

## **Analiza wpływu przyjętej koncepcji modelowania systemu wspomaganie decyzji medycznych na sposób generowania ścieżek klinicznych**

A. AMELJAŃCZYK

e-mail: aameljańczyk@wat.edu.pl

Instytut Systemów Informatycznych  
Wydział Cybernetyki WAT  
ul. S. Kaliskiego 2, 00-908 Warszawa

---

W pracy dokonano analizy najczęściej stosowanych koncepcji modelowych w konstrukcji systemów wspomaganie decyzji medycznych pod kątem ich wpływu na sposób generowania ścieżek klinicznych w obszarze tzw. „węzłów decyzyjnych”. Analizie poddano takie koncepcje modelowania jak modelowanie bazujące na teorii zbiorów rozmytych, teorii zbiorów przybliżonych, sieci bayesowskich oraz koncepcji wzorców deterministycznych.

---

**Słowa kluczowe:** Clinical Decision Support System, Clinical Pathways, Fuzzy Sets, Rough Sets, Multicriteria Optimization.

### **1. Wprowadzenie**

Komputerowe Systemy Wspomaganie Decyzji Medycznych (Klinicznych) w skrócie KSWDM rozumiane są jako systemy interaktywnych programów komputerowych działających na określonej platformie sprzętowo – sieciowej, które w wyniku przetwarzania rezultatów badań medycznych i wiedzy medycznej wspierają proces diagnozy lekarskiej oraz metod leczenia. Z kolei ścieżki kliniczne (Clinical Pathway – CP) definiuje się [13], [17] jako system powiązanych działań, zapisany w określonej notacji (np. BPMN, GELLO, UML, OCL, XML lub innej), służący wspieraniu lekarzy oraz niższego personelu medycznego na etapie diagnozowania, planowania sposobu leczenia i jego przebiegu, prowadzący do wzrostu jakości i efektywności usług medycznych. CP może zatem posiadać dowolną formę zapisu, niekoniecznie w postaci programu komputerowego, co jest szczególnie znamienne dla KSWDM. Nie mniej jednak każda ścieżka kliniczna dowolnie zapisana, oprócz sekwencji zadań i działań zawierać musi tzw. „węzły decyzyjne”, które są elementami sterującymi w procesie leczenia konkretnego pacjenta w diagnozowanej chorobie. Z punktu widzenia

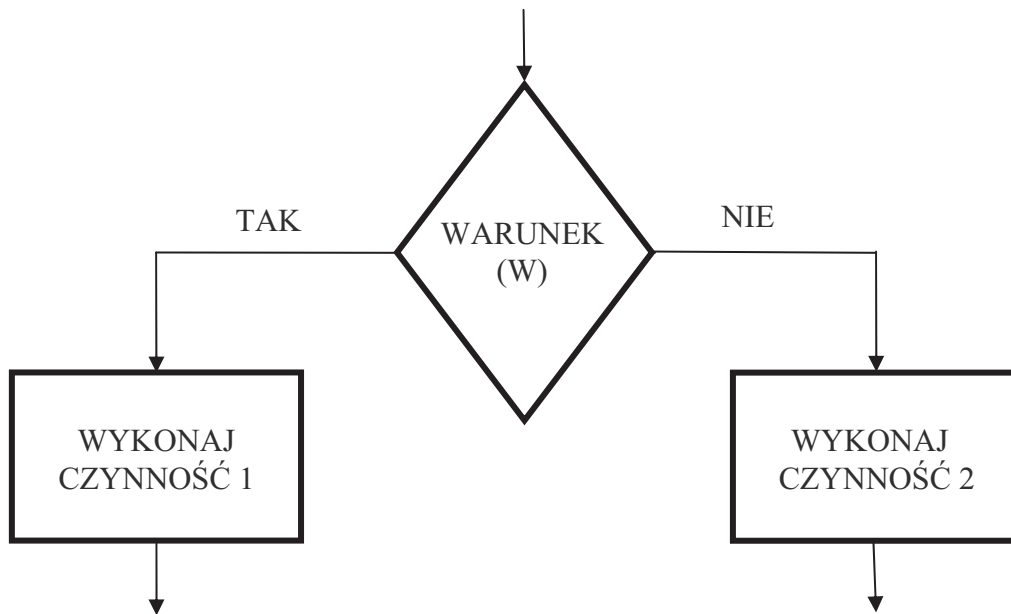
poprawności i skuteczności leczenia właśnie te elementy są w głównej mierze decydujące.

W zależności od stopnia „zinformatyzyzowania”, rozstrzygnięcia w węzłach decyzyjnych ścieżek klinicznych odbywają się bądź to z udziałem wyłącznie lekarza (ewentualnie niższego personelu medycznego) bądź też dodatkowo ze wsparciem KSWDM.

Niniejsze opracowanie, zgodnie z założeniami projektu dotyczy tej drugiej sytuacji. Kompleksowy kształt (opis w określonym języku modelowania) ścieżki zależy zatem od przyjętej koncepcji modelowej zapisu danych medycznych oraz reguł wnioskowania KSWDM.

