρίβεια επιτυγχάνονται με τη χρήση της υπολογιστικής διαδικασίας των SVM<sup>light</sup> με την μεγαλύτερη τιμή ίση με 0,696 για τον δείκτη Gini να επιτυγχάνεται για RBF πυρήνα με την παράμετρο  $\sigma = 0,1$  ενώ οι μεγαλύτερες τιμές για τα PSVM και ASVM δεν ξεπερνούν την τιμή 0,625 (χρησιμοποιώντας γραμμικό πυρήνα) και 0,621 αντίστοιχα. Ανάλογη συμπεριφορά παρουσιάζουν και τα αποτελέσματα της Μέσης και της Συνολικής ακρίβειας όπου επίσης τα SVM<sup>light</sup> επιτυγχάνουν τις μεγαλύτερες τιμές 0,753 και 0,755 αντίστοιχα.

Μονάδα Εντατικής Θεραπείας 338x25	
PSVM	
Γραμμικός πυρήνας	RBF
0,625	0,607
	0,606
	0,522
SVMlight	
Γραμμικός πυρήνας	RBF
0,643	0,570
	0,401
	0,696
ASVM	
3 κόμβοι	4 κόμβοι
0,621	0,595

**Πίνακας 3.4:** Αποτελέσματα του δείκτη Gini

Μονάδα Εντατικής Θεραπείας 338x25	PSVM			
	Γραμμικός πυρήνας	RBF0,01	RBF0,05	RBF0,1
	0,726	0,712	0,743	0,713
0,736	0,736	0,736	0,700	

**Πίνακας 3.5:** Αποτελέσματα PSVM

Μονάδα Εντατικής Θεραπείας 338x25	SVM <sup>light</sup>			
	Γραμμικός πυρήνας	RBF0,01	RBF0,05	RBF0,1
	0,753	0,707	0,648	0,647
0,755	0,724	0,679	0,800	

**Πίνακας 3.6:** Αποτελέσματα SVM<sup>light</sup>

Μονάδα εντατικής θεραπείας 338x25	ASVM	
	3 κόμβοι	4 κόμβοι
	0,727	0,706
0,736	0,715	

**Πίνακας 3.7:** Αποτελέσματα ASVM

Όπως έχει ήδη αναφερθεί ο μεγάλος αριθμός μεταβλητών δυσχεραίνει το έργο των ερευνητών που ασχολούνται με την δημιουργία συστημάτων μέτρησης βαρύτητας της νόσου ασθενών που νοσηλεύονται σε μονάδες εντατικής θεραπείας, καθώς αυξάνει τις πιθανότητες παραλείψεων και λαθών κατά τη συλλογή και μηχανογράφηση των δεδομένων. Στη συνέχεια ακολουθεί περιγραφή της περαιτέρω μείωσης των μεταβλητών η οποία πραγματοποιήθηκε με δύο τρόπους α) με 10-fold cross-validation χρησιμοποιώντας τα PSVM και β) με 10-fold cross-validation χρησιμοποιώντας τα ASVM καθώς και τα αποτελέσματα ακρίβειας αυτών.

#### Επιλογή μεταβλητών μέσω των PSVM

Η πρώτη μεθοδολογία που χρησιμοποιήθηκε για τον περαιτέρω περιορισμό των διαστάσεων των μοντέλων βασίστηκε σε μια διαδικασία 10-fold cross validation σε γραμμικά support vector machines και πιο συγκεκριμένα τα Proximal Support Vector Machines. Η χρήση του 10-fold cross validation αποσκοπεί αφενός στην



επίτευξη όσο το δυνατόν καλύτερων αποτελεσμάτων από τη στιγμή που δεν υπήρχε δείγμα ελέγχου και αφετέρου επιτυγχάνεται μια καλύτερη εικόνα για την συμπεριφορά των μεταβλητών και του τρόπου με τον οποίο επηρεάζουν το μοντέλο. Η διαδικασία που ακολουθήθηκε ήταν να ελεγχθεί εάν η μέση τιμή του συντελεστή της κάθε μεταβλητής για τις 10 επαναλήψεις της διαδικασίας του 10-fold cross validation, διατηρεί την ίδια τάση με το διάστημα εμπιστοσύνης κάθε μίας μεταβλητής, όπως αυτό προέκυψε από την ανάλυση Bootstrap. Ο έλεγχος αυτός αποσκοπεί στο να εντοπιστούν εκείνες οι μεταβλητές οι οποίες εμφανίζουν ασταθή συμπεριφορά. Η διαδικασία αυτή επαναλαμβάνονταν όποτε υπήρχε αποχώρηση κάποιας μεταβλητής, μέχρι το σημείο εκείνο όπου οι συντελεστές για όλες τις μεταβλητές να διατηρούν την ίδια τάση με τα αντίστοιχα διαστήματα εμπιστοσύνης.

Μετά από αυτή την διαδικασία οι μεταβλητές από 25 μειώθηκαν στις 16 που φαίνονται στον Πίνακα 3.8 και στη νέα βάση δεδομένων η οποία πλέον αποτελείται από 338 εγγραφές και 17 κριτήρια (16 ανεξάρτητες μεταβλητές συν την εξαρτημένη μεταβλητή του θανάτου) εφαρμόστηκαν οι υπολογιστικές διαδικασίες των Proximal Support Vector Machines, των SVM<sup>light</sup> καθώς και η μεθοδολογία των Προσθετικών μηχανών διανυσμάτων εκπαίδευσης (ASVM).

