

# 遺伝的プログラミングを用いた 術中低血圧発生リスク予測手法の検討

山崎 雄貴<sup>1,a)</sup> 土井 千章<sup>1</sup> 稲田 大陸<sup>1</sup> 関 博志<sup>2,3</sup> 重野 寛<sup>1</sup>

**概要:** 全身麻酔薬の投与は、患者の状態や薬の投与量によって、高度な低血圧を引き起こすことがある。術中低血圧は、心筋梗塞や腎障害などの有害事象を引き起こし、患者予後を悪化させる可能性がある。そのため、手術前に術中低血圧の発生リスクを予測し、各患者の状態に合わせて麻酔薬の投与量を調節することで、その発生を回避することが重要である。本稿では、遺伝的プログラミングを用いて、年齢や性別、術式などの患者情報やバイタルデータ、麻酔前問診票を含む電子麻酔記録データから新たな特徴量を生成し、術中低血圧の発生リスクを予測する。ロジスティック回帰手法を用いて、発生リスクを予測するモデルを構築した結果、Accuracy 0.716 の精度で予測できることを確認した。

## 1. はじめに

近年、医療現場では、AI や IoT 技術を活用した高度で先進的な医療サービスの発達により、より多くの病気の治療が可能となっている [1]。具体的には、患者に装着した医療機器や患者が手術前に回答を行う問診票などからデータを収集し、分析することで、医師が病気の治療方針や手術計画を立てるサポートを行うことが可能になっている。

収集されるデータの 1 つに電子麻酔記録データがある。電子麻酔記録データは、患者の心拍数や血圧、術中のイベントなどのデータを含む。電子麻酔記録データの収集により、業務の効率化と同時に蓄積したデータを様々な病気の治療のために活用することが可能となっている。

手術時の全身麻酔薬の投与は、医師が患者の状態を鑑みて、麻酔薬の投与量を決定する。患者の状態と麻酔薬の投与量によっては、麻酔薬の投与後に高度な低血圧（以下、術中低血圧）を引き起こすことがある。しかし、術中低血圧の発生リスクを予め予測することは困難である。また、術中低血圧は、心不全や心筋梗塞、腎障害などの有害事象 [2] を引き起こし、患者予後を悪化させる可能性がある。そこで、著者らは、電子麻酔記録データを活用し、手術前

に術中低血圧の発生リスクを予測することができれば、各患者の状態に合わせて麻酔薬の投与量を調節することが可能になり、術中低血圧の発生を回避することができると考えた [3] [4]。

そこで、年齢や性別、術式などの患者データや収縮期血圧や平均血圧などのバイタルデータ、喫煙の有無や心臓病の既往、常用薬の有無などの麻酔前問診票データを含む電子麻酔記録データを用いた術中低血圧の発生リスクの予測を行う。既存研究において、既に機械学習手法を用いることで術中低血圧の発生リスクの予測を行っているが、まだ精度は十分ではなく、精度向上が課題となっている。本稿では、術中低血圧の発生リスクの予測精度向上を目的とし、遺伝的プログラミングを用いた術中低血圧発生リスク予測手法の検討を行う。検討において、電子麻酔記録データに含まれる「身長」や「体重」などの数値変数に着目し、遺伝的プログラミングを用いることで、既存の数値変数から新たな特徴量の生成を行う。

使用したデータは、東京歯科大学市川総合病院で予定された手術を受けた 18 歳以上の患者のうち 1053 件の電子麻酔記録データを抽出し、用いた。また、術中低血圧の解析を行うために、事前に術中低血圧定義を麻酔科医らとの相談の上、決定した。

以下、本稿では、2 章では関連研究について述べ、3 章では本研究で用いたデータセットについて説明する。4 章では遺伝的プログラミングを用いた術中低血圧発生リスク予測手法を検討する。5 章では評価を示し、最後に 6 章で結論を述べる。

<sup>1</sup> 慶應義塾大学大学院理工学研究科  
Graduate School of Science and Technology, Keio University  
<sup>2</sup> 東京歯科大学市川総合病院麻酔科  
Department of Anesthesiology, Tokyo Dental College,  
Ichikawa General Hospital  
<sup>3</sup> 杏林大学医学部麻酔科  
Department of Anesthesiology, Kyorin University, School of  
Medicine  
a) yuki-yamasaki@mos.ics.keio.ac.jp

