

**Akademia Górniczo-Hutnicza
im. Stanisława Staszica w Krakowie**

Wydział Elektrotechniki, Automatyki, Informatyki i Inżynierii Biomedycznej

KATEDRA AUTOMATYKI I INŻYNIERII BIOMEDYCZNEJ



ROZPRAWA DOKTORSKA

PAWEŁ PŁAWIAK

**AUTOMATYCZNE DIAGNOZOWANIE DYSFUNKCJI MIĘŚNIA
SERCOWEGO NA PODSTAWIE ANALIZY SYGNAŁU
ELEKTROKARDIOGRAFICZNEGO (EKG) PRZY
WYKORZYSTANIU SYSTEMU
EWOLUCYJNO-NEURONOWEGO**

PROMOTOR:

Prof. dr hab. inż.

Ryszard Tadeusiewicz

Kraków 2016

OŚWIADCZENIE AUTORA PRACY

OŚWIADCZAM, ŚWIADOMY ODPOWIEDZIALNOŚCI KARNEJ ZA POŚWIADCZENIE NIEPRAWDY, ŻE NINIEJSZĄ PRACĘ DYPLOMOWĄ WYKONAŁEM OSOBIŚCIE I SAMODZIELNIE, I NIE KORZYSTAŁEM ZE ŹRÓDEŁ INNYCH NIŻ WYMIENIONE W PRACY.

.....

PODPIS

AGH
University of Science and Technology in Krakow

Faculty of Electrical Engineering, Automatics, Computer Science and Biomedical
Engineering

DEPARTMENT OF AUTOMATICS AND BIOMEDICAL ENGINEERING



DOCTORAL THESIS

PAWEŁ PŁAWIAK

**AUTOMATIC DIAGNOSIS OF MYOCARDIAL DYSFUNCTION
BASED ON ANALYSIS OF THE ELECTROCARDIOGRAM
SIGNAL (ECG) USING EVOLUTIONARY-NEURAL SYSTEM**

SUPERVISOR:

Ryszard Tadeusiewicz Prof.

Krakow 2016

Składam serdeczne podziękowania mojemu promotorowi
Panu Profesorowi Ryszardowi Tadeusiewiczowi za cenne
uwagi i pomoc w opracowaniu niniejszej pracy. Gorąco
dziękuję również moim Rodzicom, a w szczególności
Żonie i Synom za cierpliwość i wsparcie.

Spis treści

1. Wstęp	8
1.1. Motywacja i kontekst pracy	8
1.2. Hipotezy, cele i założenia rozprawy	11
1.3. Zawartość rozprawy	13
2. Przegląd literatury	16
2.1. Problematyka analizy sygnału EKG	16
2.2. Metodologia badań	17
2.2.1. Eksperymenty	18
2.2.2. Dane	18
2.2.3. Zaburzenia	20
2.2.4. Odprowadzenia	20
2.3. Przetwarzanie wstępne sygnału	21
2.4. Detekcja zespołów QRS i segmentacja sygnału EKG	21
2.5. Ekstrakcja i selekcja cech	23
2.5.1. Ekstrakcja cech	23
2.5.2. Selekcja cech	25
2.6. Stosowane metody klasyfikowania sygnału EKG	25
2.6.1. Walidacja krzyżowa	25
2.6.2. Metody inteligencji obliczeniowej i algorytmy uczenia maszynowego	26
2.6.3. Optymalizacja parametrów	28
2.7. Wyniki prowadzonych badań	29
2.7.1. Metody oceny uzyskanych wyników	29
2.7.2. Zestawienie i porównanie aktualnych wyników	29
3. Materiały i metody	34
3.1. Materiały	34
3.1.1. Metodologia badań	34
3.1.2. Elektrokardiografia	36
3.1.3. Baza z sygnałami EKG	40

3.1.4. Rodzaje patologii mięśnia sercowego	42
3.2. Zastosowane w rozprawie metody	53
3.2.1. Wstępne przetwarzanie sygnału (normalizacja)	54
3.2.2. Ekstrakcja cech	57
3.2.3. Selekcja cech	60
3.2.4. Walidacja krzyżowa	64
3.2.5. Algorytmy uczenia maszynowego	67
3.2.6. Optymalizacja parametrów	83
3.2.7. Kryteria oceny wyników	85
4. Eksperymenty	90
4.1. Eksperyment nr 1 – Podstawowa analiza sygnału EKG	90
4.2. Eksperyment nr 2 – Genetyczna optymalizacja parametrów	98
4.3. Eksperyment nr 3 – Genetyczna selekcja cech	105
4.4. Eksperyment nr 4 – Genetyczny zespół klasyfikatorów optymalizowanych po klasach	113
4.5. Eksperyment nr 5 – Genetyczny zespół klasyfikatorów optymalizowanych po zestawach zbiorów	127
4.6. Eksperyment nr 6 – Głęboki genetyczny zespół klasyfikatorów	140
4.7. Pozostałe eksperymenty	155
5. Wyniki	157
5.1. Wizualizacje surowych danych	157
5.2. Wizualizacje odseparowania danych po przetworzeniu wstępnym sygnału - normalizacji ..	157
5.2.1. Porównanie rodzajów normalizacji	159
5.2.2. Porównanie analizowanych klas	159
5.2.3. Porównanie sygnałów z tej samej klasy dla różnych pacjentów	159
5.3. Wizualizacje przetworzonych danych po DFT	162
5.3.1. Porównanie szerokości okna Hamminga wraz z rodzajami normalizacji	162
5.3.2. Porównanie analizowanych klas	162
5.3.3. Porównanie sygnałów z tej samej klasy dla różnych pacjentów	162
5.4. Wizualizacje efektów selekcji cech	166
5.5. Wizualizacje wszystkich etapów przetwarzania sygnału	169
5.6. Przedstawienie uzyskanych wyników	172
5.6.1. Eksperyment nr 1 - Podstawowa analiza sygnału EKG	172
5.6.2. Eksperyment nr 2 - Genetyczna optymalizacja parametrów	175
5.6.3. Eksperyment nr 3 - Genetyczna selekcja cech	180
5.6.4. Eksperyment nr 4 - Genetyczny zespół klasyfikatorów optymalizowanych po klasach	183

5.6.5. Eksperyment nr 5 - Genetyczny zespół klasyfikatorów optymalizowanych po zestawach zbiorów	186
5.6.6. Eksperyment nr 6 - Głęboki genetyczny zespół klasyfikatorów	189
5.7. Porównanie metod i algorytmów	196
5.7.1. Eksperymenty	196
5.7.2. Klasyfikatory	196
5.7.3. Normalizacja (przetwarzanie wstępne sygnału)	196
5.7.4. Ekstrakcja cech (szerokości okna Hamminga)	196
5.7.5. Walidacja krzyżowa	196
6. Wnioski	200
6.1. Hipotezy	200
6.2. Eksperymenty	204
6.3. Nowatorskie systemy - zespoły klasyfikatorów	206
6.4. Nowatorski system - głęboki genetyczny zespół klasyfikatorów	207
6.5. Pozostałe eksperymenty	207
6.6. Algorytmy uczenia maszynowego	208
6.7. Wstępne przetwarzanie sygnału (normalizacja)	208
6.8. Ekstrakcja cech	209
6.9. Selekcja cech	210
6.10. Walidacja krzyżowa	211
6.11. Optymalizacja parametrów	212
6.12. Klasy/zaburzenia	213
6.13. Czasy	213
6.14. Ocena uzyskanych wyników	214
7. Podsumowanie	216
7.1. Oryginalne elementy rozprawy	217
7.2. Napotkane trudności	218
7.3. Kierunki dalszych badań	219
Publikacje autora	220
Bibliografia	221
Lista skrótów	244
Załączniki	246

1. Wstęp

1.1. Motywacja i kontekst pracy

Od zarania dziejów dla ludzi najważniejszą wartością było zdrowie. Już w starożytności filozofowie prowadzili badania medyczne. Na przestrzeni wieków medycyna zawsze podążała w parze z nauką bardzo dynamicznie się rozwijając. Nic się nie zmieniło w naszych czasach, nadal nasze zdrowie i wszystko co jego dotyczy jest przedmiotem gorących dyskusji oraz napędza wiele badań naukowych. Można nawet stwierdzić, że w obecnych czasach kładzie się coraz większy nacisk na aspekty zdrowotne. Każdy z nas chciałby, aby on jak i jego bliscy żyli jak najdłużej pozostając w znakomitej kondycji. Dzięki rozwojowi medycyny, na przestrzeni ostatnich dziesięcioleci, średni czas życia zdecydowanie się wydłużył podobnie jak jego jakość. Jednak nasza cywilizacja musi się ciągle zmagać z nowymi lub nieposkromionymi zagrożeniami. Jednym z nich są na pewno choroby układu krwionośnego.

Współcześnie możemy zaobserwować bardzo dużą zapadalność na choroby układu krwionośnego oraz bardzo dużą śmiertelność nimi spowodowaną. Pomimo podejmowanych działań profilaktycznych choroby układu sercowo-naczyniowego są najczęstszą przyczyną zgonów na świecie, w większości krajów europejskich oraz w Polsce. Choroby układu krążenia są najpoważniejszymi i najkosztowniejszymi problemami zdrowotnymi w dzisiejszym świecie [148, 235, 240], (2.1). Dlatego bardzo ważnym aspektem jest stworzenie specjalistycznego oprogramowania wspomagającego diagnostykę lekarską, w celu szybszego i skuteczniejszego identyfikowania patologii serca oraz monitorowania stanu pacjentów w czasie rzeczywistym.

Dotychczas stosowane algorytmy bazują przede wszystkim na metodach analitycznych, polegających na wydobywaniu cech charakterystycznych sygnału EKG za pomocą obliczania zależności czasowych i amplitudowych analizowanego sygnału. Automatyczna interpretacja elektrokardiogramu zwykle jest złożona z kilku etapów [96]:

- przetwarzania wstępnego sygnału,
- detekcji zespołów QRS i segmentacji sygnału EKG,
- ekstrakcji i selekcji cech,
- klasyfikacji.

Skuteczność opisanych algorytmów, bazujących na metodach analitycznych, stosowanych do diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego jest jednak niewystarczająca, o czym świadczą wyniki badań [96]. Warto również zwrócić uwagę na fakt, że dotychczas zaprojektowane algorytmy służą głównie do klasyfikowania ewolucji serca. Jednak takie podejście jest nieefektywne w przypadku niektórych zabu-

rzeń serca, charakteryzujących się złożonymi zależnościami pomiędzy kolejnymi ewolucjami serca dla których najistotniejsze są „wypadnięte” ewolucje serca (odstępy czasowe pomiędzy kolejnymi pobudzeniami serca), a nie same zespoły QRS które mogą być zupełnie prawidłowe. Do grupy tych dysfunkcji możemy zaliczyć: zespoły preeksytacji (np. Wolffa-Parkinsona-White’a - WPW), bloki przewodnictwa przedsionkowo-komorowego i zatokowo-predsionkowego, wydłużony odstęp PQ, itp. Nieskuteczne są również przy bardziej złożonych dysfunkcjach charakteryzujących się subtelnymi zmianami w kształcie ewolucji serca, np. dla bloków odnóg pęczka Hisa i przerostów komór serca, choroby wieńcowej czy jednokształtnego częstoskurczu przedsionkowego [269] dla których analiza dłuższych fragmentów EKG (stosowana przez autora i opisana w niniejszej rozprawie) powinna skutkować wzrostem czułości, ponieważ dzięki zastosowaniu takiego rozwiązania wzmacniamy charakterystyczne cechy analizowanych zaburzeń, poprzez fakt, że wektor cech w dziedzinie częstotliwości posiada bardziej wyeksponowane, charakterystyczne dla danego zaburzenia, pasma częstotliwości.

Tematyka analizy sygnału EKG jest od wielu lat bardzo popularna, o czym świadczy wiele prac naukowych dotyczących tego zagadnienia. Jednak ze względu na ogromną trudność podejmowanego zadania, w tematyce analizy sygnału EKG, jest jeszcze wiele do zrobienia. Klasyfikacja zaburzeń serca na podstawie dotychczas stosowanych metod, bazujących na obliczaniu cech morfologicznych i dynamicznych zespołów QRS, jest trudna i obarczona błędami ze względu na zmienność tych cech u różnych pacjentów [250]. Należy zwrócić również uwagę na fakt, że w wielu pracach zignorowano ważne aspekty wpływające na miarodajność uzyskanych wyników, takie jak pominięcie lub zastosowanie niewłaściwej walidacji krzyżowej czy analiza niewielkiej liczby zaburzeń serca. Pomimo uzyskania w tych badaniach bardzo obiecujących wyników, wystąpił w nich efekt przeuczenia, co skutkowało zdecydowanie mniejszą skutecznością w diagnozowaniu dysfunkcji serca dla innych danych [96]. Uzyskane w ten sposób wyniki badań nie są miarodajne, a co za tym idzie wartościowe. Natomiast badania w których zachowano standardy, a wyniki z nich pochodzące sprawdzają się w praktyce, charakteryzują się zdecydowanie mniejszą skutecznością.

Istotne jest również, że niektóre metody, zastosowane w niniejszej rozprawie, nie zostały do tej pory przebadane w diagnozowaniu zaburzeń serca. W literaturze naukowej nie występują wzmianki na temat analizowania dłuższych fragmentów sygnału EKG, stosowania genetycznej selekcji składowych częstotliwościowych czy wykorzystania zespołu klasyfikatorów bazującego na metodzie głębokiego uczenia (ang. *deep learning*) - co podkreśla innowacyjny charakter przeprowadzonych badań.

Niektóre zaburzenia serca, w szczególności arytmie, mogą się ujawniać w krótkich odstępach czasu, co powoduje, że do ich wykrycia potrzebna jest analiza długotrwałych zapisów EKG (np. trwających 24h) pochodzących z Holtera. Dlatego automatyczny algorytm wspomagający pracę lekarzy kardiologów, w postaci wstępnej analizy i wytypowania (wskazania) podejrzanych fragmentów zapisu jest bardzo pożądanym. Nawet krótkie epizody zaburzeń serca, jeżeli nie są rozpoznane i leczone, mogą okazać się bardzo groźne dla zdrowia. Pomimo uzyskiwania przez naukowców obiecujących wyników, w klasyfikacji patologii mięśnia sercowego, upłynie jeszcze wiele czasu zanim opracowywane automatyczne metody będą stosowane w praktyce. Wynika to z potrzeby zwiększenia efektywności i stabilności projektowanych algorytmów do analizy sygnałów EKG. Wszystkie te argumenty przemawiają za potrzebą kontynuowania oraz rozwijania badań dotyczących skutecznej analizy sygnału EKG.

Podsumowując możemy stwierdzić, że bardzo ważnym zadaniem jest stworzenie specjalistycznego oprogramowania wspomagającego diagnostykę lekarską w celu szybszego oraz skuteczniejszego identyfikowania patologii serca. Takie podejście ma za zadanie ulepszyć profilaktykę poprzez zminimalizowanie zagrożeń związanych z chorobami serca. Zaprojektowanie nowych metod diagnostycznych, opartych na algorytmach uczenia maszynowego jest bardzo pożądane ponieważ dotychczas stosowane rozwiązania nie wykazują zadowalającej skuteczności.

W wyniku badań opisanych w tej pracy wypracowano i sparametryzowano nowe metody automatycznego diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego na podstawie sygnału EKG, oraz stworzono na podstawie tych metod nowe algorytmy pozwalające na ich eksperymentalne przebadanie.

Diagnozowanie dysfunkcji mięśnia sercowego na podstawie sygnału EKG jest trudnym problemem do rozwiązania w konwencjonalny sposób ze względu na nieznaną regułę determinującą omawiany problem. Z tego względu autor zdecydowała się na zastosowanie metod inteligencji obliczeniowej [311, 283, 183, 313] które dzięki właściwości uczenia oraz uogólniania wiedzy potrafią wydobyć z danych reguły, dzięki którym możliwe jest efektywne rozpoznawanie patologii serca. Wysoka skuteczność omawianych metod tłumaczy dużą popularność stosowania technik sztucznej inteligencji w różnych dziedzinach nauki. Zalety technik bazujących na metodach inteligencji obliczeniowej polegają na właściwościach odziedziczonych od ich biologicznych odpowiedników jak: uczenie i generalizowanie wiedzy (sztuczne sieci neuronowe), optymalizacja globalna (algorytmy genetyczne) oraz stosowanie nieprecyzyjnych pojęć (systemy rozmyte). Autor stosował metody inteligencji obliczeniowej do rozwiązywania podobnych problemów: klasyfikowania gatunków herbaty [259, 260] i aproksymowania stężenia fenolu [263, 261] na podstawie danych z e-nosa, aproksymowania stanu wypracowania pompy wyporowej [258] oraz rozpoznawania gestów dłoni języka mowy ciała [262].