METABAHTES PSVM 10 fold cross-validation			
typesurg	hemodial	chrpoint	fio2
arrhythm	hna	breath	hco3
bleedgas	imnsupr	urea	gcs
coma	age	glucose	estgcs

**Πίνακας 3.8 :** Αποτελέσματα Γραμμικού 10-fold cross-validation

Τα αποτελέσματα για τον δείκτη Gini καθώς και για την Μερική και Συνολική ακρίβεια παρουσιάζονται στους πίνακες που ακολουθούν:

Μονάδα Εντατικής Θεραπείας 338x17	
<b>PSVM</b>	
Γραμμικός πυρήνας	RBF
0,650	0,626
	0,635
	0,587
<b>SVM<sup>light</sup></b>	
Γραμμικός πυρήνας	RBF
0,663	0,625
	0,494
	0,390
<b>ASVM</b>	
3 κόμβοι	
0,651	

**Πίνακας 3.9 :** Αποτελέσματα του δείκτη Gini

Μονάδα Εντατικής Θεραπείας 338x17	PSVM			
	Γραμμικός πυρήνας	RBF0,01	RBF0,05	RBF0,1
	0,718	0,728	0,732	0,703
0,730	0,755	0,745	0,718	

**Πίνακας 3.10 :** Αποτελέσματα PSVM

Μονάδα Εντατικής Θεραπείας 338x17	SVM <sup>light</sup>			
	Γραμμικός πυρήνας	RBF0,01	RBF0,05	RBF0,1
	0,757	0,736	0,700	0,630
0,761	0,748	0,724	0,670	

**Πίνακας 3.11 :** Αποτελέσματα SVM<sup>light</sup>

ASVM Μ.Ο Μέσης ακρίβειας Μ.Ο Συνολικής ακρίβειας
3 κόμβοι
0,748
0,755

**Πίνακας 3.12 :** Αποτελέσματα ASVM

Το συμπέρασμα που προκύπτει από την παρατήρηση των παραπάνω πινάκων είναι ότι τα γραμμικά SVM<sup>light</sup> είναι αυτά που συμπεριφέρονται πιο καλά από τα υπόλοιπα μοντέλα, τόσο ως προς τον δείκτη Gini αλλά και ως προς τον μέσο όρο της Μερικής και της Συνολικής Ακρίβειας. Πράγματι τα γραμμικά SVM<sup>light</sup> φτάνουν στην τιμή 0,663 για τον δείκτη Gini, ενώ η υψηλότερη τιμή για τον δείκτη αυτό στα PSVM είναι 0,650 όταν χρησιμοποιείται γραμμικός διαχωριστής και στα ASVM 0,651. Παρόμοια εικόνα παρουσιάζουν και τα αποτελέσματα της Μερικής και της Συνολικής Ακρίβειας με την μεγαλύτερη τιμή να αποσπάται για τα γραμμικά SVM<sup>light</sup> (0,757 και 0,761).

#### Επιλογή μεταβλητών μέσω των ASVM

Χρησιμοποιώντας την βάση δεδομένων των 25 μεταβλητών, πραγματοποιήθηκε ανάλυση 10-fold cross-validation με ASVM, οπότε και δημιουργήθηκαν προσθετικές μονομεταβλητές συναρτήσεις. Αξίζει να σημειωθεί στο σημείο αυτό ότι χρησιμοποιήθηκε και στα ASVM η διαδικασία του 10-fold cross-validation αφενός για τους λόγους που αναφέρθηκαν στην προηγούμενη παράγραφο, αφετέρου δε γιατί η ανάλυση ASVM είναι μια πολυμεταβλητή ανάλυση και κάποια άλλη διαδικασία όπως για παράδειγμα η διαδικασία Bootstrap θα απαιτούσε μεγάλο υπολογιστικό φόρτο. Στη συνέχεια ανάλογα με το αν οι μεταβλητές ήταν ποσοτικές ή ποιοτικές, πραγματοποιήθηκαν οι εξής συγκρίσεις: α) για κάθε ποσοτική μεταβλητή  $j$  εξετάστηκε η συνάρτηση  $f_j(x_j)$ , η οποία προσδιορίζει τη συμμετοχή της μεταβλητής στο πολυμεταβλητό μοντέλο, σε σχέση με τη μορφή της συνάρτησης στο μονομεταβλητό μοντέλο που αναπτύσσεται με τη μεταβλητή αυτή. Εάν διατηρούσαν την ίδια τάση η μεταβλητή παρέμενε στην ανάλυση. Ο έλεγχος αυτός αποσκοπεί στον

εντοπισμό εκείνων των μεταβλητών που παρουσιάζουν ασταθή συμπεριφορά δηλαδή άλλη συμπεριφορά όταν εξετάζονται σε ένα μονομεταβλητό μοντέλο και άλλη όταν εξετάζονται στο σύνολο. Τέτοιες μεταβλητές πιθανών παρουσιάζουν αλληλεπιδράσεις με τις υπόλοιπες μεταβλητές με αποτέλεσμα να προκαλούν πρόβλημα ερμηνείας στο μοντέλο. β) Επειδή οι ποιοτικές μεταβλητές μετά την κωδικοποίηση τους κατέληξαν να είναι δίτιμες (γραμμικές) ελέγχθηκαν εάν οι γραφικές τους παραστάσεις, όπως προέκυψαν εάν η μεταβλητή εξεταζόταν μόνη της, ακολουθούν την ίδια τάση με τα πρόσημα των διαστημάτων εμπιστοσύνης της αντίστοιχης μεταβλητής όπως αυτά προέκυψαν από την ανάλυση Bootstrap.

Η διαδικασία αυτή ουσιαστικά στηρίζεται στην ίδια ακριβώς φιλοσοφία με την διαδικασία των PSVM 10-fold cross validation, με την διαφορά ότι η μία μεροληπτεί υπέρ των γραμμικών μοντέλων ενώ η άλλη υπέρ των προσθετικών.

Μετά από αυτή την διαδικασία οι μεταβλητές από 25 μειώθηκαν στις 9 που φαίνονται στον Πίνακα 3.13 και στη νέα βάση δεδομένων η οποία πλέον αποτελείται από 338 εγγραφές και 10 κριτήρια (9 ανεξάρτητες μεταβλητές συν την εξαρτημένη μεταβλητή του θανάτου) εφαρμόστηκαν οι υπολογιστικές διαδικασίες των Proximal Support Vector Machines, των SVM<sup>light</sup> καθώς και η μεθοδολογία των Προσθετικών μηχανών διανυσμάτων εκπαίδευσης (ASVM).