## 2. 関連研究

術中低血圧の発生リスク予測に関する研究を紹介した後、術中低血圧の発生リスクの予測精度向上のための主なアプローチ（データ拡張、特徴量生成）について紹介する。

### 2.1 術中低血圧の発生リスク予測に関する研究

#### 2.1.1 麻酔薬導入後低血圧の予測因子調査

Reich ら [5] は、患者のデータを多変量解析することにより全身麻酔薬投与後の術中低血圧を来す要因を明らかにした。この研究では、術中低血圧の定義を平均血圧が 70mmHg 未満とした。そして、全身麻酔で手術を受けた 4,096 人分の患者データを分析した。その結果、重度の低血圧を回避するためには、年齢が 50 歳以上かつ ASA-PS3(米国麻酔学会術前状態分類。1-6 の 6 つのクラスにされ、数字が大きいくほど全身状態が悪いことを示す。3 は高度の全身疾患を有する) 以上の患者にはプロポフォール（国内外で最も広く使用されている麻酔導入薬）以外の薬剤による麻酔導入を検討する必要があること、投与前に平均血圧が 70mmHg 未満の患者に対してはプロポフォールの投与を避けることが重要であることを明らかにした。

#### 2.1.2 動脈圧波形を用いた手術中の低血圧予測

Hatib ら [6] は、1334 人の患者データと高精度の動脈圧波形から Hypotension Prediction Index (HPI) アルゴリズムを用いて、低血圧が今後 5-15 分で発生する確率を示した。この研究では、術中に少なくとも 1 分以上平均血圧が 65mmHg 以下となる状態を低血圧、平均血圧が 75mmHg 以上の状態を非低血圧と定義した。このアルゴリズムは、5 つの異なるフェーズに分割された動脈圧波形から、時間や振幅などの複数の特徴を抽出し、モデルの構築を行った。低血圧発生前 15 分前のデータから、感度 88%、特異度 87% で低血圧が起こる確率を予測した。しかし、予測精度を向上させるために、術中に少なくとも 1 分以上平均血圧が 65mmHg 以下となる状態を低血圧、平均血圧が 75mmHg 以上の状態を非低血圧と定義し、明確に低血圧判定を行うことが困難である平均血圧が 65mmHg より大きく 75mmHg 未満の患者を学習及び検証用データから除外した。また、術中の低血圧発生前 5-15 分のデータを用いて予測を行っているため、術前の低血圧は予測できない。

### 2.2 術中低血圧の発生リスクの予測精度向上のための主なアプローチに関する研究

#### 2.2.1 条件付き GAN を用いた表形式データモデリング

Xu ら [7] は、条件付き GAN を用いた表形式データセットのモデリング手法を提案した。表形式データは画像データとは異なり、連続変数とカテゴリカル変数が存在する。連続変数に関しては、数値の分布に従ってモデリングが従

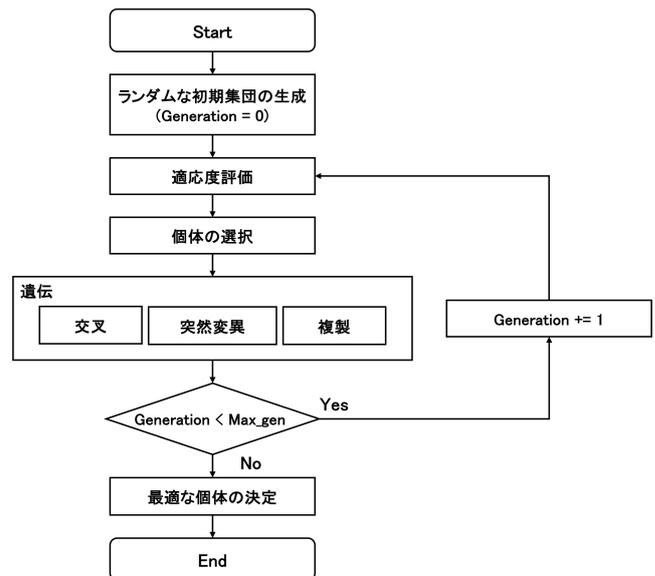


図 1: 遺伝的プログラミングの流れ

来手法でも可能である。しかし、カテゴリカル変数は、不均衡な場合があるため、既存の統計的およびニューラルネットワークでのモデリングが困難である。これらの課題を解決するために条件付き GAN を採用した。混合ガウスモデル (VGM) を使用して、連続変数の分布をモデリング後、それぞれの値に対して各モードの確率を計算し、正規化を行う。