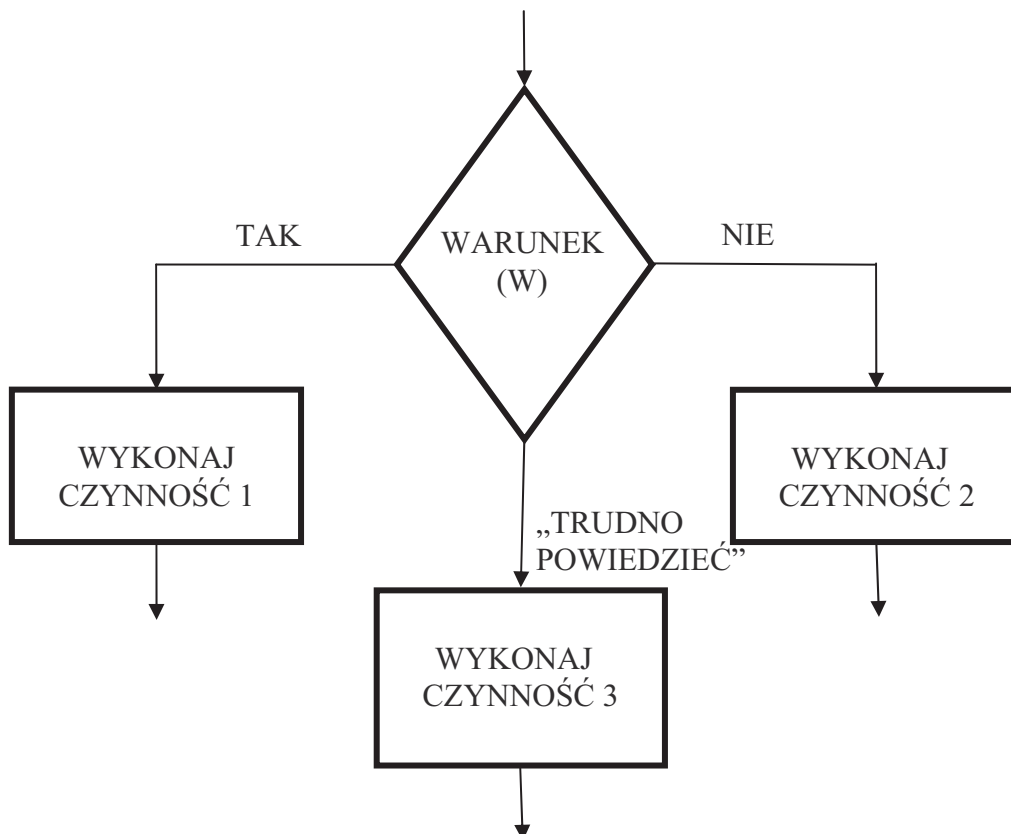
W dalszej części opracowania dokonana zostanie analiza najczęściej stosowanych języków modelowania matematycznego (koncepcji modelowych), służących modelowaniu i projektowaniu systemów wspomaganie decyzji medycznych pod kątem ich zalet i wad w kontekście aplikacyjnym generowanie ścieżek klinicznych.

Poniżej przedstawione zostały najczęściej występujące węzły decyzyjne w ścieżkach klinicznych:



Rys. 1. Prosty węzeł decyzyjny

lub bardziej skomplikowany:



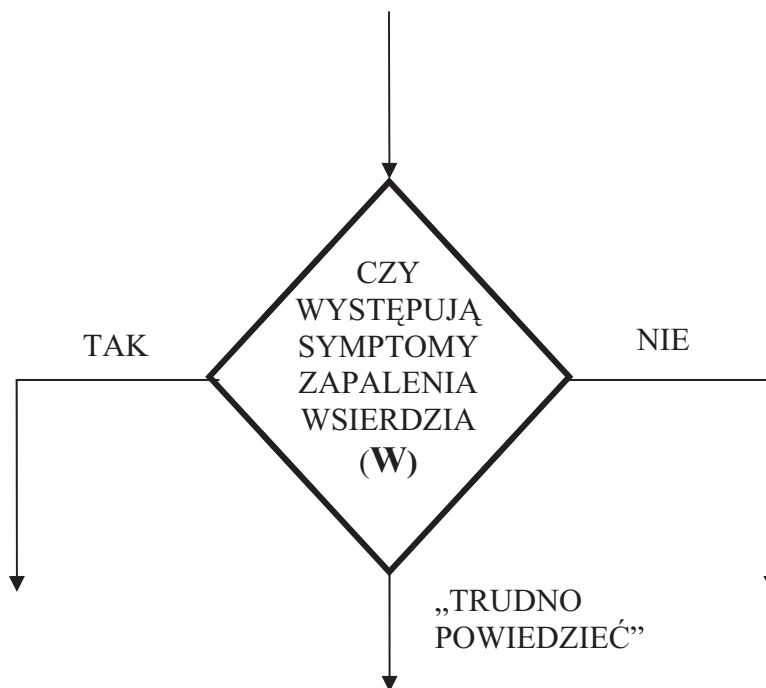
Rys. 2. Złożony węzeł decyzyjny

W większości przypadków spełnienie warunku  $W$  można sprowadzić do rozstrzygnięcia czy pewien element  $w \in W$  czy też element  $w \notin W$ . Od wyniku tego rozstrzygnięcia zależy dalsza sekwencja działań zgodnie z możliwościami zapisanymi w ścieżce klinicznej. W przypadku ścieżki klinicznej realizowanej bez udziału KSWDM rozstrzygnięć tych w pełni dokonuje personel medyczny odpowiedniego szczebla, w przypadku zaś możliwości wsparcia decyzji medycznej przez system KSWDM rozstrzygnięć tych dokonuje również personel medyczny wzbogacony jednak „sugestią” tegoż systemu.