W ramach badań została przeprowadzona analiza polegająca na klasyfikowaniu biologicznych sygnałów wejściowych, do danych klas odpowiadających danej patologii. Została również porównana efektywność zaprojektowanych metod inteligencji obliczeniowej w zakresie analizy sygnału EKG. Autor wykorzystał algorytmy uczenia maszynowego bazujące na sieciach neuronowych (PNN, RBFNN), maszynie wektorów nośnych (SVM), algorytmie k-najbliższych sąsiadów (kNN) oraz algorytmach genetycznych. Zostały zaprojektowane metody bazujące na pojedynczych oraz hybrydowych metodach (systemy ewolucyjno-neuronowe). Zaprojektowano również systemy składające się z zespołu klasyfikatorów oraz systemy bazujące na metodzie uczenia głębokiego. Parametry zaprojektowanych systemów zostały zoptymalizowane przy wykorzystaniu algorytmu genetycznego. Do poprawnej analizy sygnału było również konieczne odpowiednie przetworzenie wstępne sygnału (normalizacja amplitudy i usunięcie składowej stałej) oraz zastosowanie ekstrakcji i selekcji cech sygnału EKG, polegające na wydobyciu cech charakterystycznych w postaci widmowej gęstości mocy (za pomocą metody Welch'a i dyskretnej transformacji Fouriera) oraz ich selekcji za pomocą algorytmu genetycznego. Elementy do zbioru uczącego i testowego zostały dobrane na podstawie metody walidacji krzyżowej (4 i 10-krotnej, ang. *4-fold i 10-fold cross-validation*). Zaprojektowane metody diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego zostały ocenione na podstawie współczynników bazujących na krzywej ROC (ang. *Receiver Operating Curve*) (skuteczność, czułość, specyficzność), liczby błędów, współczynnika κ oraz czasów treningu, klasyfikowania i optymalizacji.

Zaprojektowane metody posłużyły do klasyfikowania chorób dotyczących zaburzeń rytmu serca oraz zmian kształtu sygnału EKG. Diagnoza polegała na rozpoznawaniu prawidłowego rytmu zatokowego serca oraz 16 jednostek chorobowych. Analizowane sygnały pochodziły z jednego odprowadzenia MLII. Do celów eksperymentu pozyskano 744, 10-sekundowe fragmenty sygnału EKG z ogólnodostępnej bazy danych [PhysioNet](#), pochodzące od 29 pacjentów. Zaprojektowano kilka wariantów przetwarzania wstępnego sygnału, ekstrakcji i selekcji cech oraz zastosowano różne metody inteligencji obliczeniowej (wraz z systemami hybrydowymi, zespołami klasyfikatorów oraz głębokim uczeniem) oraz dwie metody walidacji krzyżowej. W wyniku badań stworzono algorytmy analizujące sygnał EKG z czułością na poziomie 95%. Algorytmy zostały zaprogramowane w środowisku MATLAB R2014b.

1.2. Hipotezy, cele i założenia rozprawy

Celem przeprowadzonych i opisanych w rozprawie doktorskiej badań było zaprojektowanie nowatorskiego systemu automatycznie diagnozującego dysfunkcje mięśnia sercowego na podstawie sygnału EKG i przy wykorzystaniu metod inteligencji obliczeniowej.

Algorytmy projektowano z myślą o ich wykorzystaniu w telemedycynie i urządzeniach mobilnych do samokontroli pacjentów oraz zastosowań profilaktycznych, domowych lub badań przesiewowych. Urządzenia z zaimplementowanym algorytmem diagnozowania patologii pracy serca mogłyby służyć osobom z podwyższonym ryzykiem wystąpienia zaburzeń pracy serca do codziennych, profilaktycznych badań celem monitorowania stanu serca.

Celem pracy było zaprojektowanie uniwersalnego algorytmu (wykazującego właściwości generalizacji wiedzy), nie pod konkretną osobę ale dla ogółu populacji.

Na podstawie dostępnej literatury oraz własnych doświadczeń naukowych przyjęto metodologię badań składającą się z następujących założeń:

- Z1** Analizowano fragmenty sygnałów EKG pochodzące z ogólnodostępnej bazy danych MIT-BIH Arrhythmia, z serwisu [PhysioNet](#);
- Z2** Analizowano fragmenty sygnału EKG trwające 10 sekund (cały fragment wchodził na wejścia klasyfikatora);
- Z3** Analizowany fragment sygnału EKG zawierał prawidłowy rytm zatokowy lub zaburzenie serca jednego typu (tzn. pojedynczemu fragmentowi sygnału EKG była przypisana jedna z rozpoznawanych klas);
- Z4** Analizowane fragmenty sygnału EKG pochodziły tylko z jednego odprowadzenia: MLII;
- Z5** Analiza obejmowała 744 fragmenty sygnału zawierające prawidłowy rytm zatokowy oraz 16 zaburzeń serca od 29 pacjentów;
- Z6** W badaniach nie zastosowano żadnego filtrowania sygnału celem usunięcia szumów i składowej napięcia sieciowego (ze względu na wykorzystanie metody Welch'a i genetycznej selekcji cech);

- Z7** W badaniach nie zastosowano detekcji zespołów QRS oraz segmentacji sygnału EKG;
- Z8** W badaniach zastosowano i porównano kilka rodzajów przetwarzania wstępnego sygnału (normalizacji amplitudy);
- Z9** W badaniach zastosowano ekstrakcję cech sygnału polegającą na wzmocnieniu cech charakterystycznych sygnału poprzez estymowanie widmowej gęstości mocy za pomocą metody Welch'a i dyskretnej transformacji Fouriera (analiza danych w dziedzinie częstotliwości, porównanie 4 szerokości okna Hamminga);
- Z10** W niektórych eksperymentach zastosowano selekcję cech w postaci algorytmu genetycznego selekcjonującego cechy (składowe częstotliwościowe);
- Z11** W badaniach zastosowano i porównano dwa rodzaje walidacji krzyżowej (4-krotna i 10-krotna) w celu zredukowania efektu przeuczenia oraz uzyskania miarodajnych wyników;
- Z12** W celu rozpoznawania chorób serca w badaniach zastosowano i porównano algorytmy uczenia maszynowego: przebadano 4 klasyczne klasyfikatory (SVM, PNN, RBFNN, kNN) oraz zaprojektowano dwa nowatorskie genetyczne zespoły klasyfikatorów oraz nowatorski głęboki genetyczny zespół klasyfikatorów (bazujący na metodzie głębokiego uczenia);
- Z13** W badaniach zastosowano i porównano dwa rodzaje optymalizacji parametrów klasyfikatorów za pomocą metody przeszukiwania siatki oraz algorytmu genetycznego;
- Z14** Uzyskane wyniki oceniano na podstawie macierzy pomyłek, sumy błędów (ERR), skuteczności (ACC), czułości (SEN), specyficzności (SPE), współczynnika κ oraz czasu treningu (C_t), klasyfikowania (C_k) i optymalizacji (C_o);

Głównym założeniem autora było stworzenie metodologii badań obejmującej analizę sygnału EKG na wzór pracy lekarza kardiologa, diagnozującego stan serca na podstawie standardowego EKG trwającego około 10 sekund.

Uwzględniając powyższe założenia sformułowano następującą tezę rozprawy:

T Zastosowanie systemu ewolucyjno-neuronowego (głębokiego zespołu genetycznie optymalizowanych klasyfikatorów), do analizy genetycznie selekcionowanych cech w postaci składowych częstotliwościowych widmowej gęstości mocy, 10-sekundowych fragmentów sygnału EKG, umożliwi skuteczne i szybkie diagnozowanie wybranych dysfunkcji mięśnia sercowego.

Aby wykazać słuszność powyższej tezy sformułowano następujące hipotezy szczegółowe, odpowiadające przeprowadzonym w ramach badań eksperymentom:

- H1** *Zastosowanie zaprojektowanej metodologii badań, polegającej na analizie dłuższych 10-sekundowych fragmentów sygnału EKG, składającej się z następujących metod: algorytmu przetwarzania wstępnego sygnału EKG, algorytmu ekstrakcji cech (polegającego na estymacji wid-*

mowej gęstości mocy sygnału EKG) oraz klasyfikowania zaburzeń serca bazującego na zoptymalizowanych algorytmach uczenia maszynowego, umożliwi skuteczne diagnozowanie dysfunkcji mięśnia sercowego.

- H2** *Zastosowanie genetycznej optymalizacji parametrów klasyfikatorów bazujących na algorytmach uczenia maszynowego, 10-krotnej walidacji krzyżowej oraz ekstrakcji cech obliczanej dla 4 szerokości okna Hamminga, przy wykorzystaniu 3 rodzajów normalizacji, spowoduje zwiększenie czułości diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego.*
- H3** *Zastosowanie genetycznej selekcji cech (składowych częstotliwościowych widmowej gęstości mocy sygnału EKG) sprzężonej z genetyczną optymalizacją parametrów 4 typów klasyfikatorów, przy wykorzystaniu: 3 rodzajów normalizacji, 10-krotnej walidacji krzyżowej oraz ekstrakcji cech obliczanej dla 4 szerokości okna Hamminga, spowoduje zwiększenie czułości diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego.*
- H4** *Zastosowanie genetycznego dwu-warstwowego zespołu 17+1 klasyfikatorów SVM, optymalizowanego w celu zmaksymalizowania czułości rozpoznawania poszczególnych zaburzeń serca oraz bazującego na genetycznej selekcji cech i genetycznej optymalizacji parametrów klasyfikatorów, spowoduje zwiększenie czułości diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego.*
- H5** *Zastosowanie genetycznego dwu-warstwowego zespołu 10+1 klasyfikatorów SVM (zmodyfikowana metoda bagging), optymalizowanego w celu zmaksymalizowania czułości rozpoznawania zaburzeń serca dla poszczególnych zbiorów testowych oraz bazującego na genetycznej selekcji cech i genetycznej optymalizacji parametrów klasyfikatorów, spowoduje zwiększenie czułości diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego.*
- H6** *Zastosowanie głębokiego genetycznego trój-warstwowego zespołu 48+4+1 różnych klasyfikatorów: SVM, kNN, PNN, RBFNN, uczonego w celu rozpoznawania zaburzeń serca na podstawie 3 rodzajów przetwarzania wstępnego sygnału i 4 rodzajów ekstrakcji cech (4 szerokości okna Hamminga), bazującego na metodzie warstwowego uczenia głębokiego oraz genetycznej selekcji cech, genetycznej optymalizacji parametrów klasyfikatorów i 10-krotnej walidacji krzyżowej, spowoduje zwiększenie czułości diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego.*

1.3. Zawartość rozprawy

Niniejsza rozprawa doktorska składa się z 7 rozdziałów. Poniżej przedstawiono opis zawartości kolejnych rozdziałów:

- R1 Wstęp** – składa się z trzech sekcji dotyczących motywacji, hipotez oraz zawartości rozprawy. Pierwsza sekcja zawiera wprowadzenie w tematykę badań poruszanych w pracy. Odpowiada na pytanie dlaczego ta tematyka jest ważna. Został w niej przedstawiony również krótki przegląd prac z dziedziny analizy sygnału EKG wraz z wyszczególnieniem słabych punktów aktualnie stosowanych rozwiązań. Na końcu znajduje się natomiast uzasadnienie motywacji do prowadzenia badań oraz

opis przeprowadzonych badań. Druga sekcja przedstawia założenia rozprawy doktorskiej wraz ze sformułowaną główną tezą oraz hipotezami szczegółowymi (pomocniczymi). W trzeciej sekcji znajduje się opis struktury dysertacji doktorskiej wraz z opisem zawartości poszczególnych rozdziałów.

R2 Przegląd literatury – składa się z siedmiu sekcji dotyczących problematyki analizy sygnału EKG oraz aktualnie stosowanych metod w kolejnych etapach analizy sygnału. Celem tej sekcji jest zapoznanie czytelnika z aktualnie prowadzonymi badaniami i standardami analizy sygnału EKG oraz umiejscowienie prowadzonych w tej pracy badań na tle literatury naukowej. Pierwsza sekcja zawiera opis najbardziej popularnych kierunków badań oraz wyjaśnia dlaczego tematyka analizy sygnału EKG jest ważna. W drugiej sekcji przedstawiono różne metodologie badań wraz z opisem prowadzonych eksperymentów, baz danych, rozpoznawanych zaburzeń oraz wykorzystywanych odprowadzeń. W trzeciej sekcji przedstawiono stosowane techniki przetwarzania wstępnego sygnału. W czwartej sekcji omówiono zagadnienia dotyczące detekcji zespołów QRS oraz segmentacji sygnału EKG. W piątej sekcji porównano aktualnie stosowane metody ekstrakcji i selekcji cech sygnału. Szósta sekcja zawiera szczegółowe zestawienie stosowanych metod klasyfikowania zaburzeń serca wraz z metodami walidacji krzyżowej i optymalizacji parametrów klasyfikatorów. W ostatniej siódmej sekcji znalazł się opis stosowanych metod oceny uzyskanych wyników oraz szerokie zestawienie i porównanie aktualnych wyników badań.

R3 Materiały i metody – składa się z dwóch sekcji dotyczących teoretycznych podstaw przeprowadzonych eksperymentów. W pierwszej sekcji znajduje się szczegółowy opis metodologii badań, wprowadzenie w tematykę elektroencefalografii, dokładny opis stworzonej bazy danych z sygnałami EKG oraz omówienie analizowanych zaburzeń serca. W drugiej sekcji znajdują się teoretyczne podstawy zastosowanych w badaniach metod i algorytmów. Kolejne podsekcje dotyczą kolejnych etapów badań od wstępnego przetwarzania sygnału przez nowatorskie systemy, aż po kryteria oceny uzyskanych wyników.

R4 Eksperymenty – składa się z siedmiu sekcji odpowiadających sześciu przeprowadzonym głównym eksperymentom. W kolejnych sekcjach omówione są kolejne eksperymenty. W każdej sekcji przedstawiony jest cel przeprowadzonego eksperymentu wraz ze szczegółową hipotezą, szczegółowymi informacjami oraz schematem doświadczenia i procedurami algorytmu. Natomiast w ostatniej sekcji tego rozdziału zostały mniej szczegółowo opisane pozostałe przeprowadzone przez autora eksperymenty.

R5 Wyniki – składa się z siedmiu sekcji przedstawiających uzyskane wyniki. Pierwsze pięć sekcji dotyczy przedstawienia wizualizacji sygnału EKG dla różnych metod przetwarzania sygnału. Takie zestawienia mają na celu zobrazowanie odseparowania danych na podstawie którego można wyciągnąć wnioski na temat zastosowanych metod oraz zidentyfikować problemy. W szóstej sekcji znajduje się szczegółowe zestawienie wyników dla sześciu kolejnych eksperymentów. Natomiast w ostatniej siódmej sekcji zostało przedstawione porównanie przebadanych algorytmów i metod.

R6 Wnioski – składa się z 14 sekcji szczegółowo omawiających uzyskane wyniki w kontekście najważniejszych zagadnień dotyczących analizy sygnału EKG. Pierwsza sekcja zawiera weryfikację tezy głównej i hipotez szczegółowych na podstawie uzyskanych wyników. W sekcjach od 2-5 zostały przedstawione wnioski dotyczące poszczególnych 6 eksperymentów głównych oraz pomocniczych. W sekcjach od 6 do 13 zostały opisane wnioski dotyczące poszczególnych aspektów poruszanych w pracy dotyczących: algorytmów uczenia maszynowego, wstępnego przetwarzania sygnału, ekstrakcji i selekcji cech, walidacji krzyżowej, optymalizacji parametrów, klas/zaburzeń i czasów. W sekcji czternastej przedstawiono ogólne omówienie wyników na tle aktualnej literatury naukowej.

R7 Podsumowanie – składa się z trzech sekcji. Na początku rozdziału streszczono i powtórzono najważniejsze założenia i osiągnięcia pracy. Przedstawiono cele prowadzonych badań, opisano przeprowadzone eksperymenty, przedstawiono najważniejsze wyniki oraz sformułowano konkluzję. W pierwszej sekcji wskazano oryginalne elementy rozprawy w kontekście aktualnej literatury naukowej, w drugiej sekcji przedstawiono ograniczenia (napotkane trudności), natomiast w trzeciej sekcji wskazano kierunek dalszych badań.