条件付きベクトルとジェネレータ損失、サンプリングの 3 つによって学習プロセスは構成されている。条件付きベクトルとは、すべての離散化された列を連結されたベクトルを表し、ただ 1 つのカテゴリのみが選択されたベクトルである。例えば、2 種類のカテゴリカル変数 ( $cat1 = [1, 2, 3]$ ,  $cat2 = [1, 2]$ ) の場合、条件 ( $cat1 = 1$ ) はそれぞれに対して、マスクベクトル  $m1 = [1, 0, 0]$ ,  $m2 = [0, 0]$  と表され、最終的に  $cond = [1, 0, 0, 0, 0]$  とし連結される。これらのベクトルを生成器にいれ、データを生成する。そして、判別機で判別する。条件付き GAN を用いて生成されたデータセットを訓練データに追加することによって精度の向上を目指す。しかし、この研究の課題は、条件付き GAN 自体の訓練に多量のデータセットを必要とするため、データセットの件数や質によって、データ生成の精度が低下する可能性がある。

#### 2.2.2 遺伝的プログラミング

遺伝的プログラミングの流れについて図 1 に示す。遺伝的プログラミングは、遺伝的アルゴリズムの拡張として提案された手法である。遺伝的アルゴリズムは、他の関数の解を求めるための関数を求めることができる。遺伝子の表現には、木構造を用いる。木の節には演算子が入り、葉にはデータセットに含まれる特徴量が入る。個体の評価値である適応度を最大化するように遺伝子を交配させ、進化させていくことが可能である。ランダムに初期集団を生成

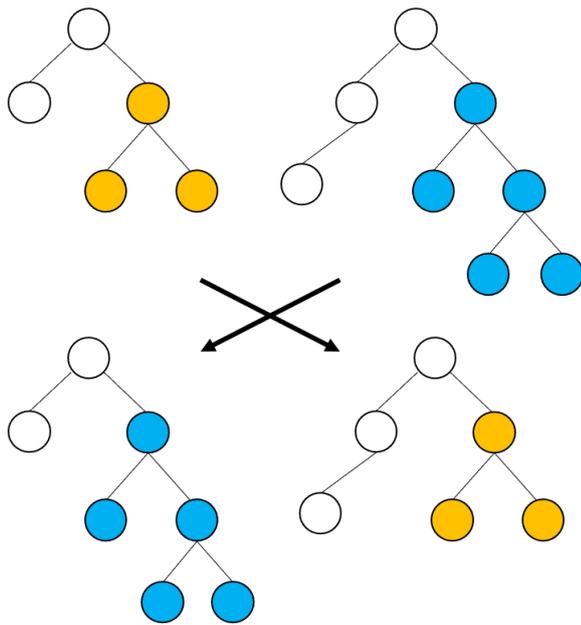


図 2: 交叉の例

し、選択や交叉、突然変異、複製を行う。

### ランダムな初期集団の生成

ランダムに木構造で表される個体を生成する。生成された個体は、優れている個体から優れていない個体まで存在する必要があり、これらの個体を元に世代を経ることで進化させていく。

### 選択

適応度を評価したあとに、集団の中から次世代に残す個体を選択を行う。選択方法には、エリート選択やルーレット選択、トーナメント選択などがある。

### 交叉

ランダムに選択された個体の部分木を他の部分木と入れ替える。交叉の例を図 2 に示す。これによって、優れた個体同士を交配させ、より優れた個体を生成しようと試みる。

### 突然変異

ランダムに選択された部分木をランダムに生成された部分木との入れ替えや削除を行う。

### 複製

選択された木をそのまま次世代に残す。

### 2.2.3 遺伝的プログラミングを用いた分類問題のための特徴量生成

Jianbin ら [8] は、2つの適応度関数を遺伝的プログラミングを用いた特徴量生成の方法を提案した。従来用いられていた遺伝的プログラミングを用いた特徴量生成は、フィルターベースとラッパーベースの2つがある。フィルターベースの特徴量構築手法は、情報利得 (IG) や情報利得比 (IGR) などの情報理論的尺度に基づいて遺伝子の最適化を行う方法である。一方で、ラッパーベースの特徴量生成手法は、機械学習モデルの予測精度によって各遺伝子の評価を行う方法である。ラッパーベースの特徴量生成方法は、