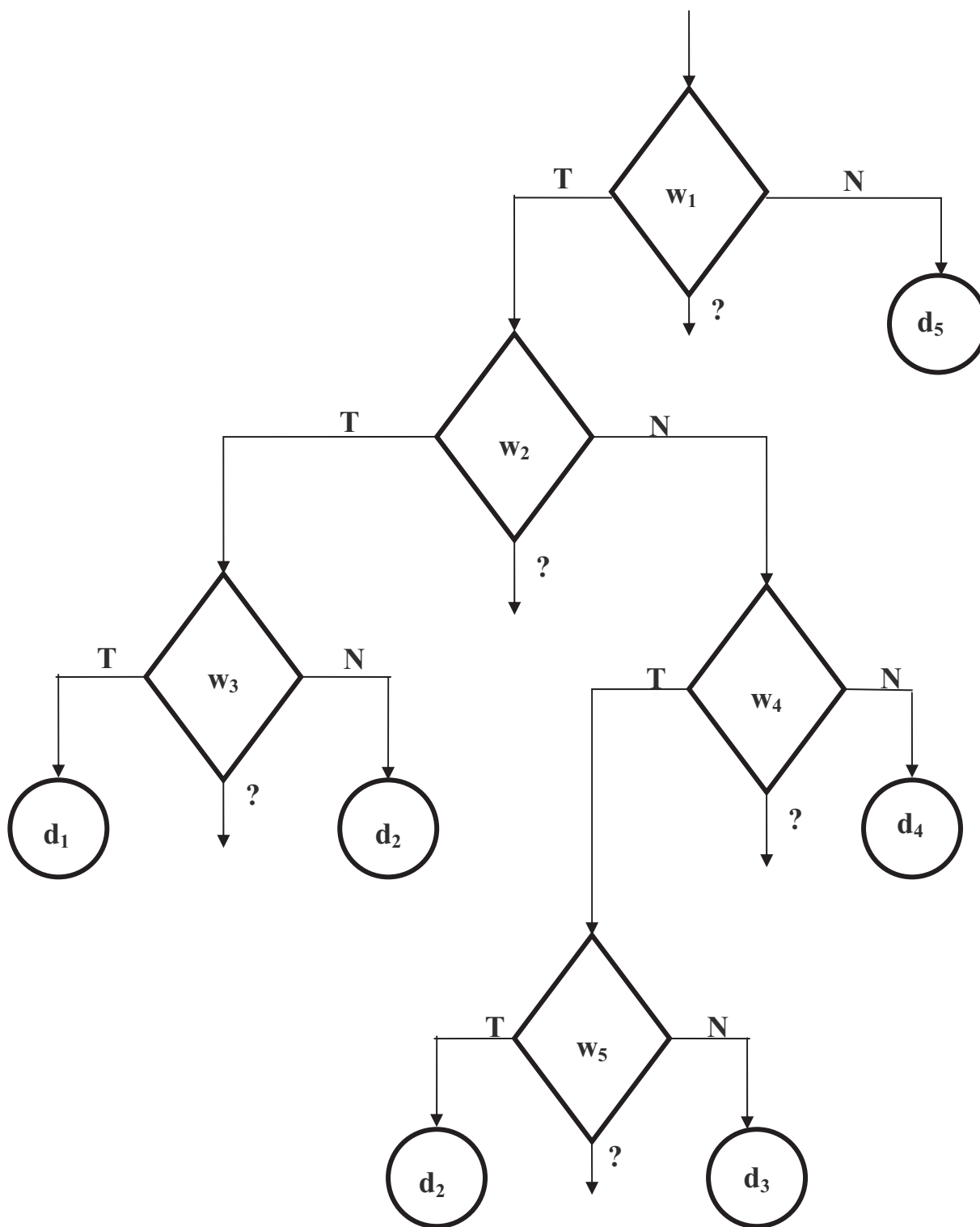
Poniższy schemat zapytania o spełnienie warunku  $W$ , według ekspertów, w wielkim uproszczeniu można uszczegółwić (rozbudować) następująco:

## 2. Koncepcja modelowania systemu wspomaganie decyzji medycznych oparta na teorii zbiorów rozmytych

Problem złożoności modelowania procesu wspomaganie decyzji diagnostycznych prześledźmy na uproszczonym przykładzie wstępnej diagnozy choroby serca jaką jest zapalenie wsierdzia.



Rys. 3. Diagnostyczny węzeł decyzyjny ścieżki klinicznej



Rys. 4. Częstkowe węzły decyzyjne węzła  $W$

Możemy zatem zapisać:

$$W = \{w_1, w_2, w_3, w_4, w_5\}$$

gdzie:

$w_1$  = „czy występuje gorączka?”

$w_2$  = „czy występuje szybka akcja serca?”

$w_3$  = „czy występują silne dreszcze?”

$w_4$  = „czy występuje łatwe męczenie?”

$w_5$  = „czy występuje nadmierna potliwość?”

Zgodnie z sugestią specjalistów (ekspertów) w zależności od poszczególnych rozstrzygnięć (opcja „tak, nie”) w węzłach decyzyjnych,

diagnozę w zakresie „zapalenia wsierdza” można sformułować jako jedną z następujących :

$d_1$  – bardzo duże ryzyko zapalenia wsierdza

$d_2$  – duże ryzyko

$d_3$  – średnie ryzyko

$d_4$  – małe ryzyko

$d_5$  – bardzo małe ryzyko

$$D = \{d_1, d_2, d_3, d_4, d_5\}$$

Już powierzchowna analiza rozstrzygnięć (opcja „tak, nie”) w zakresie cząstkowych warunków (symptomów)  $w_1, \dots, w_5$  nasuwa wątpliwości typu:

co to znaczy „występuje gorączka”?

co to znaczy „szybka akcja serca”?

co to znaczy „silne dreszcze”?

co to znaczy „łatwe męczenie się”?

co to znaczy „nadmierna potliwość”?