2. Przegląd literatury

2.1. Problematyka analizy sygnału EKG

Diagnozowanie stanu serca za pomocą analizy sygnału EKG od wielu lat cieszy się niesłabnącą popularnością i jest podstawową metodą stosowaną w profilaktyce chorób układu krwionośnego. Szeroki zakres zastosowań analizy EKG wynika z faktu, że jest to prosta i nieinwazyjna metoda dostarczająca wielu cennych informacji o pracy układu krwionośnego na podstawie których jest możliwa dokładana analiza stanu serca. Ogromna popularność omawianej metody ma również swoje odzwierciedlenie w badaniach naukowych. W ostatnich latach do najbardziej rozwijanych tematów związanych z elektrokardiografią możemy zaliczyć:

- Automatyczna analiza sygnału EKG [95, 96],
- Detekcja zespołów QRS [350, 300],
- Analiza długookresowego sygnału EKG z Holtera [180, 177],
- Analiza sygnału EKG płodu [168, 315, 332],
- Projektowanie mobilnego urządzenia do rejestracji i analizy sygnału EKG [87, 105, 138, 176, 252, 264, 338],
- Kompresja sygnału EKG [52, 177],
- Problematyka szumów w analizie EKG [129, 255, 204, 282],
- Rozpoznawanie ataków padaczki na podstawie sygnałów EKG i EEG [233, 330],
- Diagnozowanie specyficznych zaburzeń serca na podstawie sygnału EKG (np. kardiomiopatii przerostowej, rozstrzeniowej) [274, 357].

Podejmowane są także następujące tematy:

- Analiza sygnału EKG w pediatrii [135],
- Analiza zeskanowanego sygnału EKG [229],
- Formaty zapisu sygnału EKG [321],
- Ocena jakości sygnału EKG [237],
- Rozpoznawanie fazy zaśnięcia i przebudzenia na podstawie sygnału EKG [170],
- Usuwanie zakłóceń sygnału EKG z sygnału EMG [44],
- Przestrzenna rekonstrukcja fazy sygnału EKG [187],
- Systemy biometryczne bazujące na sygnale EKG [78],
- Steganografia sygnału EKG [285].

W rozprawie doktorskiej zostały poruszone zagadnieniach dotyczące automatycznej analizy sygnału EKG.

Choroby układu krążenia, a w szczególności choroby serca są jednymi z najpoważniejszych patologii dotykających współczesne społeczeństwo. Wynika to z faktu, że choroby serca są jednymi z najczęściej występujących w społeczeństwie oraz często rozwijają się w ukryciu i ujawniają w postaci gwałtownego ataku mającego poważne następstwa [63].

Opierając się na danych statystycznych [148] możemy jednoznacznie stwierdzić, że choroby układu krążenia są najczęstszą przyczyną zgonów w USA. Rocznie na choroby serca ginie tam około 900 000 osób co stanowi jedną trzecią wszystkich zgonów [235]. Podobne dane dotyczą wszystkich krajów wysoko rozwiniętych. W grupie najwyższego ryzyka są mężczyźni po 50 roku życia oraz kobiety po 60 roku życia. Warto odnotowania jest fakt, że tendencja do zachorowań na choroby układu krążenia będzie się coraz bardziej nasilać, ze względu na postępujące starzenie się społeczeństw [146].

W Polsce aktualnie na choroby układu krążenia umiera 48% ludności [240]. Głównymi przyczynami niewydolności serca są: nadciśnienie tętnicze, otyłość, przerost lewej komory, choroba wieńcowa inaczej choroba niedokrwienna mięśnia sercowego (co roku umiera na nią około 40 000 osób, jedną z jej postaci jest zawał mięśnia sercowego [216]), zapalenie mięśnia sercowego oraz wady wrodzone. Warto podkreślić, że schorzenia układu krążenia są z reguły chorobami przewlekłymi, wymagającymi wieloletniego oraz kosztownego leczenia [63].

Przedstawione argumenty jednoznacznie determinują ogromny wpływ chorób serca na kondycję współczesnego społeczeństwa. Ten fakt wpływa na konieczność oraz wagę badań prowadzonych w tej dziedzinie i jest jednym ze składników motywacji do prowadzenia badań opisanych w niniejszej rozprawie.

W niniejszym rozdziale zostanie wskazane umiejscowienie przeprowadzonych eksperymentów na tle obecnie opisanych badań w literaturze naukowej. Przedmiotem dyskusji będzie automatyczne diagnozowanie chorób serca na podstawie analizy sygnału EKG, które zostało przedstawione w omawianej rozprawie. Zostaną przedstawione różne podejścia do poruszanego tematu. Omówione i porównane będą kolejne aspekty wchodzące w skład zaprojektowanych eksperymentów:

- metodologia prowadzonych badań,
- przetwarzanie wstępne sygnału,
- selekcja i ekstrakcja cech,
- stosowane metody analizy sygnału EKG (klasyfikatory),
- porównanie uzyskanych wyników.

W rozdziale pt. *Podsumowanie* (nr 7) wyszczególniono nowatorskie elementy pracy oraz w rozdziale pt. *Wnioski* (nr 6) przedstawiono porównanie uzyskanych wyników z innymi pracami.

2.2. Metodologia badań

W tej sekcji zostaną przedstawione różne podejścia do tematyki dotyczącej automatycznej analizy sygnału EKG. Na podstawie aktualnej literatury naukowej stworzono podstawowy schemat postępowania stosowany w automatycznym diagnozowaniu patologii serca przedstawiony na rysunku 2.1 [96]. W

kolejnych podsekcjach zostaną omówione kolejne etapy (zagadnienia) dotyczące klasyfikacji sygnałów EKG.

2.2.1. Eksperymenty

W ostatnich latach w literaturze dotyczącej automatycznego rozpoznawania zaburzeń serca na podstawie sygnału EKG możemy wyróżnić dwa główne podejścia [96]:

- klasyfikacji zespołów QRS [99, 221, 245, 361, 58, 345],
- analizy dłuższych fragmentów sygnału [237, 43, 250, 281, 329].

Przy czym należy zwrócić uwagę, że pierwsze podejście dotyczące klasyfikacji zespołów QRS jest zdecydowanie bardziej popularne. Kluczowym elementem takiego podejścia jest skuteczna detekcja zespołów QRS. Później na jej podstawie możliwa jest segmentacja całego sygnału na pojedyncze zespoły QRS, a następnie ich analiza za pomocą cech morfologicznych (determinujących kształt ewolucji serca) i dynamicznych (determinujących zależności pomiędzy kolejnymi ewolucjami serca).

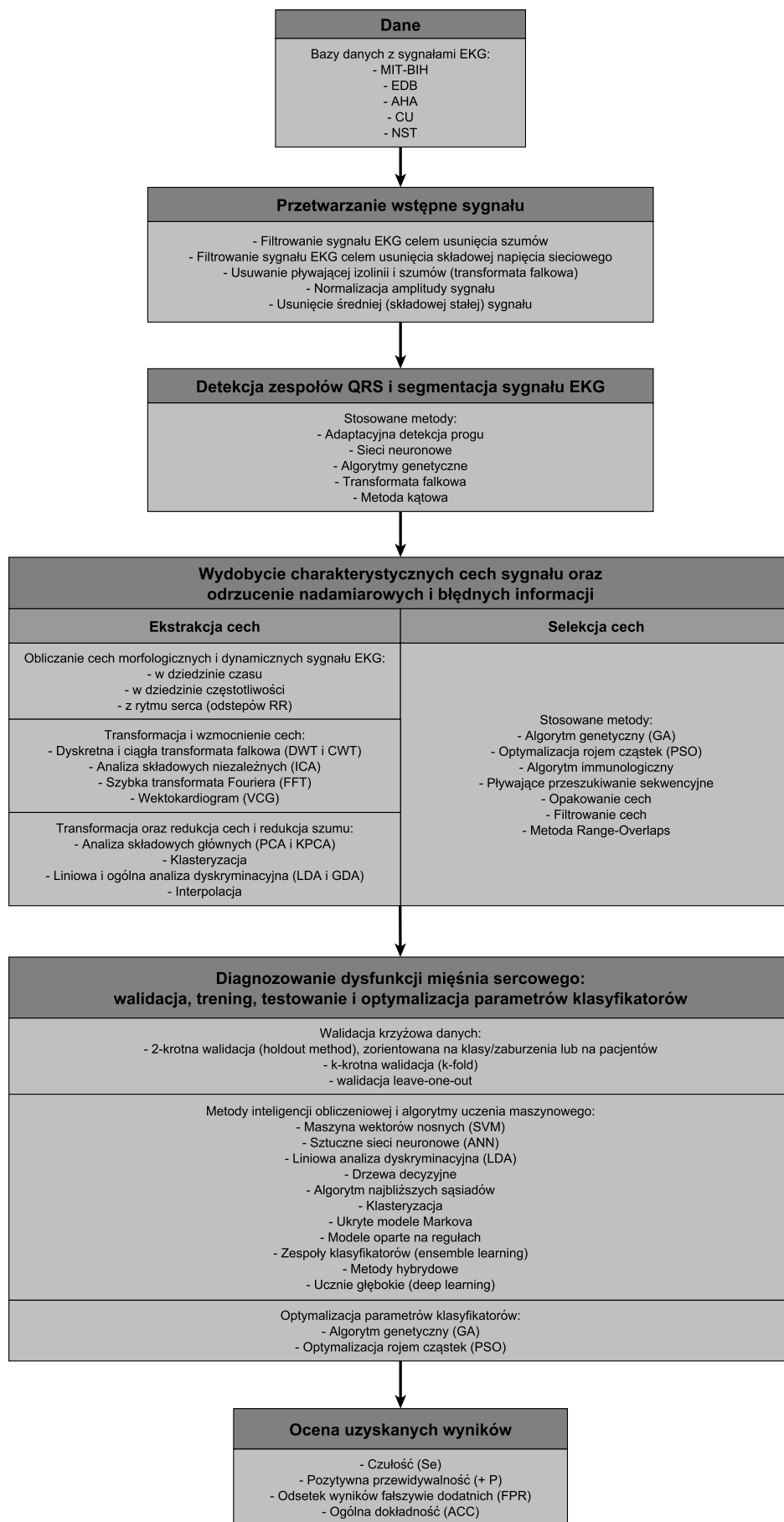
Alternatywnym podejściem jest analiza dłuższych, od pojedynczego zespołu QRS (trwającego około 1 sekundy), fragmentów sygnału (zwykle trwających około 10 sekund, jest to okres czasu odpowiadający standardowemu badaniu EKG u lekarza kardiologa). A następnie bazując na nich wydobywanie cech dystynktywnych danego zaburzenia na podstawie których następuje jego identyfikacja. Jednak należy podkreślić, że artykułów naukowych dotyczących tego podejścia jest bardzo mało i nie stoją one na wysokim poziomie, więc w tym wariacie metodologii badań jest jeszcze wiele do zrobienia.

2.2.2. Dane

Bardzo ważnym aspektem dotyczącym analizy sygnału EKG jest odpowiednia baza z sygnałami. Od ilości oraz jakości treningowych i testowych sygnałów zależy w bardzo dużym stopniu ostateczna skuteczność zaprojektowanej metody automatycznego diagnozowania chorób serca oraz miarodajność uzyskanych wyników. Ten niezwykle ważny aspekt był szeroko opisywany przez wielu badaczy. Do najczęściej używanych podczas badań sygnałów EKG wykorzystuje się następujące ogólnodostępne bazy danych [96]:

- MIT-BIH: The Massachusetts Institute of Technology – Beth Israel Hospital Arrhythmia Database (48 rekordów, każdy po 30 minut), dostępna w serwisie [PhysioNet](#),
- EDB: The European Society of Cardiology ST-T Database (90 rekordów, każdy po 2 godziny),
- AHA: The American Heart Association Database for Evaluation of Ventricular Arrhythmia Detectors (80 rekordów, każdy po 35 minut),
- CU: The Creighton University Sustained Ventricular Arrhythmia Database (35 rekordów, każdy po 8 minut);
- NST: The Noise Stress Test Database (12 rekordów, każdy po 30 minut, plus 3 rekordy z dodatkowym szumem).

Wszystkie wymienione bazy danych spełniają warunki standaryzacji opracowane przez AAMI i opisane w ANSI/AAMI EC57:1998/(R)2008 [41]. Dzięki takiemu podejściu możemy mieć pewność, że



Rysunek 2.1: Schemat metodologii badań w automatycznym diagnozowaniu dysfunkcji mięśnia sercowego [96].

eksperymenty prowadzone na sygnałach pochodzących z tych baz danych są powtarzalne i porównywalne.

2.2.3. Zaburzenia

Kolejnym zagadnieniem wartym rozważenia podczas analizy sygnałów EKG jest ilość oraz rodzaj rozpoznawanych zaburzeń serca. W literaturze można znaleźć dwa najczęściej spotykane podejścia bazujące na podziale zaburzeń na klasy według AAMI (5 klas) lub MIT-BIH (15 klas) [95]. W tabeli nr 2.1 przedstawiono podział zaburzeń na rozpoznawane klasy.

Tablica 2.1: Podział rozpoznawanych zaburzeń na klasy według AAMI i MIT-BIH [95].

Klasy pobudzeń serca według AAMI	N	SVEB	VEB	F	Q
Opis	Wszystkie ewolucje serca niebędące w pozostałych klasach	Dodatkowe (pozazatokowe) pobudzenia nadkomorowe	Dodatkowe (pozazatokowe) pobudzenia komorowe	Fuzje pobudzeń	Pobudzenia nieznanne
Typy pobudzeń serca według MIT-BIH (symbol)	Rytm zatokowy (N)	Przedwczesne pobudzenie przedsionkowe (A)	Przedwczesne pobudzenie komorowe (V)	Fuzja pobudzenia komorowego i zatokowego (F)	Pobudzenie ze stymulatora (P)
	Blok I stopnia lewej odnogi (L)	Przedwczesne pobudzenie przedsionkowe z aberracją (a)	Pobudzenie zastępcze komorowe (E)		Fuzja pobudzenia zatokowego i ze stymulatora (P)
	Blok I stopnia prawej odnogi (R)	Przedwczesne pobudzenie węzłowe (J)			Pobudzenia niesklasyfikowane (U)
	Przedwczesne pobudzenie zastępcze (e)	Przedwczesne pobudzenie nadkomorowe (S)			
	Węzłowe pobudzenie zastępcze (j)				

2.2.4. Odprowadzenia

Naukowcy prowadząc badania dotyczące analizy sygnałów EKG wykorzystują różną ilość odprowadzeń. Standardowe stacjonarne EKG wykonuje się za pomocą 12 odprowadzeń, natomiast badanie EKG metodą Holtera wykonuje się zwykle za pomocą 3 odprowadzeń. Bez wątpienia większa liczba odprowadzeń dostarcza większą liczbę informacji na temat analizowanego sygnału, a co za tym idzie zwiększa liczbę oraz skuteczność rozpoznawanych chorób serca. Należy jednak nadmienić, że w najpopularniejszych ogólnodostępnych serwisach z sygnałami EKG trudno znaleźć odpowiednie do analizy dane (posiadające dużą liczbę patologii od wielu pacjentów) zawierające sygnał z 12 odprowadzeń. Kolejnym aspektem przemawiającym za mniejszą liczbą odprowadzeń są coraz bardziej popularne badania dotyczące mobilnych urządzeń EKG (typu Holtera), analizujących stan serca użytkownika w czasie rzeczywistym. W takich urządzeniach kładzie się nacisk na ich prostotę, a co za tym idzie maksymalnie minimalizuje się liczbę odprowadzeń. W literaturze naukowej najczęściej możemy spotkać prace dotyczące następującej liczby odprowadzeń:

- 1 odprowadzenie [195, 273],
- 2 odprowadzenia [230, 345],
- 3 odprowadzenia [123],
- 4 odprowadzenia [83].
- 12 odprowadzeń [275, 292, 327, 327].

W literaturze możemy spotkać opinię, że do prawidłowego klasyfikowania zaburzeń serca (przy nie-wielkiej stracie skuteczności) wystarczy sygnał z mniejszej liczby odprowadzeń niż 12. Według [212] wystarczy dwa odprowadzenia: II i V, natomiast według [98] nawet jedno odprowadzenie. Przy większej liczbie odprowadzeń najczęściej stosuje się fuzję sygnałów ze wszystkich analizowanych odprowadzeń.

