

*mgr inż. Paweł Pławiak**
Wydział Elektrotechniki, Automatyki,
Informatyki i Inżynierii Biomedycznej
Akademia Górniczo-Hutnicza w Krakowie

Kraków, 28 października 2016



Odpowiedzi na komentarze recenzenta rozprawy doktorskiej



Pana dra hab. Zbysława Tabora, prof. PK

Instytut Teleinformatyki
Wydział Fizyki, Matematyki i Informatyki
Politechnika Krakowska

Dotyczące rozprawy doktorskiej *mgr inż. Pawła Pławiaka* pt.:
**„Automatyczne Diagnozowanie Dysfunkcji Mięśnia Sercowego Na Podstawie
Analizy Sygnału Elektrokardiograficznego (EKG) Przy Wykorzystaniu
Systemu Ewolucyjno-Neuronowego”**

Wykonanej pod kierunkiem prof. dr hab. inż. Ryszarda Tadeusiewicza
na Wydziale Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Inżynierii Biomedycznej
Akademii Górniczo-Hutnicza w Krakowie

Chciałbym serdecznie podziękować Panu dr hab. Zbysławowi Taborowi za bardzo szczegółową i wnikliwą analizę rozprawy doktorskiej, oraz za wszystkie cenne i konstruktywne komentarze. Chciałbym również przeprosić za wszystkie błędy i niedociągnięcia których nie zauważyłem podczas redagowania rozprawy oraz podziękować za tak pozytywną ocenę rozprawy i wniosek o jej wyróżnienie.

• KOMENTARZE OGÓLNE I ODPOWIEDZI:

1. **Zbyt duża objętość rozprawy.**

Zgadzam się z Panem Profesorem, przy dłuższej pracy nad rozprawą i przy ponownym szczegółowym zweryfikowaniu tekstu, można było przeredagować rozprawę zmniejszając jej objętość o kilkanaście stron. Pragnę jednak nadmienić, że początkowa objętość rozprawy wynosiła ponad 300 stron i w wyniku redukcji tekstu praca została skrócona o ponad 50 stron. Jednak w pewnym momencie zdecydowałem, że pracę nad tekstem należy zakończyć.

2. **Występowanie błędów językowych.**

Zgadzam się z Panem Profesorem i przepraszam za błędy.

3. **Występowanie powtórzeń w opisie eksperymentów.**

Zgadzam się z Panem Profesorem – są one spowodowane faktem, że pomijając pewne powtarzające się informacje miałem obawy czy opis będzie zrozumiały dla czytelnika, z tego względu zdecydowałem się zachować powtórzenia które oczywiście można było usunąć.

4. **Za dużo cytatów.**

Zgadzam się z Panem Profesorem, powinienem przedstawić cytowane fragmenty własnymi słowami.

*E-mail: plawiak@agh.edu.pl WWW: [Strona domowa](#); [ResearchGate](#); [Google Scholar](#); [Mendeley](#); [Publons](#); [LinkedIn](#)

5. **Niesłuszna teza stwierdzająca, że bardziej poprawna jest metoda „zorientowana na pacjenta” niż metoda „zorientowana na zaburzenia”.**

Zgadzam się z Panem Profesorem, przedstawione poglądy nie powinny faworyzować któregoś z tych podejść ponieważ obydwie metody są wartościowe, a ich wykorzystanie powinno być uzależnione od rozważanego problemu. Na usprawiedliwienie chciałbym nadmienić, że wymieniona teza miała dotyczyć jedynie problemu, który został przedstawiony w rozprawie, dotyczącego badań przesiewowych i jest oparta na informacjach z artykułu przeglądowego z 2016 roku (ref. 96, [6]), w którym została wyrażona opinia środowiska naukowców zajmującego się problematyką automatycznego klasyfikowania sygnałów EKG. Początkowo bardziej popularne było podejście „zorientowane na zaburzenia”, dzięki któremu uzyskiwano większą skuteczność rozpoznawania zaburzeń serca, jednak w obecnych czasach większość badaczy projektuje algorytmy do celów przesiewowych korzystając z metody „zorientowanej na pacjenta”, przez co mniej popularne stały się badania skierowane pod konkretnych pacjentów.