Również globalne rozstrzygnięcia decyzyjne nie dają satysfakcji. Cóż bowiem znaczy „bardzo duże ryzyko” zapalenia wsierdza? czy też „średnie ryzyko”? i jak je mierzyć lub też porównywać?

Jeśli weźmiemy ponadto pod uwagę inne możliwe schorzenia kardiologiczne takie jak na przykład nadciśnienie, zawał serca, dusznica bolesna czy też arytmia (o podobnych symptomach), jak również fakt iż pacjent może cierpieć nie tylko na jedną chorobę z grupy kardiologicznych lecz na dwie lub więcej to wiarygodność takiej diagnozy staje się jeszcze bardziej problematyczna.

Jak też łatwo zauważyć we wszystkich rozpatrywanych węzłach decyzyjnych rozstrzygnięcie „trudno powiedzieć” nabiera szczególnego znaczenia. Rozstrzygnięcie tego typu, każdorazowo uruchomić musiałoby inny fragment ścieżki klinicznej np. żądając dodatkowego badania. Cząstkowe rozstrzygnięcie „trudno powiedzieć” przekładają się zatem w sposób bardzo istotny na globalne rozstrzygnięcie diagnostyczne. Przykład ten, choć bardzo uproszczony pokazuje z jednej strony wielką złożoność procesu diagnozowania a z drugiej strony konieczność obiektywizacji badań i pomiarów jak również traktowanie procesu diagnozowania w szerszym kontekście. Odpowiedzią nauki na te wyzwania są narzędzia jakie są stawiane lekarzom do dyspozycji głównie przez teorię zbiorów rozmytych, teorię zbiorów przybliżonych, metodologię sieci bayesowskich oraz teorię wzorców w analizie wielokryterialnej.

Pierwsze koncepcje zastosowania zbiorów rozmytych do modelowania zagadnień biologicznych i medycznych zostały

przedstawione w pracy Zadeha [20] już pod koniec lat sześćdziesiątych ubiegłego stulecia. Lata siedemdziesiąte i osiemdziesiąte to burzliwy rozwój zastosowań zbiorów rozmytych w diagnostyce medycznej Sanchez [14], [15], Wechsler [18], Smets [16]. Kolejny obszar zastosowań medycznych to analiza elektro-kardiogramów i elektroencefalogramów Albin [1] i wiele innych.

Zbiory rozmyte znalazły zastosowanie w diagnostyce medycznej głównie w modelowaniu zbiorów danych i symptomów medycznych (chorobowych).

Zbiorem rozmytym  $A$  w przestrzeni  $X$  jest zbiór par uporządkowanych:

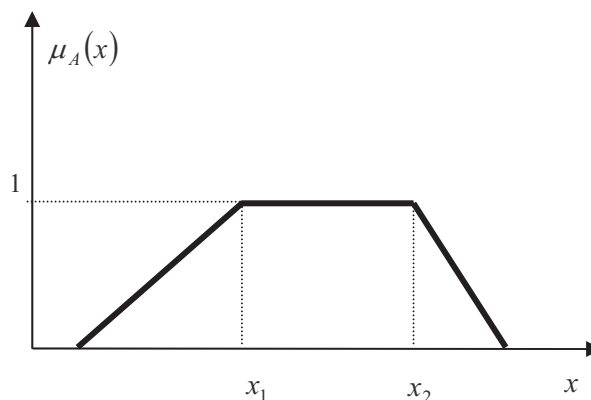
$$A = \{x, \mu_A(x) | x \in X\} \quad (2.1)$$

gdzie:

$\mu_A : X \rightarrow [0, 1]$  – funkcja przynależności elementów  $x$  do zbioru  $X$

$\mu_A(x) \in [0, 1]$  – oznacza wielkość prawdopodobieństwa (stopień) przynależności elementu  $x$  do zbioru  $X$ .

W teorii zbiorów rozmytych [1], [21] najczęściej stosowane są następujące funkcje przynależności: trapezowa, trójkątna i tak zwana  $s$ - funkcja. Przykładową funkcję trapezową przedstawia kolejny rysunek:



Rys. 5. Funkcja trapezowa

Najważniejsze pojęcia używane w modelowaniu danych i symptomów medycznych to:

1) nośnik zbioru rozmytego

$$N(A) = \{x \in X | \mu_A(x) > 0\} \quad (2.2)$$

2) rdzeń zbioru rozmytego

$$R(A) = \{x \in X | \mu_A(x) = 1\} \quad (2.3)$$

3) wysokość zbioru rozmytego

$$h(A) = \sup_{x \in X} \mu_A(x) \quad (2.4)$$

zbiór rozmyty  $A$  jest znormalizowany, jeśli  $h(A) = 1$ .