<b>METABAHTES ASVM 10 fold cross-validation</b>		
typesurg	age	fio2
arrhythm	chrpoint	hco3
bleedgas	breath	estgcs

**Πίνακας 3.13 :** Μεταβλητές Προσθετικού 10 fold cross-validation

Τα αποτελέσματα για τον δείκτη Gini καθώς και για την Μερική και Συνολική ακρίβεια παρουσιάζονται στους πίνακες που ακολουθούν.

Μονάδα Εντατικής Θεραπείας 338x10	
<b>PSVM</b>	
Γραμμικός πυρήνας	RBF
0,660	0,624
	0,592
	0,587
<b>SVM<sup>light</sup></b>	
Γραμμικός πυρήνας	RBF
0,652	0,621
	0,494
	0,442
<b>ASVM</b>	
3 κόμβοι	
0,678	

**Πίνακας 3.14 :** Αποτελέσματα του δείκτη Gini

Μονάδα Εντατικής Θεραπείας 338x10	PSVM			
	<i>M.O Μέσης ακρίβειας</i>			
	<i>M.O Συνολικής ακρίβειας</i>			
Γραμμικός πυρήνας	RBF0,01	RBF0,05	RBF0,1	
0,746	0,725	0,713	0,725	
0,764	0,761	0,736	0,721	

**Πίνακας 3.15 :** Αποτελέσματα PSVM

Μονάδα Εντατικής Θεραπείας 338x10	SVM <sup>light</sup>			
	<i>M.O Μέσης ακρίβειας</i>			
	<i>M.O Συνολικής ακρίβειας</i>			
Γραμμικός πυρήνας	RBF0,01	RBF0,05	RBF0,1	
0,735	0,713	0,662	0,640	
0,742	0,730	0,682	0,667	

**Πίνακας 3.16 :** Αποτελέσματα SVM<sup>light</sup>

Μονάδα Εντατικής Θεραπείας 338x10	ASVM
	<i>M.O Μέσης ακρίβειας</i>
	<i>M.O Συνολικής ακρίβειας</i>
	3 κόμβοι
	0,757
	0,761

**Πίνακας 3.17 :** Αποτελέσματα ASVM

Το συμπέρασμα που προκύπτει από την παρατήρηση των παραπάνω πινάκων είναι ότι τα ASVM συμπεριφέρονται καλύτερα από ότι τα PSVM και SVM<sup>light</sup> όσον αφορά στον δείκτη Gini, αφού για τα ASVM φτάνει στην τιμή 0,678 με τις αντίστοιχες τιμές για τα γραμμικά PSVM και SVM<sup>light</sup> να είναι 0,660 και 0,652, ενώ για τα μη-γραμμικά PSVM και SVM<sup>light</sup> ακόμη χαμηλότερα. Σχετικά με τον μέσο όρο της Μέσης ακρίβειας και της Συνολικής ακρίβειας, επίσης τα ASVM συμπεριφέρονται καλύτερα τόσο σε σχέση με τα γραμμικά PSVM και SVM<sup>light</sup> όσο και με τα μη-γραμμικά με μόνη εξαίρεση την Συνολική Ακρίβεια των PSVM η οποία φτάνει την τιμή 0,764 ενώ για τα ASVM η αντίστοιχη τιμή είναι 0,761.

Ένα άλλο σημαντικό γεγονός που θα πρέπει να τονιστεί σχετικά με την σύγκριση των αποτελεσμάτων και για τα τρία σύνολα δεδομένων (για 25, 16 και 9 ανεξάρτητες μεταβλητές), είναι ότι όσον αφορά στη μεθοδολογία των προσθετικών μηχανών διανυσμάτων απόφασης (ASVM,) όσο ο αριθμός των μεταβλητών μειώνεται, τόσο αυξάνεται η προβλεπτική ικανότητα του μοντέλου, αφού το σύνολο δεδομένων με τις 9 μεταβλητές παρουσιάζει τα καλύτερα αποτελέσματα τόσο ως προς τον δείκτη Gini, όσο και ως προς την Μέση και Συνολική ακρίβεια. Στα αποτελέσματα των PSVM και SVM<sup>light</sup> δεν παρατηρείται κάτι αντίστοιχο, δηλαδή σταθερή αύξηση της ακρίβειας πρόβλεψης όσο μειώνονται οι μεταβλητές, ωστόσο τα αρκετά υψηλά ποσοστά ακρίβειας διατηρούνται και για τα τρία σύνολα δεδομένων ανάμεσα στο 70% με 75% για την Μέση και Συνολική ακρίβεια και περίπου στο 65% για τον δείκτη Gini.

Ενδεικτικά στον Πίνακα 3.18 που ακολουθεί παρατίθενται τα συγκριτικά αποτελέσματα για την μεθοδολογία των ASVM στα τρία σύνολα δεδομένων για τον δείκτη Gini.

ASVM	
Μονάδα Εντατικής Θεραπείας 338x26	0,621
Μονάδα Εντατικής Θεραπείας 338x17	0,651
Μονάδα Εντατικής Θεραπείας 338x10	0,678

**Πίνακας 3.18** : Συγκριτικά αποτελέσματα δείκτη Gini

### 3.3.3 Σύγκριση δειγμάτων 9 και 16 μεταβλητών

Στους Πίνακες 3.19 και 3.20 εμφανίζονται τα ονόματα των μεταβλητών καθώς και η σημαντικότητα αυτών για τα δείγματα των 16 και 9 μεταβλητών αντίστοιχα όπως αυτά προέκυψαν με τις διαδικασίες που περιγράφηκαν στην προηγούμενη παράγραφο.

Καταρχήν θα πρέπει να σημειωθεί το δείγμα των 16 μεταβλητών περιέχει όλο το δείγμα των 9 μεταβλητών, καθώς επίσης οι πιο σημαντικές μεταβλητές τόσο για το δείγμα των 16 όσο και για το δείγμα των 9, συμπίπτουν όχι μόνο ως προς το ποιες είναι, αλλά και ως προς την κατάταξή τους με βάση τον βαθμό σημαντικότητας. Αναλυτικότερα η πιο σημαντική μεταβλητή τόσο για το δείγμα των 16 όσο και για το δείγμα των 9 είναι η μεταβλητή *breath* με βαθμό σημαντικότητας 0,178 και 0,204 αντίστοιχα, ενώ και στα δύο δείγματα ακολουθούν οι μεταβλητές *hco3* με βαθμό σημαντικότητας 0,106 (δείγμα 16) και 0,143 (δείγμα 9) και οι μεταβλητές *age* και *estgcs*.