6. **Czy Doktorant rozważał inne metody redukcji wymiarowości?**

Tak, rozważałem inne metody redukcji wymiarowości, np. zastosowanie do redukcji i ekstrakcji cech sieci neuronowej samoorganizującej się (SOM, ref. 195, [9]), jednak ze względu na fakt, że badania przedstawione w rozprawie musiały się kiedyś zakończyć po prostu akurat na ten pomysł zabrakło czasu. Jednak ta idea, jest ciągle żywa i mam nadzieję, że zostanie rozwinięta, w ramach kontynuacji badań nad rozpoznawaniem patologii serca, po doktoracie. SOM inaczej nazywana jest siecią Kohonena, jest to sieć neuronowa uczona w trybie bez nauczyciela w celu wytworzenia niskowymiarowej (przeważnie dwuwymiarowej) zdyskretyzowanej reprezentacji przestrzeni wejściowej. Sieć Kohonena wyróżnia się tym od innych sieci, że zachowuje odwzorowanie sąsiedztwa przestrzeni wejściowej. Natomiast zastosowanie akurat algorytmu genetycznego było pierwszym pomysłem i główną ideą prowadzonych badań co potwierdza sam tytuł rozprawy (system ewolucyjno-neuronowy). Stosując w badaniach estymację widmowej gęstości mocy, mogłem również poprzez nią zredukować wymiar danych poprzez ustawienie odpowiednich parametrów w transformacji Fouriera jednak tego nie zrobiłem, ponieważ mogłoby się to wiązać z utratą ważnych informacji, a co za tym idzie obniżeniem skuteczności klasyfikatorów. Pomysł z algorytmem genetycznym był bezpieczniejszy ponieważ pozwalał w pełni kontrolować odrzucane cechy (składowe częstotliwości).

W celu redukcji wymiarowości, rozważałem również zastosowanie analizy składowych głównych (PCA) i klasteryzacji. Natomiast w ekstrakcji cech rozważałem wykorzystanie transformacji falkowej i analizy składowych niezależnych (ICA), a w selekcji cech optymalizację rojem cząstek (PSO). Transformata falkowa jest najczęściej stosowaną do wydobycia charakterystycznych cech sygnału EKG. Przy stosowaniu transformacji falkowej należy pamiętać, że na skuteczność tej metody największy wpływ ma wybór falki podstawowej (matki), najczęściej jest to falka - Daubechies. Oprócz wyboru falki podstawowej, rodzaj i kolejność filtrów oraz poziom dekompozycji są parametrami wpływającymi na ostateczną skuteczność klasyfikacji. W literaturze różne funkcje statystyczne są obliczane na podstawie współczynników z transformaty falkowej, należą do nich: średnia, odchylenie standardowe, energia i współczynnik zmienności.

7. **Nie jest jasne jak są tworzone zbiory uczące i testowe dla genetycznych algorytmów selekcji cech i głębokich zespołów klasyfikatorów.**

Zbiory uczące i testowe są dokładnie tak tworzone jak napisał Pan Profesor: „konstruowane z odpowiedzi udzielanych przez pierwszą warstwę po podaniu na jej wejście danych uczących” zgodnie z zawartym w rozprawie opisem algorytmów. Natomiast przytoczone zdanie nie jest do końca precyzyjne – za co przepraszam. Chodziło w nim o fakt, że ze względu na bardzo małą lub zerową liczbę błędów w zbiorach uczących, genetyczna selekcja cech bazowała na zbiorach testowych. Takie podejście zaowocowało zmniejszeniem efektu przeuczenia i zmniejszeniem dopasowania do zbiorów uczących, a w konsekwencji zdecydowanie zwiększyło ogólną skuteczność klasyfikatorów. Podsumowując w pracy zastosowano podwójny mechanizm w zapobieganiu przeuczenia (walidacja krzyżowa i selekcja cech – głosów). Ogólny wniosek: w pracy został położony bardzo duży nacisk na wyeliminowanie efektu przeuczenia. W przypadku sygnału EKG był to bardzo duży problem, a jego rozwiązanie pozwoliło podnieść skuteczność rozpoznawania chorób serca przez klasyfikatory.