4) Relacja równości zbiorów

$$A = B \Leftrightarrow \forall x \in X \mu_A(x) = \mu_B(x) \quad (2.5)$$

5) Relacja zawierania się zbiorów

$$A \subset B \Leftrightarrow \forall x \in X \mu_A(x) \leq \mu_B(x) \quad (2.6)$$

Omówione wyżej pojęcia dotyczące zbioru rozmytego wykorzystywane są do modelowania procesu rozpoznawania choroby. Uproszczony model choroby możemy wprowadzić następująco [3], [4]:

Symbolem  $M = \{1, \dots, m, \dots, M\}$  oznaczymy zbiór wyróżnionych jednostek chorobowych. **Chorobę  $m \in M$  (jednostkę chorobową)** oraz jej „nasilenie” można zdefiniować poprzez zakresy chorobowych wartości parametrów czyli wyników badań i symptomów [4],[5].

Ogólnie symbolem  $N(m), m \in M$  możemy oznaczać zbiór parametrów i symptomów świadczących o chorobie  $m \in M$ .

Symbolem  $C_n^m = [c_n^m, \overline{c_n^m}]$  oznaczamy zbiór wartości chorobowych parametru  $n \in N$  w chorobie  $m \in M$ .

Tworząc w następnej kolejności iloczyn kartezjański zbiorów  $C_n^m$  otrzymamy model jednostki chorobowej  $m \in M$  w postaci zbioru  $C^m$ . Tak więc:

$$C^m = C_1^m \times \dots \times C_n^m \times \dots \times C_{N(m)}^m \quad \text{gdzie } N(m)$$

łączna liczba parametrów (symptomów) świadczących o chorobie  $m \in M$

$$C^m = \{c^m \in R^{N(m)} \mid c_n^m \in C_n^m, n \in N(m)\} \quad (2.7)$$

jest obrazem „chorobowych wartości” parametrów (symptomów) choroby  $m \in M$ .

Zachodzi przy tym [4],[5]:

$$C_n^m \subset S_n, m \in M, n \in N$$

W oparciu o zbiory  $C^m$  można utworzyć tzw. wzorce chorób  $W(m) \subset C^m, m \in M$ .

Idea zastosowania teorii zbiorów rozmytych w KSWDM polega na traktowaniu poszczególnych zbiorów  $C_n^m$  jako zbiorów rozmytych, a w konsekwencji również modelu  $C^m$  choroby  $m \in M$  jako choroby rozmytej (zbioru rozmytego).

Jeśli stan zdrowia pacjenta na konkretnym etapie ścieżki klinicznej jest określony jako  $x = (x_1, \dots, x_n, \dots, x_N)$  to proces diagnozowania polegać będzie na określeniu wartości funkcji przynależności poszczególnych jego aktualnych

parametrów zdrowotnych do odpowiednich zbiorów chorobowych wartości tych parametrów gdzie:

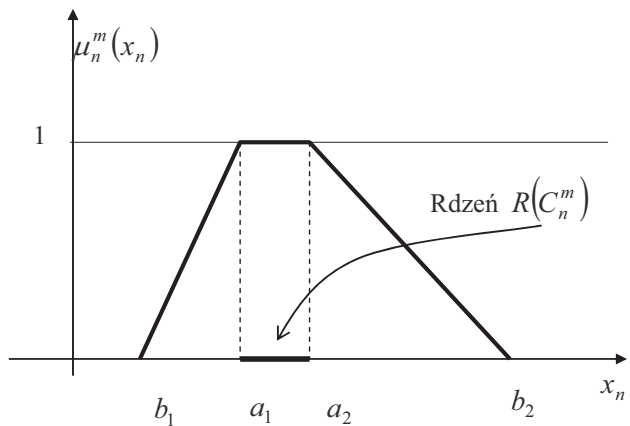
$x_n$  – wartość parametrów  $n$  pacjenta  $x$

$\mu_n^m$  – funkcja przynależności konkretnej wartości parametru  $n$  do zbioru wartości tego parametru chorobowego w chorobie  $m$

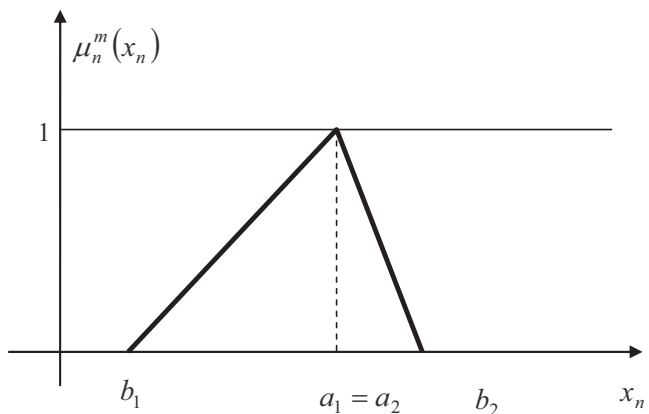
$X_n$  – zbiór, w którym został zdefiniowany zbiór wartości chorobowych parametru  $n \in N$ .