表 1: 電子麻酔記録データ

患者データ	
データ項目	記載例
年齢	32, 44, 77
性別	男性/女性
身長 (cm)	159.3, 172.5
体重 (kg)	57.1, 42.5
診療科	整形外科, 眼科
ASA-PS	1/2/3/4
手術部位	下腹部内臓
手術開始時間	2019/03/08 13:00
麻酔科担当医	担当医 No.1, 2, 3
麻酔法	1/2/3/4
バイタルデータ	
データ項目	記載例
平均血圧	56, 68
収縮期血圧	79, 84
麻酔前問診票データ	
質問項目	選択肢
喫煙の有無	はい/いいえ/以前吸っていた 喫煙年数 (-5/6-10/11-20/20-) 喫煙本数 (-10/10-20/20-40/40-)
いびきの有無	はい/いいえ
喘息の有無	はい/いいえ
肺気腫・COPDの有無	はい/いいえ
普段の血圧	(例) 120.0, 135.0
高血圧の有無	はい/いいえ
心臓病の既往	はい/いいえ, 心臓疾患名
脳血管疾患の既往	はい/いいえ, 脳血管疾患名
高血糖の指摘	はい/いいえ
腎疾患の指摘	はい/いいえ
肝疾患の指摘	はい/いいえ
常用薬の有無	はい/いいえ, 常用薬名

使用した機械学習モデルの種類に依存する。

この研究では、これら2つのアプローチを組み合わせた Hybrid-GPFC (Hybrid-Genetic Programming Feature Creation) を提案した。データセットは訓練データとテストデータに分割され、訓練データを用いて特徴量生成を行う。遺伝的プログラミングには、生成された特徴量の評価を行うために、フィルタ適応度関数とラッパー適応度関数を組み合わせたハイブリッド適応度関数が組み込まれている。遺伝的プログラミングは、優秀な遺伝子が生成された場合でも交叉の過程で消えてしまう可能性があるため、遺伝子を格納するためのストレージを用意する。最終的に、規定の世代まで達した時点で最も優れていた  $\beta$  個の個体をテストデータに対して追加し、評価を行う。

### 3. データセット

使用したデータは、倫理委員会の審査の承認後 (承認番号: 20190826), 2018年10月1日から2019年9月30日の間に東京歯科大学市川総合病院で予定された手術を受けた18

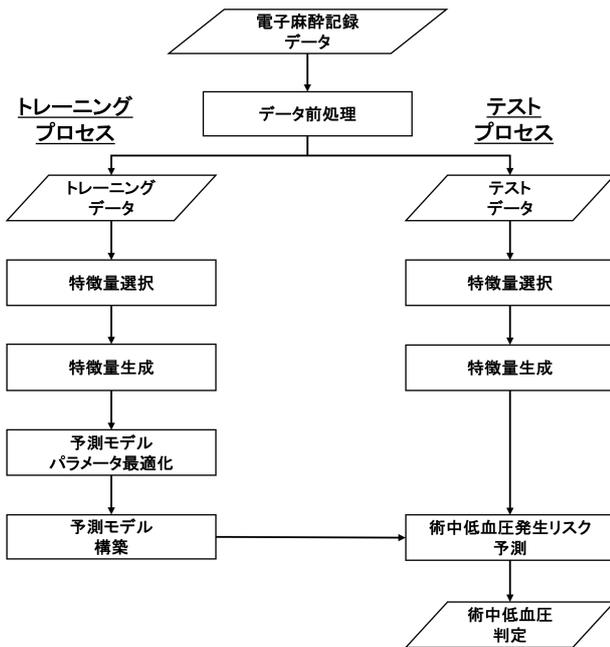


図 3: 術中低血圧発生リスク予測モデル構築

歳以上の患者のうち 1053 件の電子麻酔記録データを抽出した。

電子麻酔記録データは、表 1 に示すように、患者データ、バイタルデータ、麻酔前問診票データの 3 つのデータを含む。患者データには、年齢や性別、麻酔法などの患者と手術に関する基本情報が含まれる。バイタルデータには、収縮期血圧や平均血圧などの情報が含まれる。麻酔前問診票データには、喫煙の有無や心臓病の既往、常用薬の有無などの情報が含まれる。

#### 4. 遺伝的プログラミングを用いた術中低血圧発生リスク予測手法

本節では、予測モデルの構築方法について説明する。図 3 に術中低血圧の発生リスクの予測モデル構築の流れを示す。事前に術中低血圧を定義した後、予測モデルを構築した。