- KOMENTARZE SZCZEGÓŁOWE I ODPOWIEDZI:

1. Na stronie 18 Doktorant wyraża dość zdecydowany, ale nie wiadomo jak uzasadniony sąd o wynikach pracy innych grup badawczych „...artykułów badawczych [...] jest bardzo mało i nie stoją one na wysokim poziomie...”.

Przepraszam za tak zdecydowaną opinię o wynikach prac innych naukowców, zgadzam się z Panem Profesorem, że nie jest ona do końca uzasadniona. Ten sąd został wyprowadzony na podstawie własnego przeglądu literatury. Sąd wynikał z faktu, że po wnikliwych poszukiwaniach nie znalazłem zbyt wielu artykułów dotyczących analizy dłuższych fragmentów sygnału EKG (ref. 237, 43, 250, 281, 329, [10, 2, 12, 13, 17]), a te które znalazłem nie stały na najwyższym poziomie.

2. Na stronie 24 Doktorant pisze, nie popierając swoich słów odnośnikiem do literatury „...większość naukowców uważa, że najlepiej w tej dziedzinie sprawdza się transformata falkowa...”.

Przepraszam za brak odnośnika, ten sąd został postawiony na podstawie wypunktowania ze strony 23 oraz artykułu przeglądowego (ref. 96, [6]).

3. Również na stronie 24 pojawia się niejasne dla mnie zdanie „Tak wyliczone cechy mają wielką zaletę, ponieważ są odporne na zmiany oznaczeń punktów odniesienia”. O jakie punkty odniesienia chodzi?

Przepraszam, jest to zdanie którego zapomniałem poprawić i jest ono rzeczywiście niezrozumiałe. Chodziło w nim, że na podstawie informacji z artykułu przeglądowego (ref. 96, [6]), obliczanie współczynników z transformaty falkowej powoduje większe uogólnienie danych. Wyliczone w ten sposób cechy są bardziej uniwersalne i charakterystyczne dla rozpoznawanych zaburzeń niż surowe próbki z sygnału EKG. Co skutkuje wyekstrahowaniem cech dystyngtywnych i zwiększeniem skuteczności klasyfikatorów.

4. Na stronie 26 Doktorant wymienia klasteryzację, jako jedną z metod klasyfikacji. Klasteryzacja jest typowo rozumiana jako metoda uczenia maszynowego bez nadzoru, a klasyfikacja jako uczenie z nadzorem.

W tym zdaniu klasteryzacja jest rozumiana jako klasyfikacja bezwzorcowca (wykonywana bez nadzoru, bez nauczyciela według: https://pl.wikipedia.org/wiki/Analiza_skupie%C5%84), która okazuje się, że jest dość popularna (ref. 335, 304, 346, 247, 195, [18], [16], [19], [11], [9]) i osiąga dość dobre rezultaty (ref. 195, 75, 346, [9], [3], [19]).

5. Na stronie 30 Doktorant pisze, że w rozprawie współczynnik ACC jest równy współczynnikowi SEN, czego nie potwierdzają wyniki przedstawione w rozdziale piątym.

Na przytoczonej stronie opisany jest współczynnik Acc (ogólna skuteczność, wzór 2.1, współczynnik spotykany w literaturze ref. 96 [6] i 99 [7]), który jest w inny sposób wyznaczany niż współczynnik ACC (skuteczność, wzór 3.11). W rozprawie, tak jak jest napisane na stronie 30, współczynnik Acc jest równy współczynnikowi SEN (czułość, wzór 3.12), dzięki czemu wyniki uzyskane przez autora można porównać z innymi wynikami z literatury naukowej, zawartymi w tabelach: 2.4, 2.5 i 2.6.

6. Na stronie 55: etap normalizacji i standaryzacji są poprzedzone redukcją wzmocnienia i redukcją składowej stałej. Wydaje się, że w obu przypadkach są to operacje nadmiarowe.