W praktyce prawie zawsze  $X_n \subset R^1, n \in N$

Przykłady najczęściej stosowanych funkcji przynależności przedstawiają poniższe rysunki:

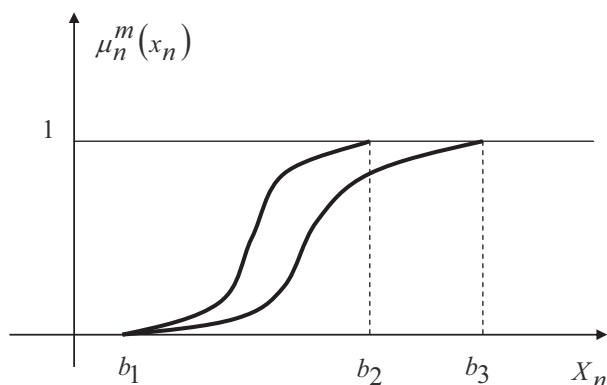


Rys. 6. Trapezowa funkcja przynależności wartości parametru  $n$  w chorobie  $m$



Rys. 7. Trójkątna funkcja przynależności wartości parametru  $n$  w chorobie  $m$  (rdzeń 1-elementowy)





Rys. 8. Funkcje przynależności typu  $S$  wartości parametru  $n$  w chorobie  $m$

Nośnikiem zbioru rozmytego (parametru  $n$  w chorobie  $m$ ) w przypadku funkcji trapezowej będzie zbiór:

$$R(C_n^m) = \{x_n \in X_n \mid \mu_n^m(x_n) > 0\} = \\ = \{x_n \in R^1 \mid b_1 < x_n < b_2\}$$

Rdzeniem (wzorcem parametru  $n$  w chorobie  $m$ ) będzie natomiast zbiór

$$R(C_n^m) = \{x_n \in R^1 \mid \mu_n^m(x_n) = 1\} = \\ = \{x_n \in R^1 \mid a_1 \leq x_n \leq a_2\}$$

W ramach nośnika można definiować różne stopnie zagrożenia chorobą  $m$  określając odpowiednie obszary zagrożeń  $Z(C_n^m)$ , które będą podzbiorami nośnika  $N(C_n^m)$ .

Kompletna diagnoza choroby  $m \in M$  będzie jednak możliwa do określenia po wyznaczeniu łącznej wartości funkcji przynależności  $\mu^m(x)$  dla stanu zdrowia pacjenta opisanego wektorem  $x = (x_1, \dots, x_n, \dots, x_N)$ , czyli po określeniu wszystkich wartości  $\mu^m(x), n \in N$ . Będzie ona pewną funkcją  $d(\mu_n^m(x), n \in N)$ . I tu pojawia się pierwsza istotna trudność w stosowaniu tej koncepcji modelowania w zagadnieniach diagnostyki medycznej. Zgodnie z teorią zbiorów rozmytych [16], [20] funkcja ta ma następującą postać:

$$d(\mu_n^m(x), n \in N) = \mu^m(x) = \min_{n \in N} \mu_n^m(x_n)$$

co przeczy „zdroworozsądkowemu” podejściu i opiniom ekspertów. Zastosowanie bowiem powyższej konstrukcji funkcji  $d$  powoduje wyeliminowanie z możliwości wpływania na

ostateczną diagnozę wszystkich innych parametrów chorobowych mających większą wartość funkcji przynależności niż ta minimalna. Znane w literaturze inne próby modelowania funkcji  $d$  (w oparciu o sumę zbiorów rozmytych lub specjalnie zdefiniowaną sumę ważoną) niosą ze sobą również zbyt duży „ładunek subiektywizmu” by można było je stosować w modelowaniu tak ważnego zagadnienia jakim jest diagnostyka medyczna. Funkcje trapezowa i funkcje typu  $S$  są najczęściej wykorzystywane w modelowaniu rozmytym procesu diagnozowania. Kluczowym problemem tej koncepcji modelowania jest tzw. adekwatność funkcji przynależności [20]. Ich kształt ma kapitalne znaczenie w uzyskaniu poprawnej diagnozy. Pomiar empiryczny stopni przynależności jest niezwykle trudny i nacechowany przesłankami subiektywizmu. Zagadnienie to wchodzi w zakres tzw. skalowania psychologicznego. Brak adekwatnych funkcji przynależności a przede wszystkim brak skutecznych metod ich empirycznego wyznaczenia jest główną przyczyną, iż ta koncepcja modelowania węzłów decyzyjnych w ścieżkach klinicznych rzadko wychodziła poza modele poglądowe mające znaczenie głównie dydaktyczne.

### 3. Koncepcja modelowania systemu wspomaganie decyzji medycznych oparta na teorii zbiorów przybliżonych

Teoria zbiorów przybliżonych powstała na początku lat osiemdziesiątych. Jej autorem jest Zdzisław Pawlak [11], [12]. Metodologia zbiorów przybliżonych zyskała bardzo dużą popularność, szczególnie w obszarze eksploracji danych, złożonych zadaniach klasyfikacji oraz w komputerowych systemach wspomaganie decyzji. Z racji swojej specyfiki jest niezwykle obiecująca w obszarze Komputerowych Systemów Wspomaganie Decyzji Medycznych [10], [11], [12].

Zbiory przybliżone są zbiorami zdefiniowanymi w tzw. przestrzeni dyskretnej. Dyskretyzacja przestrzeni następuje poprzez określenie zbioru elementarnego, którego „wielkość” zależy od stopnia szczegółowości przybliżenia rozpatrywanych zbiorów. Elementy zawarte w zbiorze elementarnym są między sobą nierozróżnialne w określonym aspekcie. Elementy te posiadają wartości wszystkich cech takie same jak cały zbiór elementarny. Informacja repozytoryjna w koncepcji modelowania opartej na teorii zbiorów

przybliżonych przechowywana jest w postaci stabelaryzowanej w zakresie tak obiektów (pacjentów) jak i wartości cech (atrybutów) chorobowych. Jest to „informacja wytworzona” przez ekspertów. Systemy te operują na wartościach dyskretnych. Jeśli dane dotyczące cech (atrybutów) są ciągłe wówczas w fazie początkowej muszą zostać przekształcone do postaci dyskretnej.