2.3. Przetwarzanie wstępne sygnału

Pierwszy etap przetwarzania sygnału EKG polega na jego odpowiednim przygotowaniu do dalszej analizy. Najczęściej spotykane w literaturze operacje polegają na:

- filtrowaniu sygnału EKG celem usunięcia szumów (filtry adaptacyjne [125, 349], filtry adaptacyjne bazujące na sieciach neuronowych [339], filtry górno [69] i dolno [205] przepustowe, transformata falkowa [289, 356], filtry Bayesa i Kalmana [290]),
- filtrowaniu sygnału EKG celem usunięcia składowej napięcia sieciowego: 50 [Hz] (Europa) lub 60 [Hz] (Ameryka) [302] (rekurencyjne filtry cyfrowe FIR [213, 211], filtry pasmowo przepustowe),
- usunięciu pływającej izolinii i szumów [302] (transformata falkowa [289, 356, 344, 359]),
- normalizacji amplitudy sygnału EKG [154, 319],
- usunięciu (odejmowaniu) średniej (składowej stałej) sygnału [154, 55],
- brak przetwarzania wstępnego sygnału (ang. *preprocessing*) [118].

Problem z usuwaniem szumów polega na tym, że nie znamy dokładnej częstotliwości szumu, dlatego najprostsze rozwiązania bazujące na filtrach górno lub dolnoprzepustowych nie zdają do końca egzaminu. A ich nadużywanie może doprowadzić do utraty cennych informacji poprzez zniekształcenie morfologii sygnału EKG, a co za tym idzie znacznie obniżyć skuteczność diagnozowania chorób serca. Metodą która nie posiada tej wady to transformata falkowa która jest najczęściej stosowaną metodą do redukcji szumu [96].

Techniki wstępnego przetwarzania sygnału EKG zostały dokładnie omówione w literaturze, jednak wybór odpowiedniej metody jest nierozdzielnie związany z ostatecznym celem badań. Metody ukierunkowane na detekcję zespołów QRS (segmentację) wymagają innego przetwarzania wstępnego niż metody skupiające się na automatycznej klasyfikacji arytmii [96]. Jednak pomimo szerokiego przedstawienia metod wstępnego przetwarzania sygnału w literaturze nie można jednoznacznie stwierdzić ich wpływu na ostateczną skuteczność rozpoznawania zaburzeń serca. Warto również zwrócić uwagę na fakt, że w większości prac dotyczących automatycznego klasyfikowania arytmii nie są wykorzystywane metody przetwarzania sygnału mające na celu zredukowanie szumów [96].

2.4. Detekcja zespołów QRS i segmentacja sygnału EKG

Kolejnym etapem przetwarzania sygnału EKG, szeroko omawianym w literaturze, jest detekcja zespołów QRS i segmentacja sygnału EKG. Jest to etap niezwykle istotny w pracach bazujących na rozpoznawaniu zaburzeń serca na podstawie zespołów QRS, natomiast mniej ważny lub pomijany w pracach dotyczących automatycznej klasyfikacji patologii serca na podstawie dłuższych fragmentów sygnału EKG.

Badania w dziedzinie detekcji zespołów QRS są prowadzone od ponad 30 lat. Na początku były ograniczone mocą komputerów, jednak z biegiem lat autorzy mogli przestać się martwić o koszty obliczeniowe i skupić się na dokładności metod segmentacji.

Warto zwrócić uwagę na fakt, że do miarodajnej oceny algorytmów służących do detekcji zespołów QRS niezbędne jest korzystanie z odpowiedniej i najlepiej tej samej bazy danych. Najbardziej popularna i polecana przez ANSI/AAMI jest baza MIT-BIH [42].

Do najpopularniejszych i najskuteczniejszych metod detekcji zespołów QRS zaliczają się:

- Adaptacyjna detekcja progu [251, 317, 214],
- Sieci neuronowe [153, 243],
- Algorytmy genetyczne [266, 130],
- Transformacja falkowa [219, 164, 162, 350, 362, 214, 131, 121],
- Metoda kątowna [300, 280, 90].

Detekcję zespołów QRS przeprowadza się także za pomocą następujących metod:

- Banki filtrów [49],
- *Quad Level Vector* [177],
- Difference Operation Method [347],
- Algorytm k-najbliższych sąsiadów (kNN) [286],
- Transformacja fazorów (ang. phasor transform) [218],
- Algorytm oparty na regresji [64].

W tabeli 2.2 przedstawiono efektywność wybranych metod detekcji zespołów QRS. Wszystkie przedstawione metody bazowały na bazie danych MIT-BIH.

Tablica 2.2: Efektywność wybranych metod detekcji zespołów QRS (na podstawie MIT-BIH) [96].

Metoda	Ewolucje (#)	TP (#)	FP (#)	FN (#)	Błąd (%)	SE (%)	+P (%)
Martinez et al. [219]	109428	109208	153	220	0.34	99.80	99.86
Moody and Mark [231]	109428	107567	94	1861	1.79	98.30	99.91
Li et al. [203]	104182	104070	65	112	0.17	99.89	99.94
Afonso et al. [49]	90909	90535	406	374	0.86	99.59	99.56
Bahoura et al. [65]	109809	109635	135	184	0.29	99.83	99.88
Lee et al. [201]	109481	109146	137	335	0.43	99.69	99.88
Hamilton and Tompkins [142]	109267	108927	248	340	0.54	99.69	99.77
Pan and Tompkins [251]	109809	109532	507	227	0.71	99.75	99.54
Poli et al. [266]	109963	109522	545	441	0.90	99.60	99.50
Moraes et al. [232]	bd.	bd.	bd.	bd.	bd.	99.22	99.73
Hamilton [141]	bd.	bd.	bd.	bd.	bd.	99.80	99.80

Należy pamiętać, że ten etap przetwarzania sygnału EKG, dla metod bazujących na detekcji i segmentacji zespołów QRS może mieć kluczowe znaczenie. Dzieje się tak ponieważ błędy popełnione w tej fazie będą propagowane do następnych etapów analizy i tym samym zaczną się nawarstwiać obniżając ostateczną skuteczność diagnozowania chorób serca.

2.5. Ekstrakcja i selekcja cech

Etap ekstrakcji/selekcji cech jest jednym z kluczowych w automatycznym diagnozowaniu dysfunkcji mięśnia sercowego. Wszystkie informacje wydobyte z sygnału EKG i wykorzystane do dyskryminacji zaburzeń serca możemy zdefiniować jako cechy. Cechy możemy wydobywać w różny sposób [96]:

- bezpośrednio z morfologii sygnału EKG w dziedzinie czasu,
- z sygnału EKG przekształconego do dziedziny częstotliwości,
- z rytmu serca (odstępów RR)

Na początku zdefiniujemy różnicę pomiędzy ekstrakcją, a selekcją cech. Pomimo, że te terminy w niektórych pracach występują wymiennie, w rzeczywistości ich znaczenie jest inne:

- ekstrakcja cech transformuje cechy, najczęściej, z surowego sygnału do innej mniej wymiarowej przestrzeni, jej celem jest wydobycie i wzmocnienie cech charakterystycznych analizowanego sygnału oraz redukcja danych (odrzućenie nadmiarowej lub błędnej informacji)
- selekcja cech wybiera podzbiór najbardziej reprezentatywnych cech bez ich transformacji, jej celem jest wydobycie charakterystycznych cech analizowanego sygnału poprzez odrzućenie nadmiarowej lub błędnej informacji

Celem obydwu przekształceń jest zwiększenie skuteczności etapu klasyfikacji oraz zmniejszenie liczby danych, a co za tym idzie zmniejszenie złożoności i czasu obliczeń.

2.5.1. Ekstrakcja cech

W literaturze możemy znaleźć wiele metod wydobywania cech z sygnału EKG, które możemy podzielić na 3 grupy:

- obliczanie cech morfologicznych i dynamicznych EKG
 - w dziedzinie czasu [99, 185, 196, 335, 248, 48, 90, 140, 345]
 - w dziedzinie częstotliwości [327, 281, 111, 206, 295, 340]
 - z rytmu serca (odstępów RR) [120, 119, 189, 343, 345]
- transformacja i wzmocnienie cech
 - Normalizacja odstępów RR [205, 109]
 - Dyskretna transformacja falkowa (DWT) [136, 207, 194, 341, 62, 227, 115, 157, 319, 220, 97]
 - Ciągła transformacja falkowa (CWT) [46, 66]
 - Analiza składowych niezależnych (ICA) [288, 352, 353, 84, 115, 220]
 - Szybka transformata Fouriera (FFT) [355, 175]
 - Liniowe kodowanie predycyjne [139]
 - Wymiar korelacji i największy wykładnik Lapunowa [246, 324]
 - Transformata Hermite’a [160]
 - Miejskowy wymiar fraktalny [228]
 - Wariancja funkcji autokorelacji [351]
 - *High order accumulates* [243, 242]

- Kwantyzacja wektorowa [209]
- Wektokardiogram (VCG) [301, 211, 75, 89]
- transformacja oraz redukcja cech i redukcja szumu
 - Analiza składowych głównych (PCA i KPCA) [79, 80, 178, 84, 167, 165, 333, 265, 115, 278, 220]
 - Klasteryzacja [247, 81, 244, 186]
 - Ogólna analiza dyskryminacyjna (GDA) [61]
 - Liniowa analiza dyskryminacyjna (LDA) [299, 333, 220]
 - Interpolacja [99]
 - Losowe prognozy (ang. *random projections*) [154, 74]
 - Dekompozycja sygnału w oparciu o model Bayesa [282]

W tabeli 2.3 przedstawiono typowe wartości cech sygnału EKG dla zatokowego rytmu serca [91].

Jak możemy zauważyć, zostało przebadanych wiele metod ekstrakcji cech sygnału EKG, jednak większość naukowców uważa, że najlepiej w tej dziedzinie sprawdza się transformata falkowa która również jest najczęściej stosowana do wydobywania 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 [136]. W literaturze różne funkcje statystyczne są obliczane na podstawie współczynników z transformaty falkowej, należą do nich: średnia, odchylenie standardowe, energia i współczynnik zmienności [136]. Tak wyliczone cechy mają wielką zaletę, ponieważ są odporne na zmiany oznaczeń punktów odniesienia.

W wielu pracach w literaturze naukowej można spotkać podejście w którym sygnał wejściowy EKG nie jest w żaden sposób przetwarzany (nie jest wykonana klasyczna ekstrakcja cech). Jest to podejście w którym na wejście klasyfikatora wchodzi surowe dane (surowa fala) i w takim przypadku to klasyfikator ma za zadanie wydobyć i wzmocnić cech charakterystyczne sygnału EKG [118, 247].

Tablica 2.3: Typowe wartości cech sygnału EKG, dla zdrowej osoby dorosłej z rytmem zatokowym o częstości akcji serca wynoszącej 60 uderzeń na minutę [91].

Cecha	Typowa wartość	Typowe odchylenie
Szerokość załamka P	110 [ms]	± 20 [ms]
Odstęp PQ/PR	160 [ms]	± 40 [ms]
Szerokość zespołu QRS	100 [ms]	± 20 [ms]
Odstęp QT	400 [ms]	± 40 [ms]
Amplituda załamka P	0.115 [mV]	± 0.05 [mV]
Amplituda zespołu QRS	1.5 [mV]	± 0.5 [mV]
Poziom odcinka ST	0 [mV]	± 0.1 [mV]
Poziom odcinka ST	0 [mV]	± 0.1 [mV]
Amplituda załamka T	0.3 [mV]	± 0.2 [mV]

2.5.2. Selekcja cech

Stosowanie selekcji cech może przynieść pozytywne efekty wpływając na ostateczny wynik analizy sygnału EKG. Dzięki wykorzystaniu tej techniki wpływamy na zwiększenie efektu uogólniania (generalizowania) wiedzy przez algorytm klasyfikujący oraz redukujemy koszty obliczeniowe. Dzieje się tak ponieważ klasyfikatory używają mniejszej liczby cech do stworzenia końcowego modelu.

Należy zaznaczyć, że w dziedzinie analizy sygnałów EKG, selekcja cech jest zagadnieniem dużo słabiej przebadanym niż ekstrakcja cech i z tego względu w literaturze występuje mniej rodzajów metod służących do selekcji cech. Poniżej przedstawiono stosowane techniki selekcji cech:

- Algorytm genetyczny (GA) [238, 342, 354, 181, 234],
- Optymalizacja rojem cząstek (PSO) [334, 208],
- Algorytm immunologiczny [72],
- Pływające przeszukiwanie sekwencyjne [211, 217, 271],
- Opakowanie cech [109, 360],
- Filtrowanie cech [109],
- Metoda *Range-Overlaps* [348].

2.6. Stosowane metody klasyfikowania sygnału EKG

2.6.1. Walidacja krzyżowa

Niezwykle istotnym i trudnym do przecenienia aspektem analizy sygnału EKG jest walidacja danych [276]. To dzięki odpowiedniemu doborowi elementów (sygnałów) do zbiorów uczących i testowych możemy w odpowiedni sposób nauczyć klasyfikatory generalizować wiedzę oraz uzyskać miarodajne wyniki. W ten sposób zaprojektowane modele uzyskują maksymalną efektywność dla danych testowych.

W aktualnej literaturze, zdecydowanie najbardziej popularną metodą tworzenia zbiorów uczących i testowych jest metoda sprawdzianu krzyżowego, a wśród niej dwa najbardziej popularne schematy walidacji [48]: walidacja zorientowana na klasy/zaburzenia oraz walidacja zorientowana na pacjentów. Wspomniane schematy różnią się sposobem doboru elementów do zbioru uczącego i testowego.

- Schemat walidacji zorientowanej na klasy/zaburzenia (ang. *class-oriented*) - polega na doborze elementów do zbioru uczącego i testowego na podstawie sygnałów od tych samych pacjentów (tzn. że w zbiorze uczącym i testowym, dla każdego klasyfikowanego zaburzenia, znajdują się sygnały od tego samego pacjenta czyli system jest uczony i testowany sygnałami pochodzącymi od tych samych pacjentów)
- Schemat walidacji zorientowany na pacjentów (ang. *subject-oriented*) [99] - polega na doborze elementów do zbioru uczącego i testowego na podstawie sygnałów od innych pacjentów (tzn. że w zbiorze uczącym, dla każdego analizowanego zaburzenia, są sygnały od innego pacjenta niż w zbiorze testowym czyli system jest uczony i testowany na sygnałach pochodzących od innych pacjentów). Podział pacjentów na dwie grupy. Sygnały z pierwszej grupy są wykorzystane do stworzenia modelu klasyfikatora, a sygnały z drugiej grupy do przetestowania modelu.

Schemat walidacji zorientowanej na klasy/zaburzenia wykazuje bardzo wysoką skutecznością rozpoznawania dysfunkcji serca ale równocześnie wyniki w ten sposób uzyskane są mało miarodajne i nieosiągalne w praktyce. To podejście jest krytykowane za nadmierne dopasowanie modeli do zbioru uczącego oraz małe uogólnianie wiedzy, co skutkuje zdecydowanie słabszymi wynikami dla danych z innej bazy (innych pacjentów).

Z kolei walidacja zorientowana na pacjentów, jest podejściem nowszym, które wypiera stary schemat. Zastosowanie tego schematu, co oczywiste, skutkuje gorszą skutecznością uzyskanych wyników jest jednak dużo bardziej miarodajne i stabilne. Uzyskane w ten sposób modele są bardziej realistyczne, wykazują duże właściwości generalizacji wiedzy i uzyskują równie wysoką efektywność na danych z innych baz. Jedynym minusem takiego rozwiązania jest konieczność uzyskania odpowiednio dużej liczby sygnałów EKG dla każdego analizowanego zaburzenia od wielu pacjentów [48].

Do najbardziej popularnych typów walidacji danych w problematyce analizy sygnału EKG należą:

- 2-krotna walidacja krzyżowa (ang. *2-fold cross-validation*), zwana również metodą wydzielania (ang. *holdout method*), najprostszy wariant walidacji k-krotnej (ang. *k-fold*):
 - walidacja zorientowana na klasy/zaburzenia (ang. *class-oriented*) [104, 161, 195, 242, 270, 277],
 - walidacja zorientowana na pacjentów (ang. *subject-oriented*) [99, 103, 211, 345].
- 3-krotna walidacja krzyżowa (ang. *3-fold cross-validation*) [147],
- 4-krotna walidacja krzyżowa (ang. *4-fold cross-validation*) [223],
- 5-krotna walidacja krzyżowa (ang. *5-fold cross-validation*) [273],
- 10-krotna walidacja krzyżowa (ang. *10-fold cross-validation*) [101, 220],
- walidacja minus jednego elementu (ang. *leave-one-out*) - najdokładniejsza.