Też tak myślałem, jednak w wyniku testów sygnały minimalnie się różniły bez wspomnianych etapów (pewnie ze względu na obliczenia numeryczne Matlaba). Nie wiadomo czy te minimalne różnice w jakikolwiek sposób wpłynęły na późniejszą skuteczność klasyfikacji ale ze względu na fakt, że te etapy były wykonywane przy braku normalizacji, żeby wyrazić obiektywne sądy na temat przydatności przeskalowania i standaryzacji zostały pozostawione.

7. Na stronie 57 Doktorant pisze, że „...Gęstość widmowa opisuje, jak dużo sygnału [...] występuje na jednostkę szerokości pasma...”, co jest definicją dość nieprecyzyjną.

Jest to definicja z książki (ref. 297, [15]), która miała mieć bardziej poglądowy charakter, oczywiście rozumiem, że nie jest dość precyzyjna i powinna być zastąpiona inną definicją.

8. **Na stronie 58 w algorytmie 3.1 używany jest „okienkowany periodogram”, nigdzie nie zdefiniowany.**
Przepraszam, rzeczywiście brak jest tej definicji, a samo pojęcie wydaje się być nieprecyzyjne, chodzi o okienkowanie widma mocy. W przytoczonym w rozprawie źródle (ref. 35, [1]) można znaleźć dokładny jego opis w sekcji zatytułowanej: „Okienkowanie a widmo mocy: periodogram”.
9. **Na stronie 64 na liście metod kodowania brakuje kodowania liczbami zmiennoprzecinkowymi, używanego przez Doktoranta. Na liście metod krzyżowania brakuje krzyżowania arytmetycznego, używanego w rozprawie.**
Bardzo cenna uwaga – oczywiście przepraszam za braki, powinny być one uzupełnione. Wyniknęły one z faktu, że w teorii z rozdziału 3 zostały przytoczone najbardziej klasyczne metody. Opisy nie uwzględnionych rodzajów krzyżowania: arytmetycznego i pośredniego można znaleźć w dokumentacji Matlab: <https://www.mathworks.com/help/gads/genetic-algorithm-options.html> Natomiast fakt, że nie zostało opisane kodowanie zmiennoprzecinkowe wynika z faktu, że w teorii w algorytmie genetycznym występuje tylko kodowanie liczbami binarnymi natomiast w strategii (algorytmie) ewolucyjnej występuje kodowanie zmiennoprzecinkowe zgodnie z książką prof. Rutkowskiego ref. 284, [14].
10. **Na stronie 65 Doktorant pisze, że „...Macierze pomyłek dla [...] SVM i KNN są wektorami...Natomiast dla sieci neuronowych macierze [...] są 17 wymiarowe...” Wektor może być macierzą, ale macierz nie jest wektorem. Dlaczego macierze dla sieci neuronowych są 17-wymiarowe (tzn. mają 17 indeksów)?**
*To jest ewidentny błąd, bardzo dziękuję za tą uwagę – pojawiła się tutaj błędna nazwa, oczywiście nie chodziło mi o macierze pomyłek ale macierze wzorcowe z oczekiwanymi odpowiedziami (zgodnie ze schematem z rysunku nr 3.37). Według: <https://pl.wikipedia.org/wiki/Macierz>, macierz jednowskaźnikowa nazywana jest wektorem wierszowym lub kolumnowym (jednowymiarowym, jednoindeksowym) o który chodziło autorowi.
To jest znowu nieprecyzyjne pojęcie, przepraszam za niejasne sformułowanie. Nie chodziło o indeksy, miałem na myśli, że mają 17 wyjść. Wynika to wprost ze struktury sieci neuronowej PNN (zaimplementowanej w Matlabie) która wymaga tylu wyjść ile jest rozpoznawanych klas (przykładowo przy rozpoznaniu klasy nr 5 na 5 wyjściu pojawi się wartość „1”, a na pozostałych wyjściach wartości „0”).*
11. **Na stronie 78 Doktorant cytuję opinię: „...Jakość [...] klasyfikatorów składowych musi być znacząco lepsza od klasyfikatorów losowych...” AdaBoost jest kontrprzykładem – zespół słabych klasyfikatorów, niewiele lepszych, niż losowe może być bardzo skutecznym klasyfikatorem.**
Zgadzam się z Panem Profesorem, jakość klasyfikatorów składowych wystarczy jak będzie trochę lepsza niż losowych (nie musi być znacznie lepsza) do osiągnięcia dobrych wyników przez zespół. Przez klasyfikatory losowe rozumiem klasyfikatory które podejmują decyzję ze skutecznością równą losowemu przyporządkowaniu sygnału wejściowego do klasy wyjściowej. W takim przypadku, wiedza zawarta w tak skonstruowanych, słabych klasyfikatorach jest zbyt mała żeby zespół jako całość podejmował ostateczną decyzję na wysokim (satisfakcjonującym) poziomie. Uważam, że do stworzenia dobrego zespołu klasyfikatorów ważne jest aby klasyfikatory składowe wykazywały jak największą różnorodność ale również odpowiednio wysoką jakość (zgodnie z ref. 88 i 110, [5], [8]). Odnosnie AdaBoost to z tego co rozumiem, ten algorytm wychodzi od słabych (niewiele lepszych od losowych) klasyfikatorów jednak w kolejnych etapach uczy je próbkami o odpowiednio zmodyfikowanych wagach ze zbioru uczącego tak aby ostatecznie ich jakość wzrosła.
12. **Na stronie 80 w algorytmie 3.3 symbol K jest niezdefiniowany**
Dziękuję za uwagę i przepraszam. W pracy źródłowej (ref. 88, [5]) również nie jest on zdefiniowany ale przypuszczam, że „K” jest maksymalną liczbą iteracji do której należy powtarzać algorytm.
13. **Na stronie 81: warunek przyporządkowania systemu klasyfikującego do zbioru metod „deep learning” oparty na liczbie ścieżek CAP, która dla metod „głębokich” powinna być większa od 2. Czy nie chodzi o długość ścieżek CAP, a nie ich liczbę?**