Istota koncepcji zbiorów przybliżonych oparta jest na zdefiniowaniu tzw. klas równoważności obiektów (pacjentów) ze względu na identyczne wartości cech (symptomów) określonego podzbioru rozważanych cech chorobowych.

Jeśli  $X$  to skończony zbiór pacjentów, a  $N$  skończony zbiór symptomów chorobowych (cech atrybutów) to relację równoważności w sensie podzbioru  $B \subset N$  cech chorobowych zapiszemy następująco:

$$IND(B) = \{(x, y) \in X \times X \mid n \in B \ f_n(x) = f_n(y)\} \quad (3.1)$$

gdzie:

$f_n(x)$  – wartość  $n$ -tego atrybutu (cechy) obiektu  $x \in X$ .

Klasą równoważności ze względu na podzbiór  $B$  cech chorobowych zapiszemy jako zbiór:

$$[x]_{IND(B)} = \{y \in X \mid (x, y) \in IND(B)\} \quad (3.2)$$

Jest to podzbiór tych elementów ze zbioru  $X$  które mają te same wartości cech chorobowych w grupie cech z podzbioru  $B$ . Są zatem nierozróżnialne. To pojęcie pozwala zdefiniować z kolei brzeg zbioru przybliżonego  $Y$  jako zbiór [11], [12]:

$$\delta_B(Y) = \overline{S_B}(Y) - \underline{S_B}(Y) \quad (3.3)$$

będący różnicą przybliżenia górnego i dolnego. Powstała w ten sposób możliwość zdefiniowania zbioru  $Y$  w oparciu o jego przybliżenie dolne i górne. Podobnie jak w przypadku teorii zbiorów rozmytych, teoria zbiorów przybliżonych zyskuje coraz to nowe możliwości w zakresie wnioskowania i podejmowania decyzji w sytuacji istnienia niepełnych lub częściowo sprzecznych danych.

Podejście to, głównie ze względu na stosunkowo niewielką potrzebę dysponowania subiektywnymi danymi typu „funkcje przynależności” oraz bazowaniu na zbiorach skończonych i skwantyfikowanych wartościach atrybutów (cech i symptomów chorobowych) rokuje znacznie większe nadzieje aplikacyjne w obszarze modelowania węzłów decyzyjnych w KSWDM i w konsekwencji modelowania

ścieżek klinicznych. Ujemną stroną tego podejścia jest konieczność szczegółowego opracowania danych służących budowie („wypełnieniu”) skomplikowanych tablic decyzyjnych przez ekspertów z dziedziny diagnostyki i leczenia poszczególnych chorób.

#### 4. Koncepcja modelowania Systemu Wspomagania Decyzji Medycznych oparta na metodzie sieci bayesowskich

W wielu modelach systemów wspomagania decyzji medycznych zakłada się, że badany pacjent choruje tylko na jedną chorobę co skutkuje założeniem, że jednostki chorobowe objęte modelem wzajemnie się wykluczają. Założenie to bardzo upraszcza metody wnioskowania lecz niestety jest bardzo upraszczające i ograniczające. W odróżnieniu od dwóch poprzednich podejść do modelowania repozytorium, metodologia sieci bayesowskich pozwala uniknąć tego tak bardzo ograniczającego założenia [8], [9], [10].

Sieci bayesowskie [10], [8] są swoistego rodzaju probabilistycznymi modelami graficznymi. Najczęściej sieć bayesowska jest przedstawiana jako graf acykliczny skierowany. Głównym problemem przy konstruowaniu sieci bayesowskiej jest określenie jej struktury oraz określenie parametrów probabilistycznych w postaci prawdopodobieństw warunkowych. Idea modelowania opartego na sieci bayesowskiej bazuje na wyznaczeniu rozkładu prawdopodobieństwa a’posteriori wystąpienia poszczególnych chorób pod warunkiem stwierdzenia konkretnych wartości parametrów (symptomów) chorobowych  $x \in X$

$$p(m/x), \ m \in M. \quad (4.1)$$

Jest to swego rodzaju „odległość” zestawu wyników  $x = (x_1, \dots, x_n, \dots, x_N)$  od jednostki chorobowej  $m \in M$ . Adekwatność diagnozy podjętej w ten sposób bardzo istotnie zależy od stopnia dokładności empirycznego wyznaczenia takich rozkładów warunkowych. Zakładając ostrożnie, iż ilość jednostek chorobowych sięga kilku tysięcy, ilość parametrów (symptomów) chorobowych kilkuset, a zbiór wartości każdego z nich średnio kilku – kilkudziesięciu wartości (po dyskretyzacji) otrzymamy prawdziwą skalę problemu. Nie mniej, jednak praktyka ostatnich dwudziestu lat potwierdziła, iż w bardzo wielu przypadkach, modelowanie procesów diagnostycznych oparte na sieciach



bayesowskich przyniosło dobre rezultaty [8], [10].

## 5. Koncepcja modelowania Systemów Wspomagania Decyzji Medycznych oparta na metodzie wzorców deterministycznych

Tej metodzie modelowania poświęcono między innymi prace [2], [3], [4].

Ogólnie filozofia tego podejścia polega na porównaniu otrzymanych wyników badań medycznych pacjenta z wzorcami odpowiednich chorób. Szczególnym przykładem tego podejścia jest propozycja zawarta w [2], [3]. Polega ona na zdefiniowaniu stanu zdrowia pacjenta w tzw. przestrzeni życia oraz zdefiniowaniu w tej samej przestrzeni wzorców jednostek chorobowych.