2.6.2. Metody inteligencji obliczeniowej i algorytmy uczenia maszynowego

Po przetworzeniu sygnałów na podstawie wyekstrahowanych i wyselekcjonowanych cech algorytmy uczenia maszynowego (metod inteligencji obliczeniowej) tworzą modele predykcyjne dzięki którym jest możliwe rozpoznawanie diagnozowanych chorób serca. W literaturze naukowej, w dziedzinie analizy sygnału EKG, zostało przebadanych bardzo dużo algorytmów klasyfikacji. Do najbardziej popularnych możemy zaliczyć: maszynę wektorów nośnych, sztuczne sieci neuronowe, liniową analizę dyskryminacyjną, drzewa decyzyjne, algorytm k-najbliższych sąsiadów, klasteryzację, ukryte modele Markova, zespoły klasyfikatorów oraz systemy hybrydowe.

W ostatnich latach możemy zauważyć tendencję do wzmożonych badań nad metodami bazującymi na: zespołach klasyfikatorów (ang. *ensemble learning*) oraz głębokim uczeniu (ang. *deep learning*). Obydwie wspomniane metody są bardziej zaawansowane od klasycznych algorytmów, ze względu na bardziej złożoną strukturę klasyfikatorów. W podejściu bazującym na zespole klasyfikatorów, w pierwszej warstwie modelu, tworzymy wiele klasyfikatorów z których każdy pełni rolę „eksperta” w danej dziedzinie (np. specjalizuje się w rozpoznawaniu danego zaburzenia serca lub danej cechy zespołu QRS), a następnie, w drugiej warstwie, na zasadzie głosowania zostaje podjęta decyzja na temat ostatecznie wskazanej klasy wyjściowej. Z kolei podejście bazujące na uczeniu głębokim jest jeszcze bardziej za-

awansowane, a inspiracją do jego stworzenia była kora nowa mózgu. Zaprojektowane klasyfikatory mają strukturę bardzo złożonych sieci neuronowych, posiadających wiele warstw oraz, podobnie jak w mózgu, połączenia zwrotne oraz połączenia omijające niektóre warstwy. Dzięki takiemu podejściu jest możliwe, w sieci neuronowej, realizowanie oprócz etapu klasyfikowania również wszystkich wcześniejszych etapów analizy sygnału EKG: przetwarzania wstępnego, detekcji zespołów QRS oraz ekstrakcji i selekcji cech. Jednym słowem dzięki głębokiemu uczeniu tak zaprojektowany klasyfikator będzie w stanie nauczyć się rozpoznawania dysfunkcji mięśnia sercowego z bardzo dużą skutecznością tylko na podstawie surowych danych. Idea takiego przetwarzania sygnałów jest znana już od wielu lat jednak dopiero teraz dzięki rozwojowi komputerów jest możliwe przeprowadzenie bardzo czasochłonnego uczenia w rozsądnym czasie.

Odpowiedni wybór oraz zaprojektowanie klasyfikatora jest niezwykle ważne ponieważ w bezpośredni sposób wpływa na końcową skuteczność klasyfikowania analizowanego sygnału.

Stosowane metody inteligencji obliczeniowej i uczenia maszynowego [73, 110, 318, 116, 158, 51, 188, 145, 56, 191]:

- Maszyna wektorów nośnych (SVM) [55, 223, 242, 363, 345, 254, 111, 287, 175, 224, 97, 69, 344, 199, 253, 154, 265, 249, 234, 230]
- Sztuczne sieci neuronowe (ANN)
 - Perceptron wielowarstwowy (MLP, *feed-forward network*) [68, 166, 270, 319, 156, 217, 189, 230, 136, 244, 247]
 - Sieć neuronowa z adaptacyjną funkcją aktywacji [248]
 - Sieć neuronowa z algorytmem eksploracji danych [137]
 - Sieć neuronowa rezonansowa (ART - adaptacyjna teoria rezonansu) [124, 336]
 - Sieci neuronowe block-based [160, 296]
 - Extreme learning machine [171, 178]
 - Probabilistyczna sieć neuronowa (PNN) [333, 220, 351]
 - Sieć neuronowa o radialnych funkcjach bazowych (RBFNN) [185]
 - Rekurencyjna sieć neuronowa (RNN) [326]
 - Mapa samoorganizująca się (SOM) - sieć neuronowa Kohonena [335, 195]
- Liniowa analiza dyskryminacyjna (LDA) [99, 212, 100, 211]
- Obliczenia zbiornikowe (RC) z regresją logistyczną (LR) [118]
- Drzewa decyzyjne [119, 277, 215, 225, 151]
- Algorytm najbliższych sąsiadów
 - Algorytm k-najbliższych sąsiadów (kNN) [186, 316, 198, 246, 228, 328]
 - Wymiar fraktalny oparty na algorytmie najbliższy sąsiadów [228]
- Klasteryzacja [335, 304, 346, 247, 195]
 - Mieszanina modeli rozkładów Gaussa (GMM, ang. *Gaussian mixture models*) [83]
- Ukryte modele Markova (HMM, sieci Bayesa) [83, 53, 92, 132, 59]
- Sekwencyjne metody Bayesa (sieci Bayesa) [113]
- Klasyfikatory *hyberbox* [75]
- *Optimum-path forest* [95]

- Warunkowe pola lasowe (CRF, ang. *Conditional random fields*) [103]
- Modele oparte na regułach (ang. *Rule based models*) [120, 322, 323]
- Zespoły klasyfikatorów (ang. *ensemble learning*) [287, 154, 136, 244, 242]
 - Mikstura ekspertów [159]
 - Ujemnie skorelowane uczenie (ang. *Negatively Correlated Learning*) [159]
 - *Bagging* [225]
- Metody hybrydowe
 - Systemy ewolucyjno-neuronowe [175, 202, 97, 156, 185, 224, 296, 108]
 - Systemy neuronowo-rozmyte [244, 247, 243, 222, 117]
- Uczenie głębokie (ang. *deep learning*)
 - Konwolucyjne (splotowe) sieci neuronowe [179]
 - Głębokie sieci neuronowe (ang. *Deep neural networks*) [273]
- Uczenie wielokrotnej instancji (ang. *Multiple-instance learning*) [306]
- Uczenie aktywne (ang. *Active learning*) [254]
- Klasyfikatory inspirowane naturą
 - Klasyfikator bazujący na algorytmie zmodyfikowanej optymalizacji kolonii sztucznych pszczół [108]
- Częstkowa predykcja liniowa (ang. *fractional linear prediction*) [314]
- Systemy rozmyte [193]

2.6.3. Optymalizacja parametrów

Wybór nawet najlepszego klasyfikatora nie gwarantuje ostatecznego sukcesu w postaci osiągnięcia odpowiednio wysokiej skuteczności. Każdy algorytm do prawidłowego działania potrzebuje odpowiedniego treningu oraz optymalizacji swoich parametrów. Należy pamiętać również, o fakcie, że czym bardziej zaawansowany klasyfikator (mający większe możliwości generalizacji wiedzy) tym trudniejszy jego trening i optymalizacja parametrów (większa ich liczba). W prawidłowym treningu niezwykle istotne jest zastosowanie odpowiedniej walidacji krzyżowej, zabezpieczającej przed przeuczeniem oraz poprawiającej właściwości do generalizowania wiedzy przez klasyfikator (3.2.4). Drugim ważnym zagadnieniem jest optymalizacja parametrów projektowanego systemu, w literaturze możemy znaleźć wiele rozwiązań tego problemu, ale do najbardziej popularnych i wykazujących największą skuteczność należą metody bazujące na organizmach żywych (inspirowane naturą). Odpowiednio zaprojektowana optymalizacja powinna być połączona ze sprawdzianem krzyżową celem walidacji uzyskiwanych wyników.

Stosowane metody optymalizacji parametrów:

- Algorytmy genetyczne (GA) [175, 202],
- Optymalizacja rojem cząstek (PSO), [97, 156, 185, 224, 296]
- Algorytm kolonii sztucznych pszczół (ABC) [108],
- Optymalizacja kolonią mrówek (ACO) [186].

2.7. Wyniki prowadzonych badań

W poprzedniej sekcji została poruszona tematyka dotycząca klasyfikatorów oraz ich treningu i optymalizacji parametrów. W tym miejscu należy rozwinąć pojęcie dotyczące miarodajności wyników, w którego skład wchodzi porównanie metodologii badań oraz kryteriów oceny wyników. Jest to problem trudny, często mamy do czynienia z innymi metodologiami badań w których autorzy uzyskują takie same wyniki jednak ich miarodajność może być zupełnie różna. Czasami nawet bardzo dobry wynik nie świadczy o tym, że dane rozwiązanie sprawdzi się w praktyce. Przykładem różnych metodologii w dziedzinie analizy sygnału EKG jest walidacja zorientowana na klasy/zaburzenia oraz walidacja zorientowana na pacjentów, szerzej omówione w sekcji 3.2.4. Podejście bazujące na walidacji zorientowanej na klasy/zaburzenia dostarcza zdecydowanie lepszych wyników jednak nie sprawdza się w praktyce ponieważ wyuczone na nim systemy doskonale rozpoznają zaburzenia ale tylko w grupie pacjentów na której się uczyli. Natomiast wyniki uzyskane przy podejściu bazującym na walidacji zorientowanej na pacjentów chociaż są zdecydowanie gorsze są bardziej miarodajne i w większym stopniu nadają się do zastosowań w praktyce. Potwierdzeniem tej tezy są wyniki zawarte w tabelach nr 2.4, 2.5, 2.6 przedstawiające porównanie tych samych algorytmów w obydwu przedstawionych podejściach.

W związku z tym faktem, w miarę możliwości, powinno się stosować jednolitą metodologię badań oraz jednolitą ocenę uzyskanych wyników.

2.7.1. Metody oceny uzyskanych wyników

Kolejnym po metodologii zagadnieniem wpływającym na miarodajność uzyskanych wyników są kryteria ich oceny. AAMI rekomenduje następujące współczynniki oceny [96, 99, 133, 226, 41]:

- Czułość (Se)
- Pozytywna przewidywalność (+P)
- Odsetek wyników fałszywie dodatnich (FPR)
- Ogólna dokładność (Acc)

Wartość ogólnej dokładności może być mocno zniekształcona przez wyniki klasy większościowej. Dlatego najbardziej istotne są trzy pierwsze współczynniki, ponieważ w ogólnodostępnych bazach danych klasy z zaburzeniami są niezbalansowane (mają różną ilość elementów/ewolucji serca). Sposób obliczania (wzory) przedstawionych współczynników został opisany w pracy [99]. Według standardów wyniki powinny być przedstawione w sposób globalny, biorąc pod uwagę, że każde uderzenie serca ma taką samą wagę (statystyki brutto) [96].

2.7.2. Zestawienie i porównanie aktualnych wyników

Po omówieniu wszystkich, stosowanych w literaturze, etapów analizy sygnału EKG, nadszedł czas na zestawienie i porównanie najistotniejszych rozwiązań zaproponowanych w literaturze. Zestawienie składa się z trzech tabel, w tabeli nr 2.4 przedstawiono metody których trening i testowanie bazowały na schemacie walidacji zorientowanym na klasy (3.2.4) z kolei w tabeli nr 2.5 przedstawiono metody bazujące na schemacie walidacji zorientowanym na pacjentów (3.2.4). Natomiast w tabeli nr 2.6 zaprezen-

towano porównanie skuteczności dokładnie tych samych metod w obydwu wspomnianych schematach walidacji.

Na podstawie danych przedstawionych w tabelach nr 2.4, 2.5, 2.6 możemy porównać efektywność poszczególnych metod w danym schemacie postępowania lub pomiędzy schematami. Wspomniane tabele zawierają nazwiska autorów przedstawianej metody, zastosowaną ekstrakcję/selekcję cech, zastosowany klasyfikator oraz uzyskaną skuteczność przytaczanej metody.

W celu łatwiejszego porównania efektywności poszczególnych metod w tabelach nr 2.4, 2.5, 2.6 przedstawiono jeden współczynnik, ogólną skuteczność: Acc (ang. *Overall Accuracy*) określający skuteczność przytoczonych metod, obliczany na podstawie wzoru:

$$Acc = \frac{\text{liczba prawidłowo sklasyfikowanych ewolucji serca}}{\text{liczba wszystkich ewolucji serca}} \quad (2.1)$$

W niniejszej rozprawie współczynnik Acc (ogólna skuteczność) jest równy współczynnikowi czułości (SEN - ang. *sensitivity*). Jest to spowodowane faktem, że w badaniach zastosowano dla klasyfikatorów metodę WTA (ang. *Winers Takes All*) co oznacza, że na wyjściu algorytm wskazuje tylko jedną zwycięską klasę [308].

Po przeanalizowaniu wyników przedstawionych w tablach nr 2.4, 2.5, 2.6 możemy zauważyć, że początkowo naukowcy prowadzili badania bazując na schemacie walidacji zorientowanym na klasy (3.2.4). Co wyjaśnia bardzo dużą liczbę eksperymentów prowadzonych według tej metodologii (2.4). Wyniki uzyskane w ten sposób są bardzo obiecujące - wiele prac ze skutecznością powyżej 98% . Niestety nie mają one przełożenia w praktyce i są mało miarodajne. Na potwierdzenie tej tezy zostały przedstawione wyniki w tabeli nr 2.6, która przedstawia porównanie tych samych algorytmów w obydwu podejściach: zorientowanym na klasy i zorientowanym na pacjentów (3.2.4) z których jasno wynika, że bardzo wysoka skuteczność uzyskana w schemacie walidacji zorientowanej na klasy nie ma przełożenia w praktyce (przy testowaniu tych samych algorytmów na innych pacjentach). Wyniki przedstawione w tabeli nr 2.5 bazujące na schemacie walidacji zorientowanym na pacjentów wykazują dużo niższą skuteczność jednak są to wyniki bardziej miarodajne i bardziej zgodne z rzeczywistym podejściem.

Według de Chazal [99], pomysłodawcy schematu walidacji zorientowanej na pacjenta, wszystkie sygnały EKG z bazy MIT-BIH Arrhythmia powinny zostać podzielone na dwa zbiory $DS1$ i $DS2$, przedstawione w tabeli nr 2.7. Przy założeniu że zbiór $DS1$ - służy do stworzenia modeli klasyfikatorów, natomiast $DS2$ - służy do oceny stworzonych modeli.

Na podstawie tabeli nr 2.7 możemy zauważyć, że schemat walidacji zorientowany na pacjenta, chociaż bardziej miarodajny od schematu zorientowanego na klasy, posiada słaby punkt w postaci niezbalansowania danych. Liczba ewolucji serca, w tym schemacie, odpowiadająca fizjologicznym pobudzeniom (N) jest zdecydowanie większa od pozostałych klas (dodatkowe pobudzenia nadkomorowe - $SVEB$, dodatkowe pobudzenia komorowe - VEB , fuzje pobudzeń - F , pobudzenia nieznane - Q) co może powodować sztuczne zawyżanie skuteczności rozpoznawania patologii serca ponieważ akurat dysfunkcje z grupy N są łatwiejsze do zdiagnozowania od dysfunkcji z pozostałych klas.

Tablica 2.4: Porównanie wyników metod bazujących na schemacie zorientowanym na klasy [96].