Oczywiście jest to błąd (nieprecyzyjne określenie) chodzi o długość/głębokość ścieżek CAP.

14. Na stronie 85 Doktorant pisze o kryterium krzywej ROC. Krzywa ROC służy do wyboru progu dyskryminacji. Nie jest jasne, w którym momencie i jak ten próg (np. dla SVM) jest wybierany. Jeśli rzeczywiście analiza krzywej ROC została przeprowadzona, w pracy należałoby zaprezentować konkretny przykład.

Oczywiście jest to błąd – dziękuję za uwagę. W pracy zostało użyte jedynie kryterium macierzy pomyłek (https://en.wikipedia.org/wiki/Confusion_matrix) ponieważ wszystkie klasyfikatory udzielały binarnych odpowiedzi zgodnie z regułą WTA. Jednak mam pomysł na kolejne badania w których zostanie wykorzystane kryterium krzywej ROC do wyznaczania progów dyskryminacji.

15. Na stronie 91 Doktorant podaje listę wielu parametrów, które nie są zdefiniowane w pracy – należałoby podać odnośnik do dokumentacji Matlaba.

Zgadzam się z Panem Profesorem i przepraszam za ten błąd. Poniżej przedstawiam linki do dokumentacji:

- SVM: <http://www.csie.ntu.edu.tw/~cjlin/libsvm/>, ref. 82, [4],
- kNN: <https://www.mathworks.com/help/stats/classificationknn-class.html>,
- PNN: <https://www.mathworks.com/help/nnet/ref/newpnn.html>,
- RBFNN: <https://www.mathworks.com/help/nnet/ref/newrbf.html>,
- sse: <https://www.mathworks.com/help/nnet/ref/sse.html>

16. Z opisu przedstawionego przez Doktoranta wynika, że każdy klasyfikator pierwszej warstwy w zespole zaprojektowanym w Eksperymentie 4 udziela 17 odpowiedzi, z których tylko jedna ma wartość ‘1’, a pozostałe mają wartość ‘0’. Tymczasem na Rysunku 4.4 klasyfikator SVM_1 ma na wyjściu dwie wartości ‘1’.

To nie jest błąd, wspomniany rysunek nr 4.4 obrazuje nie wyjścia klasyfikatora, a chromosom z algorytmu genetycznego odpowiedzialny za selekcję głosów – czyli tak zwany „trening genetyczny” mający na celu usunięcie błędnych odpowiedzi (głosów) klasyfikatorów. Czyli na tym rysunku odpowiedzi klasyfikatorów są oznaczone jako: SX_CY, które są następnie przepuszczane lub nie (w zależności od selekcji cech) do meta-klasyfikatora SVM_18 w następnej (drugiej) warstwie.