Kolejnym krokiem jest zdefiniowanie odpowiedniej miary odległości stanu zdrowia pacjenta od wyróżnionego podzbioru chorób. Istotnym problemem w tym podejściu (sądzę, że również we wcześniej omawianych) jest problem obiektywnej i adekwatnej normalizacji zbiorów wartości poszczególnych cech i symptomów chorobowych.

Jest to jednak głównie problem matematyczno – techniczny. Problem wyboru „techniki mierzenia” odległości w przestrzeni życia jest w zasadzie rozwiązany [2], [19] i może być stosunkowo łatwo weryfikowany na podstawie danych a’posteriori.

## 6. Podsumowanie

Analizując pozytywne i negatywne aspekty przedstawionych w pracy koncepcji modelowania repozytorium medycznego oraz niezwykle bogatą literaturę z zakresu przykładów zastosowania poszczególnych koncepcji modelowania, należy stwierdzić iż podejście oparte na teorii zbiorów rozmytych doczekało się najmniej konkretnych aplikacji, szczególnie kompleksowych. Stąd też w dalszych pracach w ramach realizowanego projektu zostanie pominięte. Podejścia oparte na teorii zbiorów przybliżonych jak również bazujące na metodyce sieci bayesowskich wydają się bardziej obiecujące i są rekomendowane do dalszych badań.

Metoda bazująca na wskaźnikach odległościowych zdaniem autora opracowania jest najbliższa aplikacji. Rozwiązanie problemu normalizacji charakterystyk medycznych jak też wybór najbardziej adekwatnej metody mierzenia odległości w przestrzeni życia otworzyłyby drogę do jej szybkiej aplikacji.

## 7. Bibliografia

- [1] M. Albin, *Fuzzy sets and their applications to medical diagnosis*, Berkely, 1975.
- [2] A. Ameljańczyk, *Optymalizacja wielo-kryterialna w problemach sterowania i zarządzania*, Ossolineum, 1984.
- [3] A. Ameljańczyk, „Analiza specyfiki Komputerowych Systemów Wspomagania Decyzji Medycznych w kontekście modelowania i algorytmizacji procesów decyzyjnych”, I Krajowa Konferencja „Systemy Komputerowe i Teleinformatyczne w Służbie Zdrowia”, Warszawa, wrzesień, 2009.
- [4] A. Ameljańczyk, „Matematyczny model przestrzeni życia w komputerowym systemie wspomagania decyzji medycznych”, I Krajowa Konferencja „Systemy Komputerowe i Teleinformatyczne w Służbie Zdrowia”, Warszawa, wrzesień, 2009.
- [5] A. Ameljańczyk, „O pewnej koncepcji modelowania repozytorium medycznego”, WAT, Warszawa, kwiecień 2009, POIG.01.03.01-00-145/082009.
- [6] ANSI HL7, <http://www.hl7.org>.
- [7] J. Błaszczykowski, K. Krawiec, R. Słowiński, J. Stefanowski, Sz. Wilk, „Wspomaganie decyzji i komunikacji w systemach telemedycznych”, Politechnika Poznańska, Poznań, 2006.
- [8] J. Makal, „System ekspertowy do wspomagania diagnozy łagodnego przerostu prostaty”, *Pomiary Automatyka i Robotyka*, 7-8, 2004.
- [9] „Medyczne Systemy Ekspertowe”, <http://WWW.computer.privateweb.at/judith/links3.htm>
- [10] A. Oniśko i inni, „HEPAR I HEPAR II – komputerowe systemy wspomagania diagnozowania chorób wątroby”, XII Konferencja Biocybernetyki i Inżynierii Biomedycznej, Warszawa, listopad, 2001
- [11] Z. Pawlak, *Rough Sets*, *International Journal of Computer and Information Sciences*, vol. 11, 341-356, 1965.
- [12] Z. Pawlak, *Systemy informacyjne – podstawy teoretyczne*, WNT, Warszawa, 1983.
- [13] Resultmaker, *Workflow patterns of the Online Consultant v. 1.1.*, Opracowanie wewnętrzne, Kopenhaga, 2006.
- [14] E. Sanchez, „Inverses of fuzzy relations. Application to possibility distributions and medical diagnosis”, *Proc. IEEE Conf. Decision and Control*, USA 1977.

- [15] E. Sanchez, *Medical diagnosis and composite fuzzy relations. Advances in fuzzy sets theory and applications*, North-Holland, 1979.
- [16] P. Smets, „Medical diagnosis: Fuzzy sets and degrees of belief”, *Fuzzy Sets and Systems*, vol. 5, 1981.
- [17] „Ścieżki kliniczne jako dynamiczne środowisko dostępu do informacji medycznej pacjenta”, wersja 0.8., Zintegrowany System Informacji Medycznej o Pacjencie, Bielsko-Biała, Kraków, luty 2008.
- [18] H. Wechsler, „Applications of fuzzy logic to medical diagnosis”, *Proc. Symp. on Multiple – Valued Logic*, Logan 1975.
- [19] L.P. Yu, G. Leitmann, *Compromise solutions, domination structures and Salukwadze’s solution*, JOTA, vol. 13, 1974
- [20] L.A. Zadeh, „Fuzzy Sets”, *Information Control*, vol. 8, (338-353), 1965.