Praca	Rok	# klas	Zbiór cech	Klasyfikator	Skuteczność
Chen et al. [86]	1996	2	RR-interval	Set of rules	Acc = 95%
Lagerholm et al. [195]	2000	16	HBF, SOM	clustering	Acc = 98%
Dokur and Olmez [355]	2001	10	Fourier, Wavelet + FSDP	MLP, RCE, Novel hybrid NN	Acc = 96%
Osowski and Linh [243]	2001	6	HOSC	fuzzy NN	Acc = 96%
Tsipouras et al. [322]	2002	9	RR-interval	Deterministic automata	Acc = 96%
Engin [117]	2004	4	HOSC, Wavelet	Min. Dist, kNN, Bayes	Acc = 98%
Cristov and Bortonal [89]	2004	2	Heartbeat-Intervals, VCG	NN	Acc = 99%
Guler and Ubeyli [136]	2005	4	Wavelets (statistics)	Combined NN	Acc = 96%
Song et al. [299]	2005	6	Wavelet coef., LDA, RR-Intervals	Kombinacja SVM	Acc = 99%
Karimifard et al. [169]	2006	7	HBF	kNN	Acc = 99%
Ozbay et al. [247]	2006	10	Raw-wave	MLP, Fuzzy Cluster, FCNN	Acc = 99%
Tsipouras et al. [323]	2007	4	RR-interval	Fuzzy Expert System	Acc = 96%
Bortolan et al. [75]	2007	2	VCG and Morphological hyperbox+GA	Fuzzy Clustering	Acc = 99%
Ubeyli [325]	2007	4	DWT	SVM, ECOC	Acc = 99%
Yu and Chen [351]	2007	5	ICA, RR-interval	PNN	Acc = 99%
Ceylan and Osbay [80]	2007	10	DWT	FCM, NN	Acc = 99%
Yu and Chen [351]	2007	6	Wavelet (statistics), RR-interval	PNN	Acc = 99%
Minhas and Arif [328]	2008	6	Wavelet, RR-interval, PCA	kNN	Acc = 99%
Lin et al. [207]	2008	7	Morlet Wavelet	AWN	Acc = 90%
Korurek and Nizam [186]	2008	6	RR-interval, ECG-segments	ACO-based Cluster, kNN	Acc = 94%
Yu and Chou [352]	2008	8	RR-interval, ICA	PNN, BPNN	Acc = 98%
Asl et al. [61]	2008	6	HVR, GDA	SVM	Acc = 100%
Korurek and Nizan [186]	2008	6	RR-interval, QRS-width, Wavelet, PCA	ACO, kNN	Acc = 90%
Ceylan et al. [81]	2009	10	PCA, DWT	FCMT2, ANN	Acc = 99%
Wen et al. [335]	2009	16	RR-interval, raw-wave	SOCMAC-based Cluster	Acc = 98%
Yu and Chou [353]	2009	8	ICA	SVM	Acc = 98%
Kim et al. [178]	2009	6	RR-interval, PCA	ELM	Acc = 98%
Ye et al. [343]	2010	15	Wavelet, ICA, PCA, RR-interval	SVM	Acc = 99%
Ozbay and Tezel [248]	2010	10	ECG-wave	NNAAF	Acc = 98%
Mishra and Raghav [228]	2010	6	LFD	Nearest Neighbor	Acc = 89%
Lanata et al. [198]	2011	6	HOS	MOG, kNN	Acc = 85%
Yeh et al. [346]	2012	5	Morphological, RR-interval, QFS	clustering	Acc = 94%
Kallas et al. [165]	2012	3	KPCA	SVM	Acc = 97%
Khazaee [174]	2013	3	Heartbeat intervals morphology amplitudes	PSO + SVM	Acc = 97%
Wang et al. [333]	2013	8	PCA, LDA	PNN	Acc = 99%
Kumar and Kumaraswamy [189]	2013	3	RR-intervals	CART, RBF, MLP, IOAW-FFNN	Acc = 92%
Chen et al. [85]	2014	6	RR-intervals	SVN, NN	Acc = 100%
Mert et al. [225]	2014	6	RR-intervals, HOS	Bagged Decision Tree 2nd order LPC coeff.	Acc = 99%
Ahmed and Arafat [50]	2014	11	Heartbeat intervals morphology amplitude, HOS	MLP, SVM, TreeBoost	Acc = 98%
Sarfraz et al. [288]	2014	11	RR-intervals, QRS power	BPNN, ICA coeff.	Acc = 99%
Tran et al. [320]	2014	7	RR-intervals, HBF	Ensemble of classifiers	Acc = 98%
Alickovic and Subasi [54]	2015	5	autoregressive (AR) modeling	SVM, MLP, RBF, kNN	Acc = 99%

Tablica 2.5: Porównanie wyników metod bazujących na schemacie zorientowanym na pacjentów [96].

Praca	Rok	# klas	Zbiór cech	Klasyfikator	Skuteczność
de Chazal et al. [99]	2004	5	ECG-Intervals, Morphological	Weighted LD	Acc = 83%
Park et al. [253]	2008	5	HOS, HBF	Hierarchical SVM	Acc = 85%
Zhang et al. [360]	2008	5	RR-intervals, morphological features, ECG-intervals and segments	Combined SVM	Acc = 86%
Escalona-Moran et al. [118]	2008	5	Raw wave	RC	Acc = 98%
Soria and Martinez [301]	2009	5	RR-Intervals, VCG, morphological + FFS	Weighted LD	Acc = 90%
de Lannoy et al. [102]	2010	5	ECG-Intervals, morphological, HOS, HBF coefficients	weighted SVM	Acc = 83%
Llamado and Martinez [211]	2011	5	Wavelet, VCG + SFFS	Weighted LD	Acc = 93%
Mar et al. [217]	2011	5	Temporal Features, Morphological, statistical features + SFFS	Weighted LD, MLP	Acc = 89%
Ye et al. [344]	2012	5	Morphological, Wavelet, RR interval, ICA, PCA	SVM	Acc = 86%
de Lannoy et al. [103]	2012	5	RR-intervals, ECG-segments, morphological, HBF, HOS	weighted CRF	Acc = 85%
Bazi et al. [69]	2013	5	Morphological, Wavelet	SVM, IWKLR, DTSVM	Acc = 92%
Huang et al. [154]	2014	5	Random projection, RR-intervals	Ensemble of SVM	Acc = 94%
Lin and Yang [205]	2014	5	normalized RR-interval	weighted LD	Acc = 93%
Zhang and Luo [360]	2014	5	RR-intervals, morph. features, ECG-inter. and segments, wavelets coeff.	wavelets coeff.	Acc = 87%

Tablica 2.6: Porównanie wyników dla tych samych metod uzyskanych dla schematów zorientowanych na klasy i na pacjentów [96].

Schemat	Metody: Acc (%)				
	Ye et al. [343] 2010	Yu and Chou [352] 2008	Yu and Chou [351] 2007	Guler and Ubeyli [136] 2005	Song et al. [299] 2005
Zorientowany na klasy	96.5%	95.4%	81.1%	89.1%	98.7%
Zorientowany na pacjentów	75.2%	75.2%	73.9%	66.7%	76.3%

Tablica 2.7: Konstrukcja zbiorów *DS1* i *DS2* wykorzystywanych w schemacie walidacji zorientowanym na pacjenta zaproponowanym przez de Chazal [99]. Tabela przedstawia liczbę ewolucji serca (wraz z procentowym udziałem w całym zbiorze) w zbiorach *DS1* i *DS2* z poszczególnych klas.

Zbiór	N	SVEB	VEB	F	Q	Suma
DS1	45866 (89.90%)	944 (1.85%)	3788 (7.42%)	415 (0.81%)	8 (0.02%)	51021 (100%)
DS2	44259 (89.03%)	1837 (3.70%)	3221 (6.48%)	388 (0.78%)	7 (0.02%)	49712 (100%)
DS1 + DS2	90125 (89.47%)	2781 (2.76%)	7009 (6.96%)	803 (0.80%)	15 (0.02%)	100733 (100%)

Podsumowując informacje zawarte w tabelach nr 2.4, 2.5, 2.6, 2.7 możemy wnioskować, że aktualnie proponowane metody automatycznego diagnozowania zaburzeń serca nie gwarantują pożądanej skuteczności. Godny odnotowania jest również fakt, że w bardziej realistycznym schemacie walidacji zorientowanej na pacjentów rozpoznawanych jest jedynie 5 klas zaburzeń. Te argumenty jednoznacznie przemawiają za tym, że badania w dziedzinie analizy sygnału EKG powinny być dalej prowadzone i rozwijane celem zwiększenia efektywności rozpoznawania dysfunkcji serca.

3. Materiały i metody

Niniejszy rozdział dotyczy części teoretycznej pracy. Zostanie w nim omówiona metodologia badań wraz z wprowadzeniem w podstawy elektrokardiografii oraz zaprezentowane zostaną ogólne podstawy teoretyczne stosowanych w badaniach metod. Szczegółowe informacje na temat wykonanych eksperymentów zostały przedstawione w rozdziale nr 4.

3.1. Materiały

W podsekcji materiały zostanie szczegółowo omówiona metodologia badań oraz podstawy elektrokardiografii. W dalszej części podrozdziału zostanie zaprezentowana baza danych z wykorzystanymi sygnałami EKG oraz zostaną przedstawione rozpoznawane rodzaje patologii serca.

3.1.1. Metodologia badań

Głównym założeniem autora było stworzenie inteligentnego systemu automatycznie analizującego sygnał EKG w celu wspomagania lekarzy w diagnozowaniu dysfunkcji mięśnia sercowego (prawidłowego rytmu zatokowego, rytmu z rozrusznika oraz 15 zaburzeń pracy serca). Zaprojektowany system był wzorowany na pracy lekarza kardiologa polegającej na analizie kolejnych fragmentów sygnału EKG, najczęściej trwających około 10 sekund, z jednego lub większej liczby odprowadzeń (ze standardowego 12 odprowadzeniowego EKG, Holtera czy ekranu aparatury medycznej).

Algorytmy były projektowane z myślą o ich zastosowaniu w telemedycynie i urządzeniach mobilnych, wspomagających profilaktykę leczenia chorób układu krążenia. Główny nacisk został położony na skuteczność projektowanego rozwiązania, jednak ze względu na zamiar wykorzystania zaprojektowanych algorytmów w urządzeniach mobilnych dodatkowym kryterium oceny był czas trwania analizy która powinna odbywać się w czasie rzeczywistym. Należy nadmienić, że obecnie opisane, w literaturze naukowej, rozwiązanie nie wykazują zadowalającej skuteczności.

W badaniach zastosowano nowatorską metodologię badań polegającą na analizie dłuższych (10 sekundowych) fragmentów sygnału EKG. W celu wzmocnienia charakterystycznych cech sygnału EKG estymowano widmową gęstość mocy za pomocą metody Welch'a i dyskretnej transformacji Fouriera. Więcej informacji na temat uzasadnienia zaproponowanej metodologii oraz założeń prowadzonych badań przedstawiono we *Wstępie* rozprawy - rozdział nr 1.

W ramach badań przeprowadzono wiele eksperymentów, jednak w rozprawie szerzej przedstawiono tylko te eksperymenty, które zakończyły się sukcesem oraz wnoszą cenne informacje i wnioski. W dy-



Rysunek 3.1: Przeprowadzone w ramach badań eksperymenty.

sertacji szczegółowo opisano 6 eksperymentów obejmujących podstawową analizę sygnałów EKG, genetyczną optymalizację parametrów i genetyczną selekcję cech oraz różne typy nowatorskich zespołów klasyfikatorów.

Szczegółowy opis wykonanych eksperymentów znajduje się w rozdziale nr 4. Schematy blokowe wykonanych eksperymentów zostały przedstawione na rysunku nr 3.1, nawiązują one do schematu metodologii badań zaczerpniętego z literatury i przedstawionego na rysunku nr 2.1.

3.1.2. Elektrokardiografia

„Elektrokardiografia (EKG) jest zabiegiem diagnostycznym wykorzystywanym w medycynie przede wszystkim w celu rozpoznawania chorób serca.

Pomijając EKG wykonywane w czasie operacji na sercu, jest to metoda pośrednia polegająca na rejestracji elektrycznej czynności mięśnia sercowego z powierzchni klatki piersiowej w postaci różnicy potencjałów (napięcie) pomiędzy dwoma elektrodami, co graficznie odczytujemy w formie krzywej elektrokardiograficznej, na specjalnym papierze milimetrowym bądź na ekranie monitora.

EKG nie jest niezawodnym kryterium rozpoznania choroby: istnieje możliwość prawidłowego elektrokardiogramu przy istniejących schorzeniach kardiologicznych oraz możliwy jest nieprawidłowy zapis czynności elektrycznej przy prawidłowym stanie klinicznym” [14].

W dalszej części podrozdziału zostanie przedstawiona budowa oraz zasada działania serca, a następnie omówione badanie EKG.

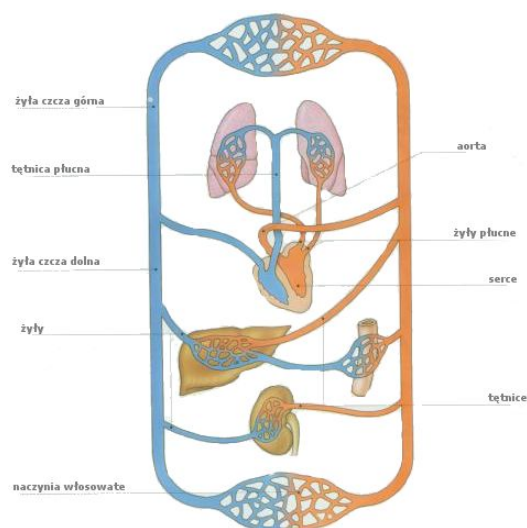
ANATOMIA I FIZJOLOGIA SERCA

„Serce ludzkie położone jest w środkowej części klatki piersiowej, tzw. śródpiersiu. Swoją długą oś skierowane jest od prawego ramienia do okolicy podżebrowej po stronie lewej. Około 2/3 serca leży po lewej stronie od linii środkowej ciała, a pozostała część po stronie prawej” [12].

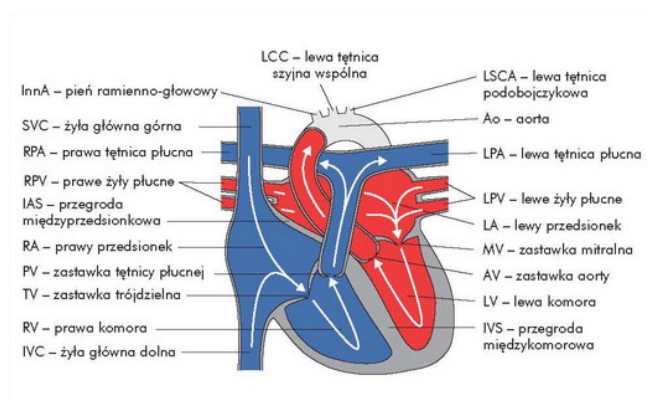
„Serce składa się z czterech jam – dwóch przedsionków (prawego i lewego) i dwóch komór (prawej i lewej). Przedsionki są od siebie oddzielone przegrodą międzyprzedsionkową, natomiast komory – przegrodą międzykomorową (3.3)” [12].

„Prawy przedsionek jest częścią serca wysuniętą najbardziej w prawo; leży bezpośrednio za mostkiem. Do prawego przedsionka spływa z całego organizmu krew żylna (odtlenowana, pozbawiona tlenu) dwiema dużymi żyłami głównymi – żyłą główną górną z górnej części ciała (głowy, kończyn górnych i górnej części klatki piersiowej) oraz żyłą główną dolną z dolnej części ciała (jamy brzusznej, dolnej części klatki piersiowej i kończyn dolnych). Do prawego przedsionka spływa również krew żylna z krążenia wieńcowego (naczynia zaopatrujące serce) przez zatokę wieńcową, położoną na tylnej powierzchni serca w rowku pomiędzy przedsionkami, a komorami, która uchodzi w dolnej części prawego przedsionka (3.2)” [12].

„Na układ krążenia człowieka oprócz serca składają się naczynia krwionośne (3.4). Podstawową funkcją układu krążenia jest dostarczenie tlenu i składników odżywczych do wszystkich komórek organizmu oraz odprowadzenie szkodliwych produktów przemiany materii. Przekazywanie i odbieranie tych substancji odbywa się w malutkich, niewidocznych gołym okiem naczyniach włosowatych, których ściana składa się tylko z jednej warstwy komórek. Wszystkie naczynia włosowate tworzą tzw. mikrokrą-



Rysunek 3.2: Anatomia dużego i małego obiegu krwi [4]



Rysunek 3.3: Budowa serca wraz z wizualizacją krążenia systemowego i płucnego [12]

żenie. Wszystkie naczynia w organizmie, począwszy od największego (aorta), na najmniejszych kończąc (tętniczki, arteriole), które doprowadzają krew do mikrokrążenia, nazywane są tętnicami; wszystkie naczynia, które odprowadzają krew z mikrokrążenia, to żyły. W naczyniach mikrokrążenia odbywa się wymiana gazowa – w płucach wiązanie tlenu przez hemoglobinę i wydalenie dwutlenku węgla, natomiast w tkankach oddawanie tlenu i odbieranie dwutlenku węgla” [12].

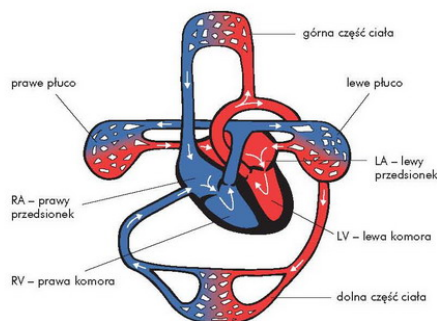
„Naczynia krwionośne należą do jednego z dwóch układów w układzie krążenia człowieka: krążenia płucnego lub krążenia systemowego. Prawa komora tłoczy krew odtlenowaną do krążenia płucnego (tzw. małego) – tętnicami płucnymi płynie więc krew żylna do mikrokrążenia płucnego, gdzie odbywa się wymiana gazowa. Żyłami płucnymi wraca krew utlenowana do lewego przedsionka. W naczyniach krążenia płucnego panuje niskie ciśnienie i prawa komora nie musi wytwarzać wysokiego ciśnienia, aby spowodować przepływ krwi (ściana prawej komory jest więc cienka). W szczególnych przypadkach przepływ krwi w krążeniu płucnym może się odbywać nawet bez udziału tłoczącej komory (np. po operacji hemi-Fontana czy operacji Fontana)” [12].