17. Nie jest jasne, co chciał Doktorant wykazać, przeprowadzając Eksperyment 5.

Zgodnie z „Podstawowymi założeniami doboru klasyfikatorów (członków zespołu)” ze strony 78, według ref. 88 [5], najważniejszą kwestią jest ich różnorodność (niezależność statystyczna) którą można uzyskać na wiele sposobów np. poprzez trenowanie klasyfikatorów pod konkretne zaburzenia z eksperymentu nr 4 lub poprzez trenowanie klasyfikatorów pod konkretne kombinacje zbiorów uczących i testowych, podejście z eksperymentu nr 5 (zgodnie z „Metodami tworzenia zespołów klasyfikatorów” ze strony 77, według ref. 88 [5]). Jest to podejście stosowane w metodzie „Bagging” gdzie tworzy się wiele zbiorów uczących (poprzez losowanie elementów z powtórzeniami), a następnie na podstawie każdego zbioru uczącego trenuje się klasyfikator. Zespół tak powstałych klasyfikatorów podejmuje ostateczną decyzję poprzez głosowanie. W metodzie zaproponowanej przez autora zbiory zostały stworzone za pomocą 10-krotnej walidacji krzyżowej (nie poprzez losowanie), dodano również genetyczną selekcję cech odpowiedzi klasyfikatorów pierwszej warstwy na podstawie błędów w priorytetowych zbiorach uczących i testowych, a ostateczną decyzję podejmował meta-klasyfikator z drugiej warstwy zespołu. Powstałe w taki sposób modele są różnorodne ponieważ ich modele powstają na podstawie zbiorów uczących oraz mają inne parametry (optymalizowane pod konkretną kombinację zbioru uczącego i testowego). Dobierane parametry do procesu uczenia (na elementach ze zbioru uczącego) bazowały na błędach w priorytetowym zbiorze uczącym i testowym.

18. Na stronie 140 Doktorant pisze o zespole klasyfikatorów, który ma dwie warstwy wyjściowe. Rozumiem, że warstwa wyjściowa jest w rzeczywistości tylko jedna.

Oczywiście jest to błąd za który przepraszam. Posługując się terminologią sieci neuronowych chodzi nie o dwie warstwy wyjściowe ale o jedną warstwę ukrytą i o jedną warstwę wyjściową w których następują analogicznie ale w kolejnych etapach procesy wydobywania wiedzy prowadzące do podjęcia ostatecznej decyzji (w warstwie wyjściowej).

19. Nałożenie wykresów na Rysunkach 5.5 do 5.9 nie ułatwia ich interpretacji.

Zgadzam się z uwagą Pana Profesora - wykresy nie są do końca czytelne. Na rysunkach 5.5 i 5.6 ten zabieg był podyktowany faktem, że porównanie rodzajów normalizacji i ekstrakcji cech jest lepiej widoczne przy nałożeniu wykresów ponieważ przy pojedynczych wykresach nie byłoby widoczne ich skupienie oraz szczegółowość (zmiennosc, wygladzenie itp.). Natomiast na rysunkach od 5.7 do 5.9 chciałem przedstawić podobieństwa i różnice w sygnałach EKG pochodzących od tego samego pacjenta (ten sam kolor lub okno) na tle innych pacjentów (inne kolory i okna) co odgrywa akurat w sygnale EKG bardzo ważną rolę – sygnały od innych pacjentów w ramach jednego zaburzenia czasami różnią się bardziej niż sygnały przedstawiające różne zaburzenia, o czym piszę, we wnioskach w sekcji: 6.12.