##### 4.1 術中低血圧定義

術中低血圧とは、手術中に発生する高度な低血圧である。術中低血圧定義に関しては、収縮期血圧と平均血圧のいずれか、もしくは両方の絶対的基準もしくは相対的基準で定義されており、異なる 130 種類以上の基準が提唱されている [9]。本稿では、麻酔科医らと相談の上、収縮期血圧が術中に 80mmHg 未満となる状態と定義した。図 4 に年齢ごとの有害事象が発生した症例数を示す。

##### 4.2 予測モデル

###### 4.2.1 前処理

前処理として、連続変数とカテゴリカル変数の欠損値処

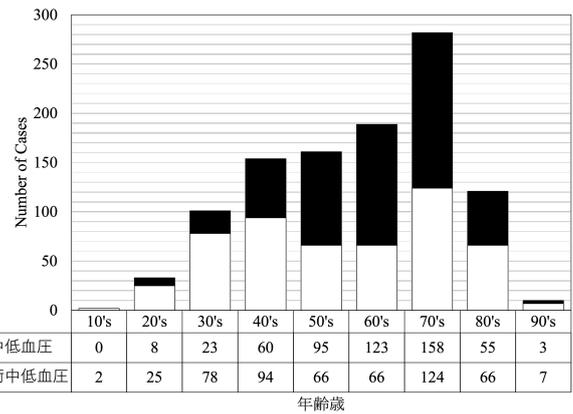


図 4: 年代別術中低血圧発生件数

理と特徴量選択を行った。

##### 連続変数

欠損値のうち、連続変数は主に「身長」「体重」であった。データセット内に同一人物の手術が存在していた場合、その値で補完した。その後、正規化を行った。

##### カテゴリカル変数

欠損している値が存在するカテゴリカル変数は除外した。その後、ダミー変数化を行った。

##### 特徴量選択

遺伝的プログラミングは、遺伝子ごとにモデルを構築して評価するため、膨大な計算量になる。そのため、予測に寄与しない特徴を除去し、計算コストを削減するために、事前に特徴量選択を行う。特徴選択には、Recursive feature elimination(RFE) [10] を用い、RFE の外部推定には、Random Forest を用いた。ダミー変数化後の特徴数は 130 で、貢献度上位 25 の特徴が RFE によって選択された。

###### 4.2.2 遺伝的プログラミングを用いた予測モデル構築

遺伝的プログラミングによって、既存の特徴量を組み合わせ生成可能な特徴量を用い、術中低血圧の発生リスクを予測する。訓練データに対するモデルの評価指標 (Accuracy, Precision, Recall, F-measure, AUC) を適合度として、既存の特徴量から四則演算、論理演算、変数変換などを用いて新たな特徴量を生成し、遺伝的プログラミングを用いて進化させる。そして、規定世代に達した後に最も精度を向上する特徴量を追加するという処理を繰り返す。精度向上が出来なかった場合は、特徴量の追加を拒否し、再度特徴量の生成を行う。

##### 4.3 実験と評価

###### 4.3.1 パラメータ

実験で使用した遺伝的プログラミングのパラメータを表 2 に示す。特徴量の生成には、加算や減算、乗算、除算の 4 つの基本演算を用いた。既存の特徴量に含まれていた数値変数の多くが予測に寄与していたため、特徴量生成に数値変数を用いた。数値変数は、「年齢」や「身長」、「体重」、

表 2: 遺伝的プログラミングのパラメータ

患者データ	
パラメータ	設定値
初期個体数	300
選択方法	トーナメント選択 (Size = 10)
交叉確率	80%
変異確率	10%
最大世代数	10
木の深さ	3
演算子	加算/減算/乗算/除算

「収縮期血圧 (SBP)」、「平均血圧 (MBP)」の 5 つである。また、被験者の数やクロスオーバー確率、突然変異確率などのパラメータについては、複数のパラメータを試し、最も良い結果が得られたものを採用した。

#### 4.3.2 比較モデル

分類問題において一般的に用いられる機械学習手法のうち、以下の 5 つのモデル、Support Vector Machine (SVM) [11], Logistic Regression (LR) [12], Random Forest (RF) [13], Gradient Boosting Machine (GBM) [14], eXtra Gradient Boosting Machine (XGB) [15] を用いて、比較を行った。SVM は、主に教師付き学習の分類問題に用いられ、サポートベクトルからのマージンを最大化する手法である。LR は、ベルヌーイ分布に従う変数に対する統計的回帰モデルの一種である。RF は、決定木を用いたアンサンブル手法で、決定木の予測結果の多数決で予測を行う。GBM は、勾配降下法を用いて損失関数を最適化するブースティング法である。XGB は、複数の決定木を用いたブースティング法である。