„Lewa komora tłoczy krew do krążenia systemowego (dużego, obwodowego). Tętnicami krążenia systemowego dopływa krew utlenowana do mikrokrążenia całego organizmu (z wyjątkiem płuc). Żyły odbierające krew z mikrokrążenia łączą się w coraz większe, aż w końcu dwiema dużymi żyłami głównymi krew żylna spływa do prawego przedsionka. W krążeniu systemowym panuje wysoki opór naczyniowy, komora lewa musi więc wytworzyć wysokie ciśnienie, żeby spowodować przepływ krwi (ściana lewej komory jest zatem bardzo gruba). Przepływ krwi w krążeniu systemowym nie jest możliwy bez udziału tłoczącej komory, w szczególnych przypadkach tę funkcję może pełnić prawa komora, która przystosowuje się do wytwarzania wysokiego ciśnienia i przerasta, jak na przykład w zespole niedorozwoju lewego serca” [12].

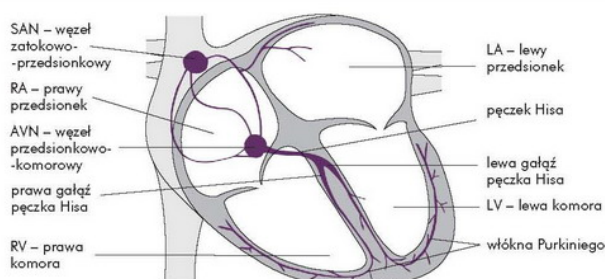
„Główne zadanie serca polega na pompowaniu krwi do krążenia systemowego i płucnego. Jest to możliwe dzięki rytmicznym skurczom i rozkurczom przedsionków, a następnie komór serca. Włókna mię-

śnia sercowego składają się z komórek, które mają zdolność kurczenia się pod wpływem bodźca/impulsu elektrycznego. Impulsy elektryczne pobudzające komórki mięśnia sercowego powstają spontanicznie w specjalnych strukturach nazywanych układem bodźcoprzewodzącym serca (3.5). Układ bodźcoprzewodzący jest odpowiedzialny za wytwarzanie pobudzeń i ich prawidłowe „rozchodzenie” się po mięśniu sercowym. Układ ten składa się z węzła zatokowo-przedsionkowego, węzła przedsionkowo-komorowego, pęczka Hisa oraz włókien Purkiniego” [12].

„Węzeł zatokowo-przedsionkowy znajduje się w ścianie prawego przedsionka w okolicy ujścia do niego żyły głównej górnej. Ma właściwości spontanicznego wytwarzania pobudzeń elektrycznych (impulsów elektrycznych), czyli ma własny automatyzm. Prawidłowo węzeł zatokowo-przedsionkowy (nazywany też węzłem zatokowym, a niekiedy „rozrusznikiem serca”) wytwarza pobudzenia elektryczne o najszybszym rytmie i u zdrowych osób jest nadrzędnym ośrodkiem automatyzmu, odpowiadając za częstotliwość rytmu serca. Impulsy z węzła zatokowego rozchodzą się szlakami wewnątrz- i międzyprzedsionkowymi, powodując skurcz obu przedsionków, a następnie docierają do węzła przedsionkowo-komorowego. Węzeł przedsionkowo-komorowy zwalnia przewodzenie impulsu, aby nie doszło do skurczu komór w tym samym czasie, co przedsionków. Dalej z węzła przedsionkowo-komorowego impulsy przechodzą do komorowych części układu bodźcoprzewodzącego: pęczka Hisa, który dzieli się na dwie odnogi, prawą i lewą, biegnące po obu stronach przegrody międzykomorowej. Końcowy element układu stanowią włókna Purkiniego w mięśniówce lewej i prawej komory serca. W momencie, w którym impuls dociera do włókien komór, dochodzi do ich skurczu oraz wyrzutu krwi do aorty i tętnicy płucnej” [12].



Rysunek 3.4: Schemat układu krążenia [12]



Rysunek 3.5: Układ przewodzący [12]

OPIS BADANIA EKG ORAZ UZYSKANEGO SYGNAŁU

„Elektrokardiografia jest metodą graficznej rejestracji elektrycznej aktywności serca. Otrzymana krzywa EKG ukazuje odtworzone napięcia pochodzące od pobudzonych komórek mięśniowych „zebrane” z powierzchni ciała. Ma szczególne znaczenie w rozpoznawaniu zawału i niedokrwienia mięśnia sercowego, a także zaburzeń rytmu i przewodzenia czy zapalenia osierdzia” [16].

Rutynowe badanie ekg obejmuje 12 odprowadzeń [16]:

- 3 kończynowe dwubiegunowe: rejestrują różnice potencjałów pomiędzy elektrodami umieszczonymi w dołkach podobojczykowych i nad lewym kolcem biodrowym (oznaczane: I, II, III)

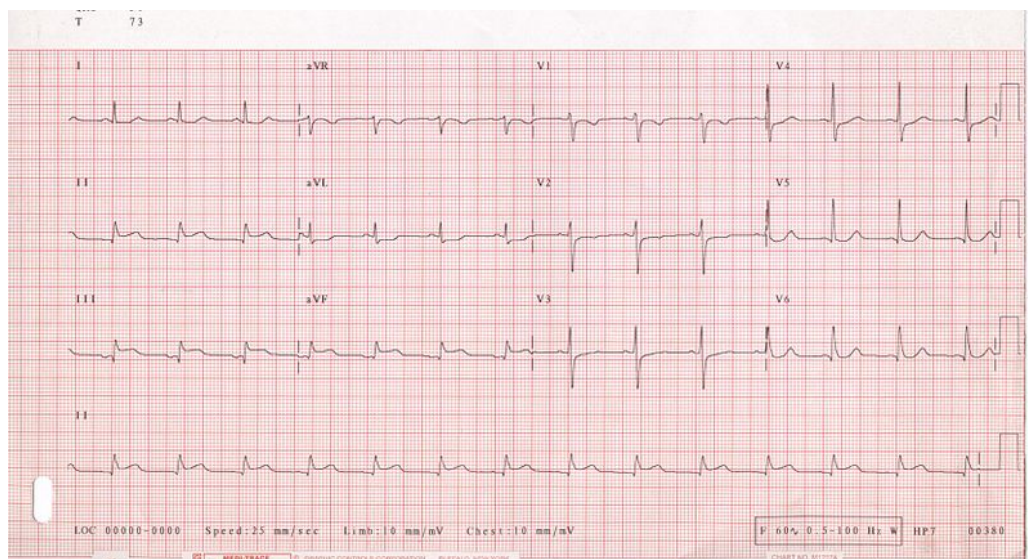
- 3 kończynowe jednobiegunowe: rejestrują różnice potencjałów między elektrodą czynną (badającą) a elektrodą obojętną (oznaczone: aVR, aVL, aVF)
- 6 odprowadzeń przedsercowych (oznaczone: V1, V2, V3, V4, V5, V6)

Rozmieszczenie elektrod na klatce piersiowej pacjenta (rysunki nr 3.8 i 3.7) [16, 13]:

- aVR - w prawym dołku podobojczykowym (przedramieniu)
- aVL - w lewym dołku podobojczykowym (przedramieniu)
- aVF - nad lewym kolcem biodrowym (podudziu)
- N - nad prawym kolcem biodrowym
- V1 - w czwartym międzyżebżu po stronie prawej
- V2 - w czwartym międzyżebżu po stronie lewej
- V3 - w połowie odległości między V4 i V2
- V4 - w piątym międzyżebżu w linii środkowo-obojętkowej
- V5 - na wysokości V4 w linii pachowej przedniej
- V6 - na wysokości V4 i V5 w linii pachowej środkowej

„Badanie elektrokardiogramem jest standardem w diagnozowaniu zaburzeń związanych z pracą serca. Dlatego też do właściwego rozpoznania objawów chorobowych jest niezbędna umiejętność odczytywania zapisu EKG, który składa się z odcinków oraz załameków, które określane są literami P, Q, R, S, T będącymi wychyleniami linii” [15].

Przykładowy zapis EKG przedstawiono na rysunku nr 3.6, natomiast idealny przebieg sygnału EKG przedstawia rysunek nr 3.9.

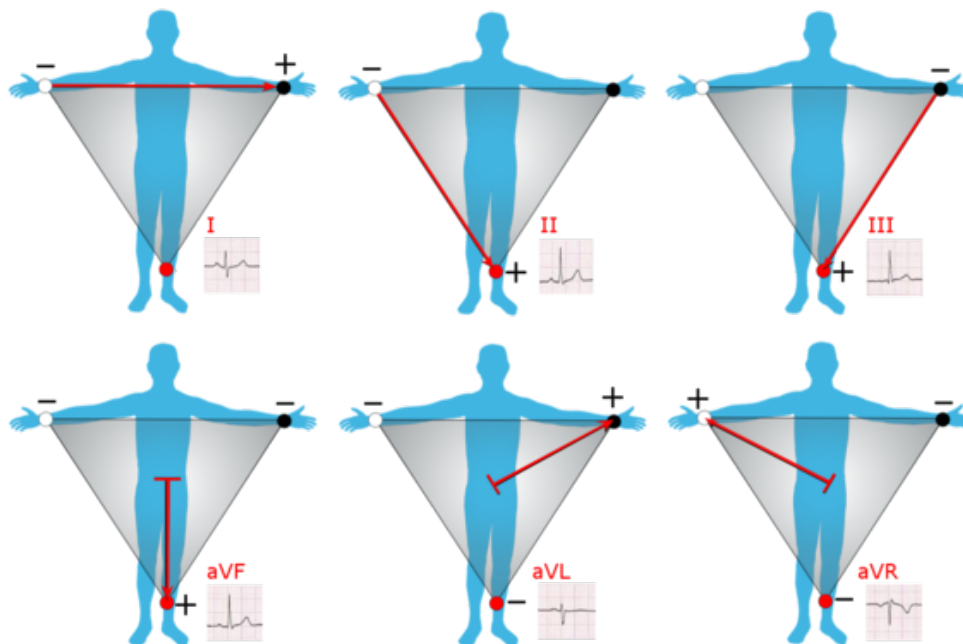


Rysunek 3.6: Przykładowy zapis EKG [20]

Krzywa EKG (rysunek nr 3.9) [16]:

- Załamek P - czas przewodzenia depolaryzacji w mięśniu przedsionków (100ms)
- Odcinek PQ - przejście depolaryzacji przez węzeł przedsionkowo-komorowy i pęczek przedsionkowo-komorowy (50 ms)

- Odstęp PQ - przewodzenie depolaryzacji od węzła zatokowo-przedsionkowego do mięśnia komór (150 ms)
- Zespół QRS - rozprzestrzenianie się depolaryzacji w mięśniu komór (90ms)
- Odcinek ST - wolna repolaryzacja mięśnia komór (120 ms)
- Załamek T - szybka repolaryzacja mięśnia komór (120 ms)
- Odstęp ST - wolna i szybka repolaryzacja mięśnia komór (280 ms)
- Odstęp QT - potencjał czynnościowy mięśnia komór (370 ms)
- Odstęp RR - jeden cykl pracy serca (800 ms)



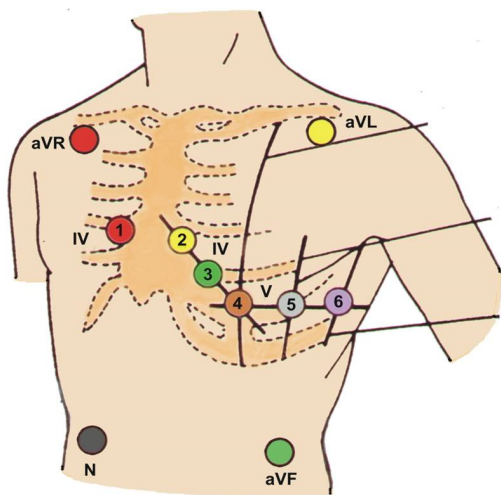
Rysunek 3.7: Rozmieszczenie elektrod EKG na ciele pacjenta [13]

„Nie ulega wątpliwości, iż interpretacja zapisu EKG to nic innego jak ocena tego czy jest on prawidłowy czy też przeciwnie. Z pewnością, ważną rolę podczas analizy zapisu elektrokardiogramu odgrywa rytm serca. Na przykład jeżeli mamy do czynienia z rytmem zatokowym, wtedy fala pobudzeniowa zaczyna się w węźle zatokowym i jest skierowana ku załamkowi P. Natomiast, gdy mamy do czynienia z migotaniem przedsionków, to charakteryzuje się ono brakiem załamka P, obecnością fal F oraz niemierną akcją komór o różnej częstotliwości. Poza tym, w trakcie interpretacji zapisu EKG kluczowe znaczenia ma częstość serca. Warto zwrócić uwagę na to, iż norma wynosi 60-100 uderzeń na minutę. Gdy jest ona większa, mamy do czynienia z tachykardią. Kiedy jest ona mniejsza, z bradykardią” [15].

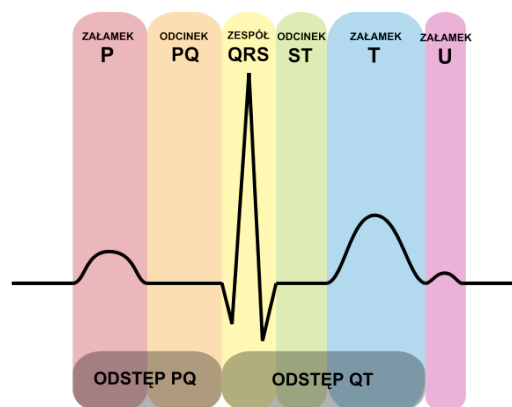
Więcej informacji na temat anatomii i fizjologii serca oraz EKG można znaleźć w następujących książkach: [47, 144, 143].

3.1.3. Baza z sygnałami EKG

Na potrzeby badań została stworzona baza danych z sygnałami EKG, pozyskanymi z ogólnodostępnego serwisu: [PhysioNet](#) z bazy danych MIT-BIH Arrhythmia. Bazę stworzono na podstawie prze-



Rysunek 3.8: Rozmieszczenie elektrod EKG na ciele pacjenta [16]



Rysunek 3.9: Wizualizacja prawidłowej ewolucji serca w zapisie EKG [14]

analizowania zapisu EKG od 29 pacjentów, a następnie wyselekcjonowania odpowiednich fragmentów sygnałów EKG z prawidłowym rytmem zatokowym i analizowanymi zaburzeniami serca. Wszystkie sygnały EKG zostały zarejestrowane z częstotliwością próbkowania: $360 [Hz]$ oraz wzmocnieniem: $200 [adu/mV]$. Analizowane zapisy sygnału EKG trwały po 30 minut dla każdego pacjenta, na ich podstawie wybrano i zapisano 2066, 10 sekundowych, fragmentów sygnału EKG (tabele nr 3.1 i 3.2).

Na potrzeby eksperymentu zebrano bazę danych, składającą się z sygnałów EKG pochodzących z odprowadzeń: MLII, V1, V2 i V5. Ze względu na małą liczbę sygnałów zebranych dla odprowadzeń V1, V2 i V5 w eksperymencie wykorzystano sygnały pochodzące tylko z odprowadzenia MLII. Opis zebranych sygnałów znajduje się w tabelach nr 3.1 i 3.2. W tabelach nr 3.1 i 3.2 przedstawiono zebrane patologie serca (w tym pogrubionym drukiem oznaczono analizowane zaburzenia), symbole każdego zaburzenia z bazy MIT-BIH Arrhythmia, liczbę zebranych fragmentów sygnału dla każdego zaburzenia, liczbę pacjentów od których pochodził sygnał EKG oraz numery pacjentów od których pochodziły analizowane fragmenty sygnału EKG.

Sumarycznie do dalszej analizy wytypowano 744 fragmenty EKG, stanowiące około 36% całej bazy sygnałów, wynika to z faktu, że w dalszej analizie zostały uwzględnione jedynie sygnały z odprowadzenia MLII celem uzyskania jak najbardziej miarodajnych wyników (klasyfikowanie sygnałów powinno się odbywać na podstawie charakterystycznych cech sygnału dla danej dysfunkcji serca, a nie charakterystycznej dla danego odprowadzenia aktywności elektrycznej serca).