Μεταβλητές	Σημαντικότητα
typesurg	0,046
arrhythm	0,046
bleedgas	0,083
coma	0,016
hemodial	0,015
hna	0,032
imnsupr	0,019
age	0,098
chrpoint	0,058
breath	0,178
urea	0,016
glucose	0,054
fio2	0,086
hco3	0,106
gcs	0,053
estgcs	0,095

**Πίνακας 3.19 :** Σημαντικότητα μεταβλητών στο δείγμα των 16 μεταβλητών

Μεταβλητές	Σημαντικότητα
typesurg	0,050
arrhythm	0,064
bleedgas	0,096
age	0,125
chrpoint	0,080
breath	0,204
fio2	0,113
hco3	0,143
estgcs	0,125

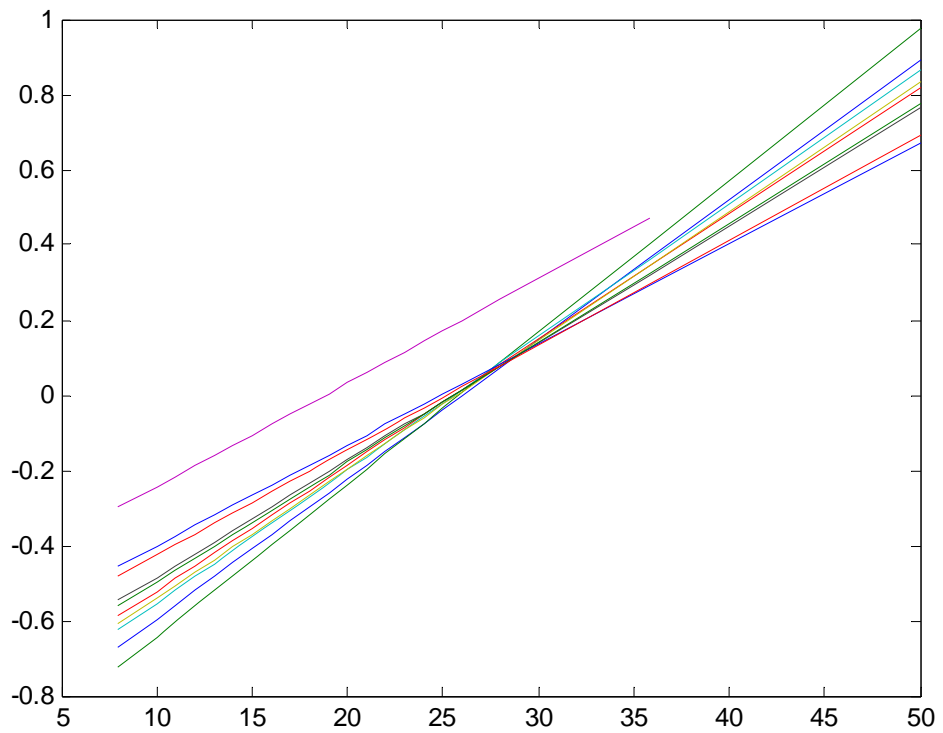
**Πίνακας 3.20 :** Σημαντικότητα μεταβλητών στο δείγμα των 9 μεταβλητών

Στη συνέχεια παρατίθενται γραφικά οι συναρτήσεις  $f_j(x_j)$  για τις πιο σημαντικές μεταβλητές όπως αυτές προέκυψαν από το πολυμεταβλητό μοντέλο των ASVM τόσο για το δείγμα των 16 όσο και για το δείγμα των 9 μεταβλητών. Σε κάθε γράφημα ξεχωρίζουν με διαφορετικό χρώμα δέκα διαφορετικές συναρτήσεις για κάθε μία από τις περιπτώσεις του 10 fold cross-validation.

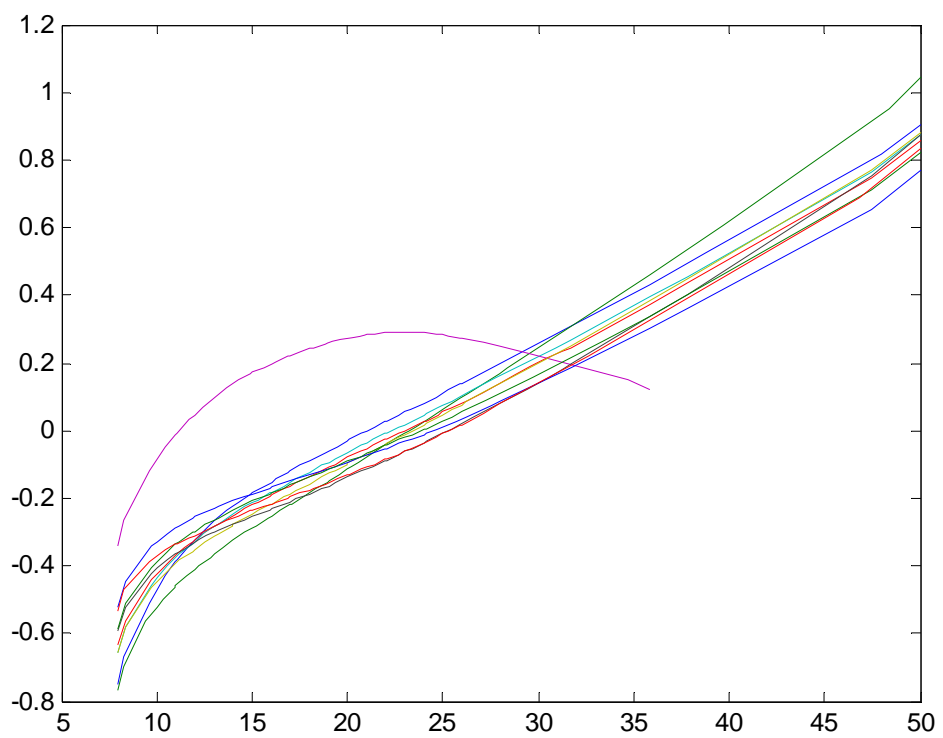
Όπως προκύπτει από το Σχήμα 3.1 και το Σχήμα 3.2 η μεταβλητή *breath* διατηρεί την ίδια τάση, τόσο στο δείγμα των 9 όσο και στο δείγμα των 16 μεταβλητών με μια μικρή διαφορά ως προς τη γραμμικότητα. Η μεταβλητή αυτή φαίνεται να επηρεάζει θετικά στην έκβαση θανάτου αφού όσο αυξάνει η τιμή της