#### 4.3.3 評価指標

有害事象リスク予測モデルの予測精度を確認するために、Accuracy, Precision, Recall, F-measure の 4 つの評価指標を算出する。各評価指標は次式 1, 2, 3, 4 で与えられる。TP は真陽性、FP は偽陽性、TN は真陰性、FN は偽陰性である。本稿では、Accuracy で予測精度を評価する。評価方法としては、10 分割交差検証を採用した。

$$Accuracy = \frac{TP + TN}{TP + FP + TN + FN} \quad (1)$$

$$Precision = \frac{TP}{TP + FP} \quad (2)$$

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN} \quad (3)$$

$$F - measure = \frac{2 * Precision * Recall}{Precision + Recall} \quad (4)$$

#### 4.3.4 予測精度比較

各機械学習手法の Accuracy の比較を図 5 に示す。Precision, Recall, F-measure の比較もそれぞれ図 6, 7, 図 8 に示す。最も高い精度で術中低血圧発生リスクを予測できていたのは、LR で特徴量選択+特徴量生成をする場合に

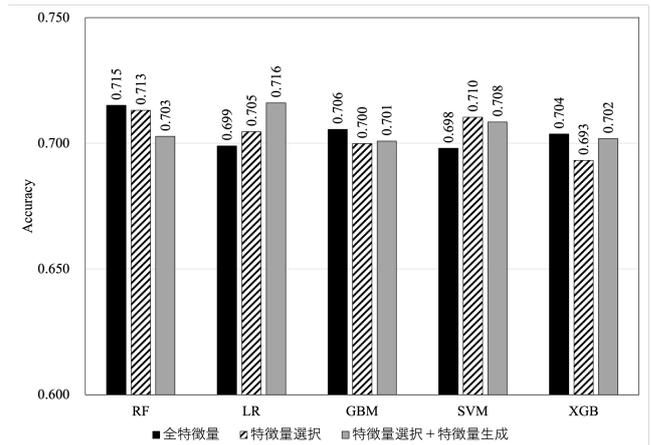


図 5: 各機械学習手法の Accuracy 比較

Accuracy 0.716 であった。

それぞれの機械学習手法において、特徴量選択と特徴量生成が術中低血圧発生リスクの予測に有効であるかを検討する。RF では、全特徴量を使用する場合で最も予測精度が高く、特徴量選択をする場合や特徴量選択+特徴量生成をする場合では予測精度が低くなった。特に、特徴量選択+特徴量生成をする場合に予測精度が大きく低下した。これは、遺伝的プログラミングを用いた特徴量生成によって、訓練データに対して過学習をしたためであると考えられる。LR では、特徴量選択+特徴量生成をする場合で最も予測精度が高く、特徴量選択をする場合、全特徴量を使用する場合という順に予測精度が低くなった。特徴量生成をすることが術中低血圧発生リスクの予測に有効であることが確認できた。これは、遺伝的プログラミングを用いた特徴量生成によって、訓練データに対して過学習をせずに学習を行うことができたためであると考えられる。GBM や XGB では、全特徴量を使用する場合で最も予測精度が高く、特徴量選択をする場合に予測精度が最も低くなった。GBM や XGB と特徴量選択の組み合わせが悪いと考えられる。SVM では、特徴量選択を行う場合で最も予測精度が高く、全特徴量を使用する場合に予測精度が最も低くなった。特徴量選択をすることが術中低血圧発生リスクの予測に有効であることが確認できた。しかし、特徴量選択をする場合と特徴量選択+特徴量生成をする場合を比較すると、特徴量生成によって予測精度が低下していることが分かる。これも、遺伝的プログラミングを用いた特徴量生成によって、訓練データに対して過学習をしたためであると考えられる。

これらの評価結果から、遺伝的プログラミングを用いた特徴量生成は、術中低血圧発生リスクの予測に有効であるが、新たに生成された特徴量によって訓練データに対して過学習をするという課題があるということが分かった。