Literatura

- [1] Widmo mocy: http://brain.fuw.edu.pl/edu/index.php/Nieparametryczne_widmo_mocy. 8
- [2] ABAWAJY, J., KELAREV, A., AND CHOWDHURY, M. Multistage approach for clustering and classification of ECG data. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 112, 3 (2013), 720 – 730. 1
- [3] BORTOLAN, G., CHRISTOV, I. I., AND PEDRYCZ, W. Hyperbox classifiers for ECG beat analysis. In *Computers in Cardiology, 2007* (Sept 2007), pp. 145–148. 4
- [4] CHANG, C.-C., AND LIN, C.-J. LIBSVM: A library for support vector machines. *ACM Transactions on Intelligent Systems and Technology* 2 (2011), 27:1–27:27. Software available at <http://www.csie.ntu.edu.tw/~cjlin/libsvm>. 15
- [5] CHMIELNICKI, W. *Efektywne metody selekcji cech i rozwiązywania problemu wieloklasowego w nadzorowanej klasyfikacji danych*. PhD thesis, Instytut Podstawowych Problemów Techniki Polskiej Akademii Nauk, 2012. 11, 12, 17
- [6] DA S. LUZ, E. J., SCHWARTZ, W. R., CĂMARA-CHĂVEZ, G., AND MENOTTI, D. ECG-based heartbeat classification for arrhythmia detection: A survey. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 127 (2016), 144 – 164. 5, 2, 3, 5
- [7] DE CHAZAL, P., O'DWYER, M., AND REILLY, R. B. Automatic classification of heartbeats using ECG morphology and heartbeat interval features. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 51, 7 (July 2004), 1196–1206. 5
- [8] DUDA, R., HART, P., AND STORK, D. *Pattern Classification, 2nd Edition*. Wiley-Interscience, 2000. 11
- [9] LAGERHOLM, M., PETERSON, C., BRACCINI, G., EDENBRANDT, L., AND SORNMO, L. Clustering ECG complexes using hermite functions and self-organizing maps. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 47, 7 (Jul 2000), 838–848. 6, 4
- [10] ODSTRČILIK, T., KUZILEK, J., CHUDACEK, V., AND LHOTSKA, L. Scoring system for 12 lead ECG quality assessment. In *Computing in Cardiology (CinC), 2012* (Sept 2012), pp. 501–504. 1
- [11] OZBAY, Y., CEYLAN, R., AND KARLIK, B. A fuzzy clustering neural network architecture for classification of ECG arrhythmias. *Computers in Biology and Medicine* 36, 4 (2006), 376 – 388. 4
- [12] PADMAVATHI, K., AND RAMAKRISHNA, K. S. Classification of ECG signal during atrial fibrillation using autoregressive modeling. *Procedia Computer Science* 46 (2015), 53 – 59. Proceedings of the International Conference on Information and Communication Technologies, {ICICT} 2014, 3-5 December 2014 at Bolgatty Palace & Island Resort, Kochi, India. 1
- [13] ROMERO, I., AND SERRANO, L. ECG frequency domain features extraction: a new characteristic for arrhythmias classification. In *Engineering in Medicine and Biology Society, 2001. Proceedings of the 23rd Annual International Conference of the IEEE* (2001), vol. 2, pp. 2006–2008 vol.2. 1

- [14] RUTKOWSKI, L. *Metody i techniki sztucznej inteligencji*. PWN, 2009. 9
- [15] SMITH, S. W. *Cyfrowe przetwarzanie sygnałów. Praktyczny poradnik dla inżynierów i naukowców*. btc, 2007. 7
- [16] SUFI, F., AND KHALIL, I. Diagnosis of cardiovascular abnormalities from compressed ECG: A data mining-based approach. *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine* 15, 1 (Jan 2011), 33–39. 4
- [17] VAFAIE, M., ATAEI, M., AND KOOFIGAR, H. Heart diseases prediction based on ECG signals classification using a genetic-fuzzy system and dynamical model of ECG signals. *Biomedical Signal Processing and Control* 14 (2014), 291 – 296. 1
- [18] WEN, C., LIN, T.-C., CHANG, K.-C., AND HUANG, C.-H. Classification of ECG complexes using self-organizing CMAC. *Measurement* 42, 3 (2009), 399 – 407. 4
- [19] YEH, Y.-C., CHIOU, C. W., AND LIN, H.-J. Analyzing ECG for cardiac arrhythmia using cluster analysis. *Expert Systems with Applications* 39, 1 (2012), 1000 – 1010. 4