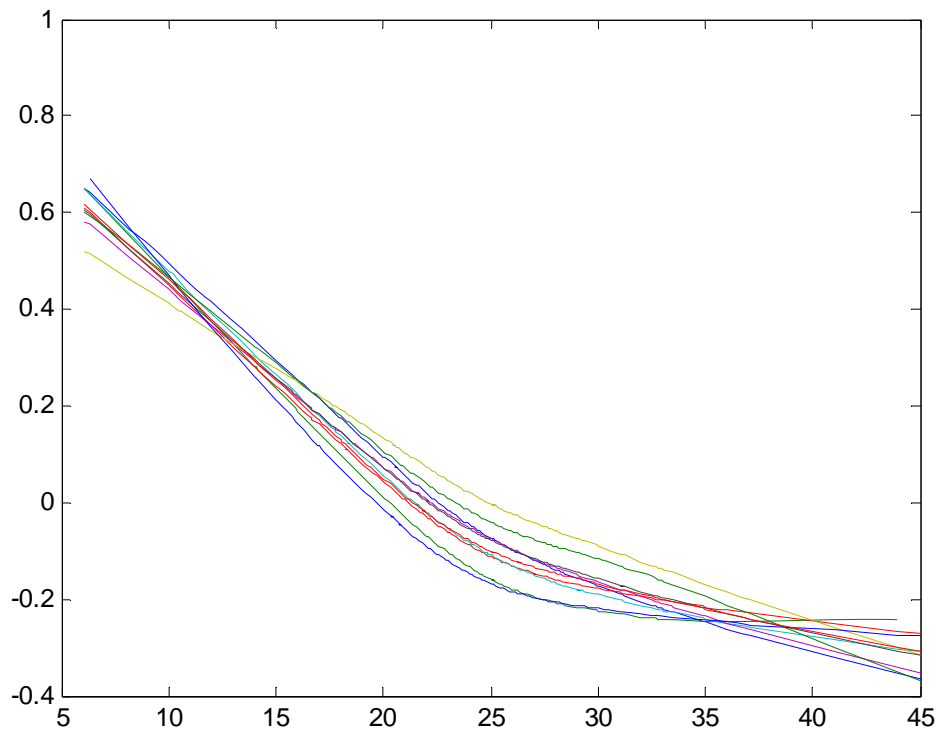
τόσο αυξάνεται η πιθανότητα θανάτου για τον ασθενή. Ομοίως η μεταβλητή  $hco_3$  διατηρεί την ίδια τάση και στα δύο δείγματα όπως φαίνεται στα Σχήματα 3.3 και 3.4, η οποία συμμετέχει αρνητικά στην πιθανότητα θανάτου. Και εδώ παρατηρείται μια μικρή διαφορά ως προς τη γραμμικότητα των συναρτήσεων. Τέλος η μεταβλητή  $estges$  βάσει των Σχημάτων 3.5 και 3.6 εμφανίζεται να επιδρά στην έκβαση θανάτου με πανομοιότυπο τρόπο μη-γραμμικά και στα δύο δείγματα ενώ διατηρεί και την ίδια τάση.



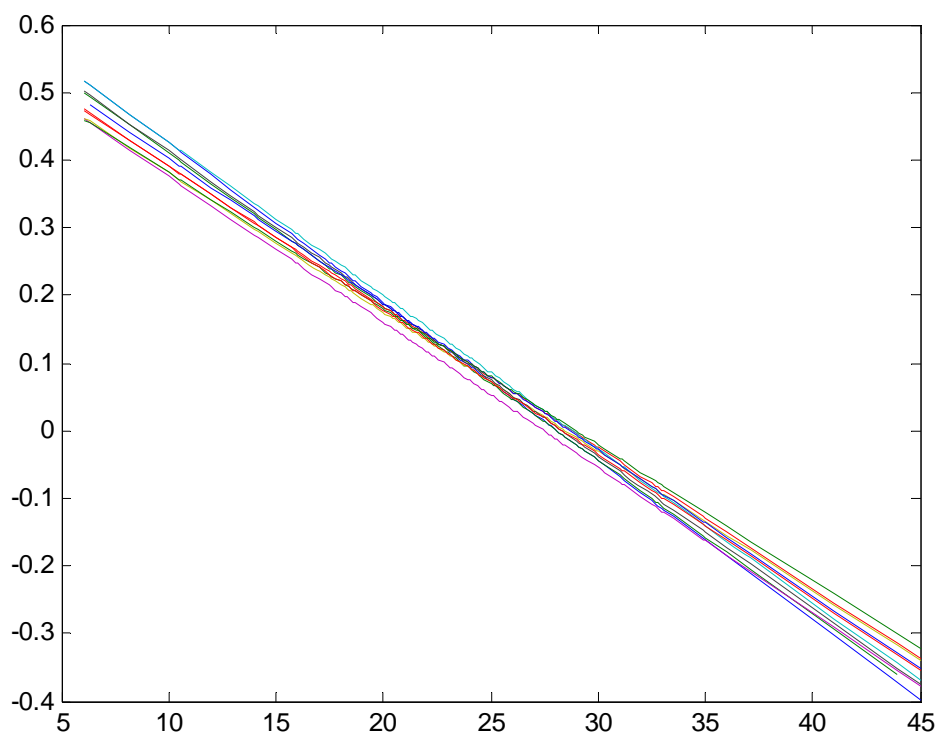
**Σχήμα 3.1:** Μεταβλητή *breath* στο δείγμα των 9 μεταβλητών