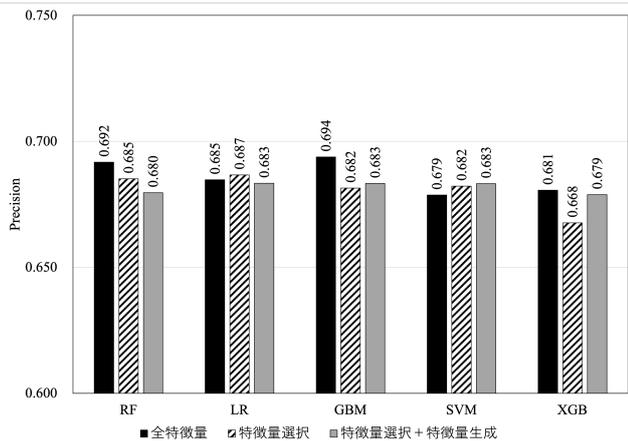


図 6: 各機械学習手法の Precision 比較

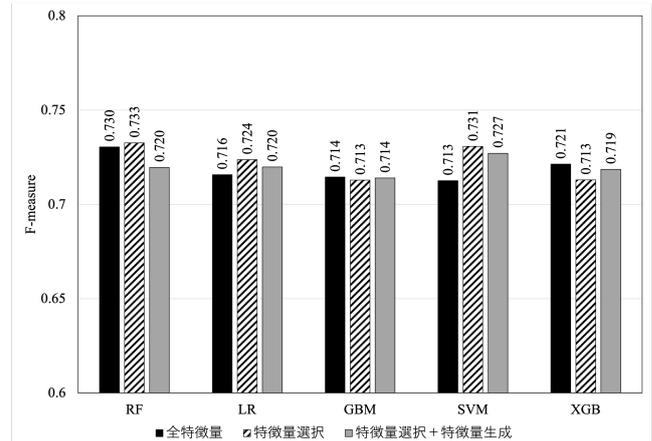


図 8: 各機械学習手法の F-measure 比較

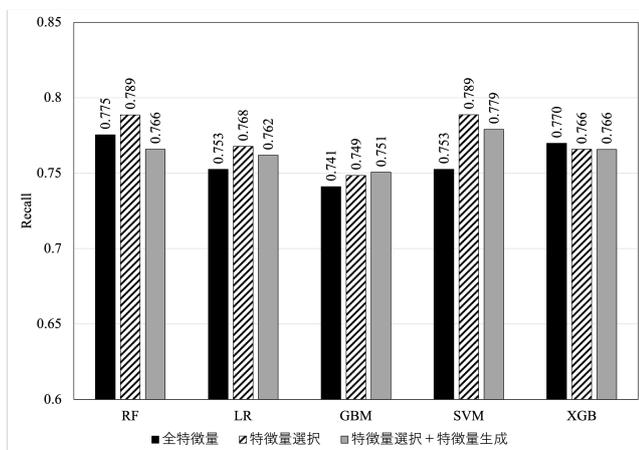


図 7: 各機械学習手法の Recall 比較

## 5. おわりに

術中低血圧の発生は、心筋梗塞や腎障害、脳卒中などの有害事象を引き起こし、患者予後を悪化させる可能性がある。著者らは、手術前に術中低血圧の発生リスクを予測することができれば、各患者の状態に合わせて麻酔薬の投与量を調節することが可能になり、術中低血圧の発生を回避することができる考えた。そこで、年齢や性別、術式などの患者データや収縮期血圧や平均血圧などのバイタルデータ、喫煙の有無や心臓病の既往、常用薬の有無などの麻酔前問診票データを含む電子麻酔記録データを用いた術中低血圧の発生リスクの予測を行った。既存研究において、既に機械学習手法を用いた術中低血圧の発生リスクの予測を行っているが、また精度は十分ではなく、精度向上が課題となっている。本稿では、術中低血圧の発生リスクの予測精度向上を目的とし、遺伝的プログラミングを用いた術中低血圧発生リスク予測手法の検討を行った。

評価では、5つの機械学習手法を用いて、比較を行った。最も高い精度で術中低血圧発生リスクを予測できていたのは、LRで特微量選択+特微量生成をする場合に Accuracy

0.716であった。それぞれの機械学習手法において、特微量生成が術中低血圧発生リスクの予測に有効であるかを検討した結果、遺伝的プログラミングを用いた特微量生成は、術中低血圧発生リスクの予測に有効であるが、新たに生成された特微量によって訓練データに対して過学習をするという課題があるということが分かった。

将来、筆者らは、遺伝的プログラミングを用いた特微量生成において、新たに生成された特微量によって訓練データに対して過学習をするという課題を解決し、予測精度をさらに向上させることを目指す。