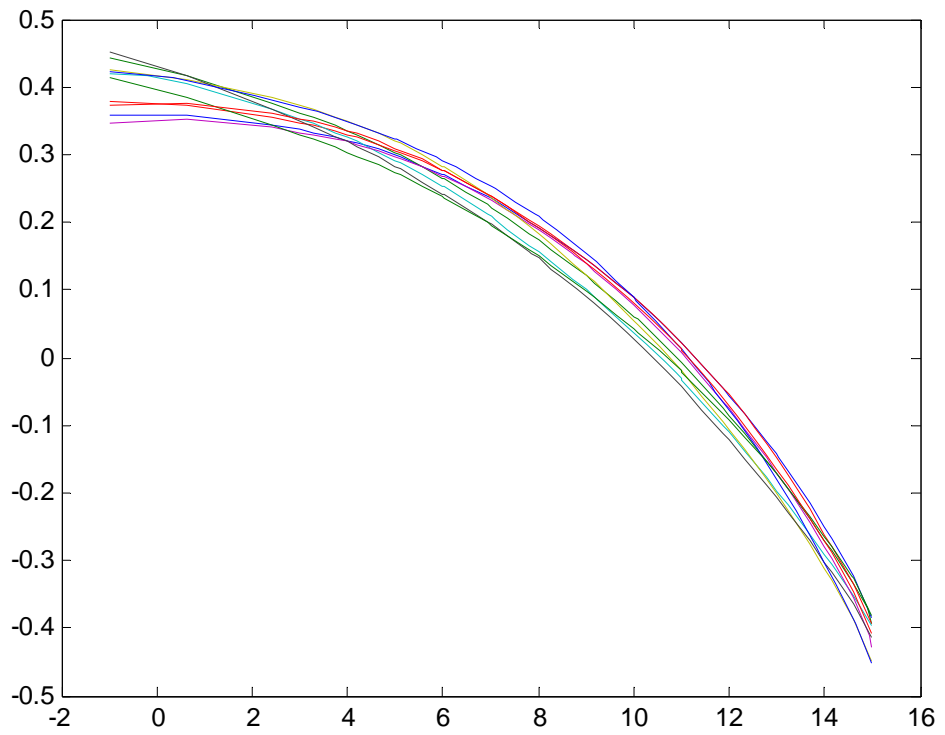
**Σχήμα 3.2:** Μεταβλητή *breath* στο δείγμα των 16 μεταβλητών



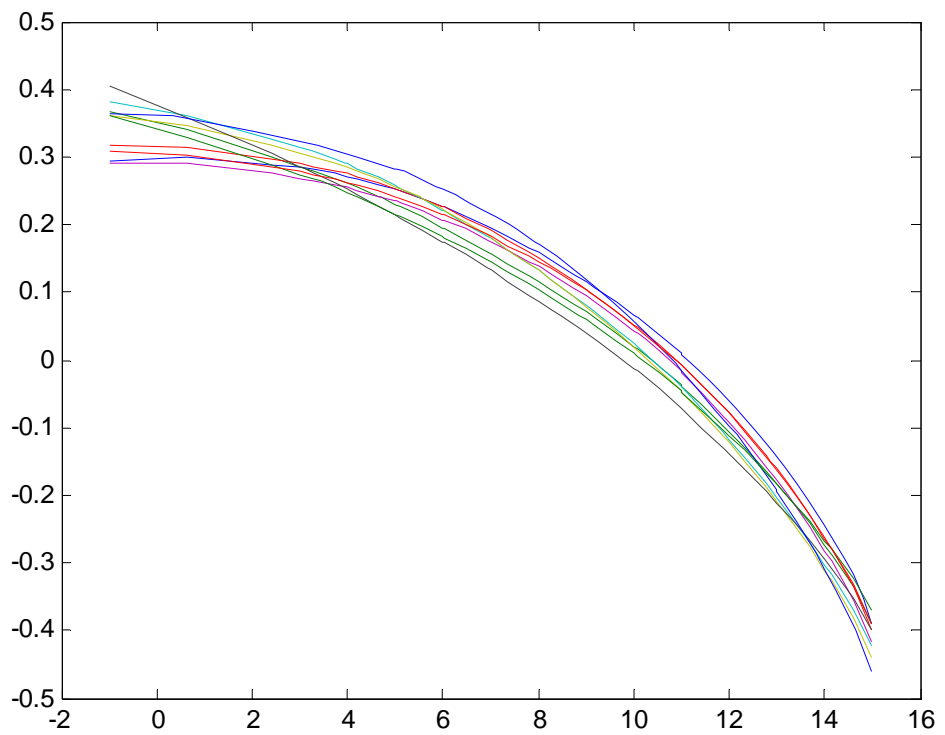
**Σχήμα 3.3:** Μεταβλητή  $hco3$  στο δείγμα των 9 μεταβλητών



**Σχήμα 3.4:** Μεταβλητή  $hco3$  στο δείγμα των 16 μεταβλητών



**Σχήμα 3.5:** Μεταβλητή *estgcs* στο δείγμα των 9 μεταβλητών



**Σχήμα 3.6:** Μεταβλητή *estgcs* στο δείγμα των 16 μεταβλητών

# ΣΥΜΠΕΡΑΣΜΑΤΑ

Θέμα της παρούσας εργασίας ήταν η ανάπτυξη μιας πρωτότυπης μεθοδολογίας ανάπτυξης προσθετικών μηχανών διανυσμάτων υποστήριξης (ASVM), ώστε να εξεταστεί η αποτελεσματικότητά της μέσω κατάλληλης πειραματικής ανάλυσης σε διάφορα σύνολα δεδομένων, ενώ συγχρόνως πραγματοποιήθηκε σύγκριση με δύο υπάρχουσες υπολογιστικές διαδικασίες που χρησιμοποιούν μηχανές διανυσμάτων απόφασης τα Proximal Support Vector Machines (PSVM) και τα SVM<sup>light</sup>. Επιπλέον πραγματοποιήθηκε και μια εκτενέστερη εφαρμογή στην πρόβλεψη ενδονοσοκομειακού θανάτου. Τα συμπεράσματα που προέκυψαν συνοψίζονται στα εξής:

- ✓ Η νέα μεθοδολογία εφαρμογής των μηχανών διανυσμάτων εκπαίδευσης σε προσθετικό μοντέλο δηλαδή τα ASVM συμπεριφέρονται καλύτερα από ότι τα γραμμικά PSVM και SVM<sup>light</sup>, ενώ συγκρίνοντάς τα με τις μη γραμμικές περιπτώσεις, τα ASVM συμπεριφέρονται τουλάχιστον εξίσου καλά με τις ήδη υπάρχουσες μεθοδολογίες των PSVM και των SVM<sup>light</sup>
- ✓ Αναφορικά με τον υπολογιστικό φόρτο, για benchmarks όπου το πλήθος των κριτηρίων δεν είναι πολύ μεγάλο, αλλά για αρκετές εγγραφές τα ASVM συμπεριφέρονται αρκετά καλά γεγονός που οφείλεται στην χρήση των PSVM στο βήμα 2b) της μεθοδολογίας ανάπτυξης προσθετικών μηχανών διανυσμάτων υποστήριξης
- ✓ Οι μεταβλητές που συμμετέχουν στα πιο ευρέως χρησιμοποιούμενα συστήματα μέτρησης της βαρύτητας της νόσου σε ασθενείς που νοσηλεύονται σε κάποια εντατική μονάδα θεραπείας μειώθηκαν αρχικά από 61 σε 25 μετά από ανάλυση Bootstrap και στη συνέχεια ακολούθησε περαιτέρω μείωση σε :

- 9 χρησιμοποιώντας 10-fold cross validation σε γραμμικό μοντέλο PSVM
  - 16 χρησιμοποιώντας 10-fold cross validation σε προσθετικό μοντέλο (ASVM)
- ✓ όσο ο αριθμός των μεταβλητών μειώνεται, τόσο αυξάνεται η προβλεπτική ικανότητα του μοντέλου, αφού το σύνολο δεδομένων με τις 9 μεταβλητές παρουσιάζει τα καλύτερα αποτελέσματα τόσο ως προς τον δείκτη Gini, όσο και ως προς την Μερική και Συνολική ακρίβεια.
- ✓ Η πιο σημαντική μεταβλητή τόσο για το δείγμα των 16 όσο και για το δείγμα των 9 είναι η μεταβλητή *breath* ενώ και στα δύο δείγματα ακολουθούν οι μεταβλητές *hco3 age* και *estgcs*

Μερικές από τις μελλοντικές επεκτάσεις της παρούσας εργασίας θα μπορούσαν να αποτελέσουν η επέκταση της αναπτυσσόμενης μεθοδολογίας σε κάποιο μοντέλο παλινδρόμησης, η σύγκριση της με άλλες στατιστικές και μη παραμετρικές μεθόδους καθώς και η εφαρμογή της μεθοδολογίας και σε άλλα πραγματικά δεδομένα

# ΒΙΒΛΙΟΓΡΑΦΙΑ

- [1] Vapnik, V.N. (1998), “Statistical Learning Theory”, John Willey & Sons, New York
- [2] Jain, Anil.K, Fellow, IEEE, Duin, Robert P.W. and Mao, Jianchang. Senior Member, IEEE. (2000), “Statistical Pattern Recognition: A Review”, IEEE TRANSACTIONS ON PATTERN ANALYSIS AND MACHINE INTELLIGENCE, VOL 22, NO. 1
- [3] Vapnik, V., (1995), “The Nature of Statistical Learning Theory”, Springer-Verlag, New York
- [4] Doumpos, M., Gkolfinopoulou, V. and Zopounidis, C., (2006), “Additive Support Vector Machines for Pattern Classification”, To be published
- [5] Plat, J., C.,( ) “Fast Training of Support Vector Machines using Sequential Minimal Optimization”
- [6] Osuna, E Freund, R.and Girosi, F. “An improved training algorithm for support vector machines”, In J. Principe, L. Gile, N. Morgan, and E. Wilson, editors,Neural Networks for Signal Processing VII | Proceedings of the 1997 IEEE Workshop, pages 276-285, New York, 1997a. IEEE.
- [7] Thorsten, J., (1998), “Making Large-Scale SVM Learning Practical”, MIT press, Cambridge,USA
- [8] Fung, G., Mangasarian, Olvi,L., (2001), “Proximal Support Vector Machine Classifiers”. Technical Report 00-02, Data Mining Institute Computer Sciences Department, University of Wisconsin
- [9] Lee, Yuh-Jye. and Mangasarian, Olvi L.,(2000), ”RSVM: Reduced Support Vector Machines”
- [10] McCullagh,P. and Nelder,J., (1989), “Generalized Linear Models”, Chapman and Hall
- [11] Hastie, T. and Tibshirani, R.,(1995), “Generalized Additive Models for medical research”, Statistics in Medical Research 4, 187-196
- [12] Brieman,L. and Friedman, J.H., (1985), “Estimating optimal transformations for multiple regression and correlation”, J. Amer. Statist. Assoc., **80**, 580-619