## 参考文献

- [1] 内閣府政策統括官(科学技術・イノベーション担当): 戦略的イノベーション創造プログラム AI ホスピタルによる高度診断・治療システム研究開発計画。入手先<[https://www8.cao.go.jp/cstp/gaiyo/sip/keikaku2/10\\_aihospital.pdf](https://www8.cao.go.jp/cstp/gaiyo/sip/keikaku2/10_aihospital.pdf)>, (参照 2020-04-02)。
- [2] EM Wesselink, TH Kappen, HM Torn, AJC Slooter, and WA Van Klei. : Intraoperative hypotension and the risk of postoperative adverse outcomes: a systematic review. *British journal of anaesthesia*, Vol. 121, No. 4, pp. 706–721 (2018)。
- [3] Nanaka Asai, Chiaki Doi, Koki Iwai, Satoshi Ideno, Hiroyuki Seki, Jungo Kato, Takashige Yamada, Hiroshi Morisaki, and Hiroshi Shigeno. : Proposal of anesthetic dose prediction model to avoid post-induction hypotension using electronic anesthesia records. In *2019 Twelfth International Conference on Mobile Computing and Ubiquitous Network (ICMU)*, pp. 1–4 (2019)。
- [4] Koki Iwai, Chiaki Doi, Nanaka Asai, Hiroshi Shigeno, Satoshi Ideno, Jungo Kato, Takashige Yamada, Hiroshi Morisaki, and Hiroyuki Seki. : Prediction of post-induction hypotension using stacking method. In *2019 Twelfth International Conference on Mobile Computing and Ubiquitous Network (ICMU)*, pp. 1–4 (2019)。
- [5] David L Reich, Sabera Hossain, Marina Krol, Bernard Baez, Puja Patel, Ariel Bernstein, and Carol A Bodian. : Predictors of hypotension after induction of general anesthesia. *Anesthesia & Analgesia*, Vol. 101, No. 3, pp. 622–628 (2005)。
- [6] Feras Hatib, Zhongping Jian, Sai Buddi, Christine Lee, Jos Settels, Karen Sibert, Joseph Rinehart, and Maxime

- Cannesson. : Machine-learning algorithm to predict hypotension based on high-fidelity arterial pressure waveform analysis. *The Journal of the American Society of Anesthesiologists*, Vol. 129, No. 4, pp. 663–674 (2018).
- [7] Lei Xu, Maria Skoularidou, Alfredo Cuesta-Infante, and Kalyan Veeramachaneni. : Modeling tabular data using conditional gan. In *Advances in Neural Information Processing Systems*, pp. 7335–7345 (2019).
- [8] Jianbin Ma and Guifa Teng. : A hybrid multiple feature construction approach for classification using genetic programming. *Applied Soft Computing*, Vol. 80, pp. 687–699 (2019).
- [9] Jilles B Bijker, Wilton A van Klei, Teus H Kappen, Leo van Wolfswinkel, Karel GM Moons, and Cor J Kalkman. : Incidence of intraoperative hypotension as a function of the chosen definition literature definitions applied to a retrospective cohort using automated data collection. *The Journal of the American Society of Anesthesiologists*, Vol. 107, No. 2, pp. 213–220 (2007).
- [10] Isabelle Guyon, Jason Weston, Stephen Barnhill, and Vladimir Vapnik. : Gene selection for cancer classification using support vector machines. *Machine learning*, Vol. 46, No. 1-3, pp. 389–422 (2002).
- [11] Bernhard Boser, Isabelle Guyon, and Vladimir Vapnik. : A training algorithm for optimal margin classifiers. In *Proceedings of the fifth annual workshop on computational learning theory*, pp. 144–152 (1992).
- [12] Jean-Claude Combessie. : The regression analysis of binary sequences. *Actes de la recherche en sciences sociales*, Vol. 188, p. 4 (2011).
- [13] Leo Breiman. : Random forests. *Machine learning*, Vol. 45, No. 1, pp. 5–32 (2001).
- [14] Jerome H Friedman. : Greedy function approximation: A gradient boosting machine. *The Annals of statistics*, Vol. 29, No. 5, pp. 1189–1232 (2001).
- [15] Tianqi Chen and Carlos Guestrin. : Xgboost: A scalable tree boosting system. In *Proceedings of the 22nd ACM SIGKDD International Conference on knowledge discovery and data mining*, pp. 785–794 (2016).