- [13] Stone, C.J., (1986), “The dimensionality reduction principle for generalized additive models”, *Ann.Statist.*, **14**, 590-606
- [14] Stone, C.J. and Cha-Yoo Koo, (1986), “Additive splines in statistics”, *Ann. Amer. Statist. Assoc. Meeting, Computing Section*
- [15] Hastie, T. and Tibshirani, R., (1986), “Generalized additive models”, *Statist. Science*, **1**, 297-318
- [16] Hastie, T. and Tibshirani, R., (1987), “Generalized additive models: some applications”, *J. Amer. Statist. Assoc.*, **82**, 371-386
- [17] Buja, A., Hastie, T. and Tibshirani, R., (1989), “Linear smoothers and additive models”, *Ann. Statist.*, **17**, 453-555
- [18] Tibshirani, R., (1988), “Estimating transformations for regression via additivity and variance stabilization”, *J. Amer. Statist. Assoc.*, **83**, 394-405
- [19] Friedman, J.H. and Silverman, B.W., (1989), “Flexible parsimonious smoothing and additive modelling”, *Technometrics*, **31**, 3-39
- [20] Hastie, T. and Tibshirani, R., (1990) “Generalized Additive Models”, Chapman and Hall, London
- [21] Breiman, L., (1990), “The little bootstrap and other methods for dimensionality selection in regression: X-fired prediction error”, *J. Amer. Statist. Assoc.*, **87**, 738-754
- [22] Kooperberg, C., Stone, C. and Truong, Y., (1993), “Hazard regression”, Technical report, Dept of statistics, Univ. of Cal. Berkeley
- [23] Green, P. and Silverman, B., (1994), “Nonparametric regression and generalized linear models: a roughness penalty approach”, Chapman and Hall
- [24] Hastie, T. and Tibshirani, R., (1996), “Discriminant analysis by Gaussian mixture estimation”, *J. Royal Statist. Soc. (Series B)*, **58**, 155-176
- [25] HP Labs, Alto, P., CA, (2003), “ROC Graphs: Notes and Practical Considerations for Resaerchers”, Technical Report HPL-2003-4
- [26] Bradley, A. P., (1997), “The use of area under the ROC curve in the evaluation of machine learning algorithms”, *Pattern Recognition* **30**(7), 1145-1159
- [27] Hanley, J.A and McNeil, B.J., (1982), “The Meaning and Use of the Area under a Receiver Operating Characteristic (ROC) Curve”, *Radiology* **143**, 29-36
- [28] Sutter P., Armaganidis A., Beaufils F., Bonfill X., et al. 1994. Consensus conference organized by the ESICM and the SRLF. Predicting outcome in ICU patients. *Intensive Care Med*, **20**: 390-397



- [29] Chalfin D.B., Cohen I.L., Lambrinos J., 1995. The economics and cost-effectiveness of critical care medicine. *Intensive Care Med*, 21: 952-961
- [30] Armaganidis A. Intensive care in developed and developing countries: are comparisons of ICU performance meaningful? *Intensive Care Med* 1998, 24: 1126-1128.
- [31] Σπάρος Λ.Δ., Λάμπρου Α., Μέλλου Κ., 2005. *Επιδημιολογία II*. Εκδ. Βήτα, Αθήνα
- [32] Gunning K, Rowan K. ABC of intensive care. Outcome data and scoring systems. *BMJ* 1999, 319: 241-244
- [33] Watts CM, Knaus WA. The case for using objective scoring systems to predict intensive care unit outcome. *Critical Care Clinics* 1994, 10: 73-89
- [34] Seneff M., Knaus W.A., 1989. APACHE: A Prognostic Scoring System. In: Farmer J.C., ed. *Problems in Critical Care. Prognostic Scoring Systems in the ICU*. Philadelphia, J.B. Lippincott Company, 563-577
- [35] Knaus WA., Zimmerman JE, Wagner DP, Draper EA, et al. APACHE-acute physiology and chronic health evaluation: a physiologically based classification system. *Crit Care Med* 1981, 9: 591-596
- [36] Knaus W.A., Le Gall J.R., Wagner D.P., Draper E.A., et al. 1982a. A comparison of intensive care in the U.S.A and France. *Lancet*, ii: 642-646
- [37] Knaus W.A., Draper E.A., Wagner D.P., et al. 1982b. Evaluating outcome from intensive care: A preliminary multihospital comparison. *Crit Care Med*, 10: 491
- [38] Wagner D.P., Draper E.A., Abizanda Campos R., et al. 1984. Initial international use of APACHE: an acute severity of disease measure. *Med Decis Making*, 4: 297
- [39] Cowen JS, Kelley MA. Errors and bias in using predictive scoring systems. *Critical Care Clinics* 1994; 10: 73-89
- [40] Le Gall JR, Loirat P, Alperovitch A, et al. A simplified acute physiology score for ICU patients. *Crit Care Med* 1984, 12: 975-976
- [41] Knaus WA, Draper EA, Wagner DP, Zimmerman JE. APACHE II: A severity of disease classification system. *Crit Care Med* 1985, 13: 818.
- [42] Knaus WA, Wagner DP, Draper EA, Zimmerman JE, et al. The APACHE III prognostic system. Risk Prediction of Hospital Mortality for Critically III Hospitalized Adults. *Chest* 1991, 100: 1619-1636

- [43] Le Gall JR, Lemeshow S, Saulnier F. A new Simplified Acute Physiology Score (SAPS II) based on a European/North American Multicenter study. *JAMA* 1993, 270: 2957-2963
- [44] Vazquez G., Benito S., River R., et al, 2003. Simplified Acute Physiology Score III: A project for a new multidimensional tool for evaluating intensive care unit performance. *Crit Care*, 7 (5), 345-346
- [45] Teres D, Lemeshow S, Harris D, Klar J. Mortality Prediction Models (MPM) for ICU patients. In: Farmer JC (ed) *Problems in Critical Care. Prognostic Scoring Systems in the ICU*. Philadelphia, J.B. Lippincott Company, 1989: 585-598
- [46] Lemeshow S., Teres D., Klar J., et al. 1993. Mortality Probability Models (MPM II) based on a international cohort of intensive care unit patients. *JAMA*, 270 (20), 2478-2486
- [47] Lemeshow S., Teres D., Avrunin J.S., et al. 1988. Refining intensive care unit outcome prediction by using changing probabilities of mortality. *Crit Care Med*, 16: 470
- [48] Lemeshow S, Le Gall JR. Modeling the Severity of Illness of ICU Patients – A Systems Update. *JAMA* 1994, 272: 1049-1055
- [49] Shann F., 2000. Mortality prediction model is preferable to APACHE. *BMJ*, 320: 714
- [50] Moreno RPJ. Performance of the ICU. Are we able to measure it? (Dissertation) Groningen, the Netherlands: University of Groningen, 1997, p. 7