Tak przygotowana baza danych posłużyła do stworzeniu zbioru uczącego i testowego (za pomocą metod walidacji krzyżowej) potrzebnych do wytrenowania systemów inteligencji obliczeniowej automatycznie diagnozujących dysfunkcję mięśnia sercowego oraz obiektywnego przetestowania ich skuteczności.

Ponieważ w badaniach wykorzystano sygnały EKG tylko z jednego odprowadzenia (ze względu na trudność zebrania odpowiedniej liczby danych dla wielu odprowadzeń) zaprojektowane systemy mogą znaleźć zastosowanie również w urządzeniach mobilnych.

3.1.4. Rodzaje patologii mięśnia sercowego

W ramach eksperymentu zebrano dane dla prawidłowego rytmu zatokowego oraz 21 zaburzeń serca, ich listę przedstawiono w tabelach nr 3.1 i 3.2. Następnie dokonano selekcji zaburzeń serca oraz zebranych sygnałów w wyniku której do dalszej analizy wytypowano prawidłowy rytm zatokowy oraz 16 patologii serca, zawierających co najmniej 10 sygnałów EKG (wytypowane fragmenty zawierają pojedyncze dysfunkcje i wszystkie pochodzą z odprowadzenia MLII).

Poniżej została przedstawiona lista rozpoznawanych klas wraz z odpowiadającą im liczbą fragmentów sygnału EKG:

1. Prawidłowy rytm zatokowy (193 fragmenty sygnału).
2. Przedwczesne pobudzenia przedsionkowe (58 fragmentów sygnału).
3. Trzepotanie przedsionków (17 fragmentów sygnału).
4. Migotanie przedsionków (93 fragmenty sygnału).
5. Częstoskurcz nadkomorowy pochodzenia przedsionkowego lub węzłowego (11 fragmentów sygnału).
6. Zespół WPW (21 fragmentów sygnału).
7. Przedwczesne pobudzenia komorowe (78 fragmenty sygnału).
8. Bigeminia komorowa (44 fragmenty sygnału).
9. Trigeminiacja komorowa (13 fragmentów sygnału).
10. Częstoskurcz komorowy (10 fragmentów sygnału).
11. Rytm idiowentrikularny (10 fragmentów sygnału).
12. Trzepotanie komór (10 fragmentów sygnału).
13. Fuzja przedwczesnych pobudzeń komorowych z zatokowymi (11 fragmentów sygnału).
14. Blok I stopnia lewej odnogi pęczka Hisa (88 fragmentów sygnału).
15. Blok I stopnia prawej odnogi pęczka Hisa (47 fragmentów sygnału).
16. Blok II stopnia (10 fragmentów sygnału).
17. Rytm z rozrusznika (30 fragmentów sygnału).

W kolejnych podrozdziałach zostaną opisane wybrane dysfunkcje mięśnia sercowego, obejmujące analizowane automatycznie zaburzenia, wraz z odpowiadającą im wizualizacją sygnału EKG.

RYTM ZATOKOWY I JEGO ZABURZENIA

„Prawidłowy rytm serca jest następstwem powstawania impulsu elektrycznego, który rozpoczyna się w węźle zatokowo-przedsionkowym. Cechują go” [47]:

- dodatnie załamki P poprzedzające zespoły QRS,
- jednolita morfologia załamków P,
- stały odstęp PR,
- miarowy rytm przedsionków i komór (zazwyczaj).

Rytm zatokowy (rys. nr 3.10) charakteryzuje częstotliwość 60-100 uderzeń serca na minutę, rytm miarowy. Załamki P dodatnie w odprowadzeniu II i wszystkie podobne do siebie. Załamki P jeśli wystę-

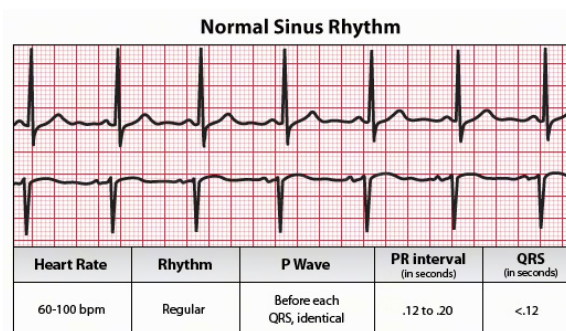
Tablica 3.1: Opis bazy danych z wyselekcjonowanymi sygnałami

Lp.	Nazwa zaburzenia	Symbol zaburzenia	Odprowadzenia	Liczba fragmentów	Liczba pacjentów	Numerzy pacjentów
I. Prawidłowy rytm zatokowy						
1	Prawidłowy rytm zatokowy	· lub <i>N</i>	MLII	193	14	100, 101, 103,
			V1	154	8	105, 106, 108,
			V2	17	3	112, 113, 114,
			V5	38	4	115, 201, 202,
			Suma	402	16	209, 213
II. Zaburzenia rytmu zatokowego						
–	Arytmia zatokowa (niemiarowość zatokowa)	<i>(N</i>	MLII	3	1	113
			V1	3	1	
			Suma	6	1	
III. Zaburzenia typu przedsionkowego						
2	Pobudzenia przedwczesne przedsionkowe	<i>A</i>	MLII	58	8	100, 101, 103, 112, 114, 202, 209, 213
			V1	48	5	
			V2	1	1	
			V5	9	2	
			Suma	42	8	
3	Trzepotanie przedsionków	<i>(AFL</i>	MLII	17	2	202, 222
			V1	17	2	
			Suma	34	2	
4	Migotanie przedsionków	<i>(AFIB</i>	MLII	93	3	201, 202, 210
			V1	93	3	
			Suma	186	3	
5	Częstoskurcz nadkomorowy pochodzenia przedsionkowego lub węzłowego	<i>(SVTA</i> pochodzenia: <i>A</i> lub <i>J</i>	MLII	11	3	207, 209, 234
			V1	11	3	
			Suma	22	3	
–	Bigeminia przedsionkowa	<i>(AB</i>	MLII	1	1	222
			V1	1	1	
			Suma	2	1	
–	Nieprzewiedzione pobudzenie przedwczesne przedsionkowe	<i>x</i>	MLII	4	1	201
			V1	4	1	
			Suma	8	1	
6	Zespół WPW	<i>(PREX</i>	MLII	21	1	230
			V1	21	1	
			Suma	42	1	
IV. Rytm węzłowe						
–	Pobudzenie przedwczesne ze złącza AV	<i>J</i>	MLII	1	1	108
			V1	1	1	
			Suma	2	1	
–	Rytm zastępczy z złącza AV	<i>(NOD</i>	MLII	1	1	201, 222
			V1	1	1	
			Suma	2	1	

Tablica 3.2: Opis bazy danych z wyselekcjonowanymi sygnałami

Lp.	Nazwa zaburzenia	Symbol zaburzenia	Odprowadzenia	Liczba fragmentów	Liczba pacjentów	Numerzy pacjentów
V. Zaburzenia typu komorowego						
7	Pobudzenia przedwczesne komorowe	V	MLII	78	9	100, 105, 106, 108, 114, 201, 202, 209, 213
			V1	49	7	
			V2	2	1	
			V5	31	3	
			Suma	160	10	
8	Bigeminia komorowa	(B	MLII	44	4	106, 119, 210, 223
			V5	44	4	
			Suma	88	4	
9	Trigeminia komorowa	(T	MLII	13	4	119, 201, 208, 223
			V5	15	4	
			Suma	28	4	
10	Częstoskurcz komorowy (tachykardia komorowa)	(VT	MLII	10	3	106, 205, 223
			V1	10	3	
			Suma	20	3	
11	Rytm idiowentrykularny	(IVR pobudzenie: E	MLII	10	1	207
			V1	10	1	
			Suma	20	1	
12	Trzepotanie komór	(VFL	MLII	10	1	207
			V5	10	1	
			Suma	20	1	
13	Fuzja przedwczesnych pobudzeń komorowych i zatokowych	F	MLII	11	3	114, 205, 213
			V1	9	2	
			V5	2	1	
			Suma	22	3	
VI. Bloki przedsionkowo-komorowe (AV)						
14	Blok I stopnia lewej odnogi pęczka Hisa	L	MLII	88	2	109, 111
			V1	84	2	
			Suma	172	2	
15	Blok I stopnia prawej odnogi pęczka Hisa	R	MLII	47	2	118, 212
			V1	47	2	
			Suma	94	2	
16	Blok II stopnia - rytm	(BII	MLII	10	1	231
			V1	10	1	
			Suma	20	1	
VII. Rytm z rozrusznika (stymulatora)						
17	Rytm z rozrusznika	(P	MLII	30	1	107
			V1	30	1	
			V2	21	2	
			V5	21	2	
			Suma	102	3	

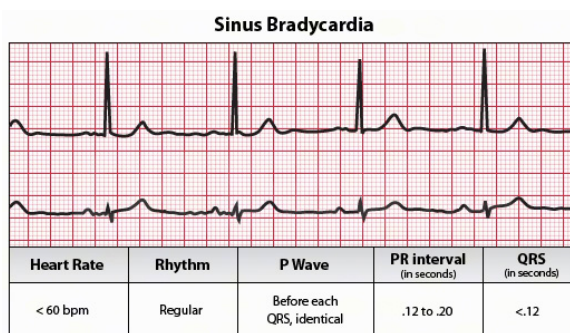
pują, wyprzedzają zespoły QRS. Stałe odstępy PR od 0,12 do 0,20 s. Zespół QRS trwa do 0,10 s, o ile przewodzenie śródkomorowe jest prawidłowe [47].



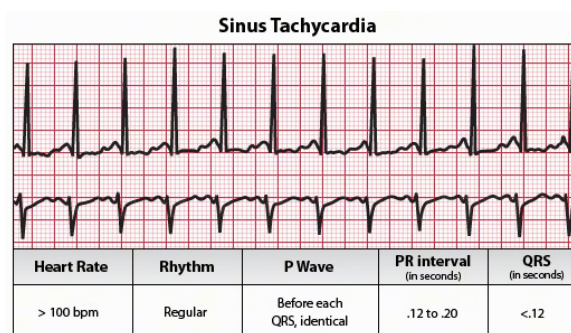
Rysunek 3.10: Rytm zatokowy [10]

Bradykardia zatokowa (rys. nr 3.11) charakteryzuje częstotliwość poniżej 60 uderzeń serca na minutę, rytm miarowy. Załamki P dodatnie w odprowadzeniu II i wszystkie podobne do siebie. Załamki P jeśli występują, wyprzedzają zespoły QRS. Stałe odstępy PR od 0,12 do 0,20 s. Zespół QRS trwa do 0,10 s, o ile przewodzenie śródkomorowe jest prawidłowe [47].

Tachykardia zatokowa (rys. nr 3.12) charakteryzuje częstotliwość 101-180 uderzeń serca na minutę, rytm miarowy. Załamki P dodatnie w odprowadzeniu II i wszystkie podobne do siebie. Załamki P jeśli występują, wyprzedzają zespoły QRS. Stałe odstępy PR od 0,12 do 0,20 s. Zespół QRS trwa do 0,10 s, o ile przewodzenie śródkomorowe jest prawidłowe [47].



Rysunek 3.11: Bradykardia zatokowa [10]

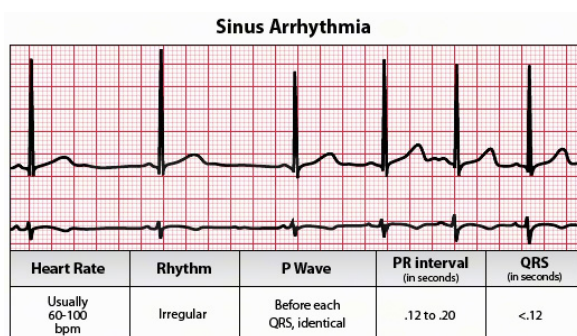


Rysunek 3.12: Tachykardia zatokowa [10]

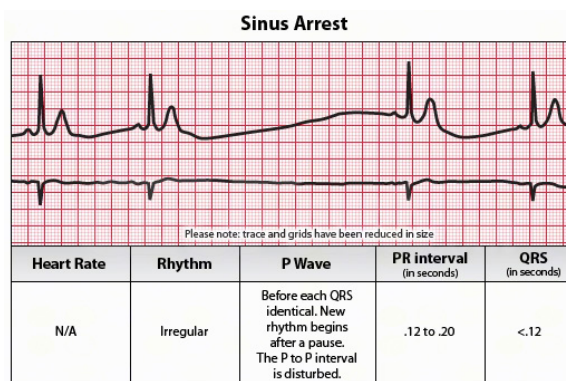
Niemiarowość zatokowa (rys. nr 3.13) charakteryzuje częstotliwość zazwyczaj 60-100 uderzeń serca na minutę, rytm niemiary, zazwyczaj zmieniający się wraz z fazą oddechu. Załamki P dodatnie w odprowadzeniu II i wszystkie podobne do siebie. Załamki P jeśli występują, wyprzedzają zespoły QRS. Stałe odstępy PR od 0,12 do 0,20 s. Zespół QRS trwa do 0,10 s, o ile przewodzenie śródkomorowe jest prawidłowe [47].

Zahamowanie zatokowe (rys. nr 3.14) charakteryzuje różną częstotliwość uderzeń serca na minutę, rytm miarowy, z wyjątkiem fragmentów z pauzą RR o różnym czasie trwania (wypadnięcie co najmniej 1 ewolucji PQRS), czas trwania pauzy nie jest wielokrotnością odstępu PP. Jeżeli występują załamki P, to są dodatnie w odprowadzeniu II i wszystkie podobne do siebie, wyprzedzają zespoły QRS. Stałe odstępy

PR od 0,12 do 0,20 s. Zespół QRS trwa do 0,10 s, o ile przewodzenie śródkomorowe jest prawidłowe [47].



Rysunek 3.13: Niemiarywość zatokowa [10]



Rysunek 3.14: Zahamowanie zatokowe [10]

ZABURZENIA RYTMU SERCA TYPU PRZEDSIONKOWEGO

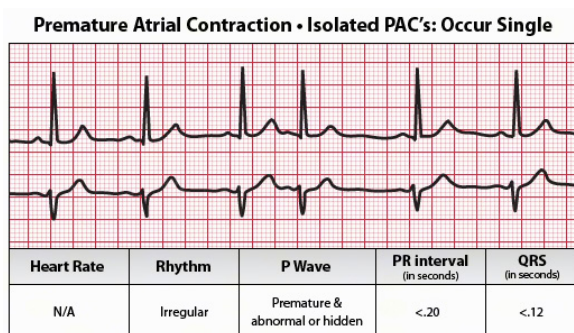
„Przedsionkowe zaburzenia rytmu serca występują w przebiegu nieprawidłowego formowania się i przewodzenia bodźców elektrycznych w przedsionkach. Do głównych mechanizmów leżących u podstaw tych zaburzeń zalicza się zaburzenia automatyzmu, aktywność wyzwalaną i reentry. Zaburzenia automatyzmu i aktywność wyzwalana należą do zaburzeń przewodzenia. Arytmie powstające w przebiegu zaburzeń formowania się impulsów określane są jako automatyczne, a powstające w przebiegu zaburzeń przewodzenia jako nawrotne” [47].

Pobudzenia przedwczesne przedsionkowe (rys. nr 3.15) charakteryzuje częstotliwość zazwyczaj w zakresie normy, ale zależna od rytmu prowadzącego. Rytm jest miarowy z pobudzeniami przedwczesnymi. Załamki P przedwczesne dodatnie w odprowadzeniu II, wyprzedzają zespoły QRS, mają inną morfologię niż załamki rytmu zatokowego i mogą być ukryte w załamku T. Odstępy PR mogą być prawidłowe lub wydłużone. Zespół QRS trwa do 0,10 s, jeżeli nie występują zaburzenia przewodnictwa śródkomorowego [47].

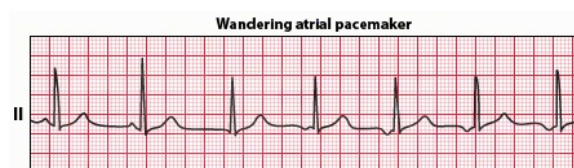
Wędrowanie rozrusznika (rys. nr 3.16) charakteryzuje częstotliwość zazwyczaj 60-100/min., jeżeli rytm jest szybszy rozpoznaje się wielokształtny częstoskurcz przedsionkowy (MAT). Rytm może być niemiary, ponieważ rozrusznik wędruje od węzła SA do lokalizacji ektopowych w przedsionkach i łączy AV. Wielkość, kształt i kierunek załamek P mogą zmieniać się z pobudzenia na pobudzenie. Odstępy PR mogą być różne. Zespół QRS trwa do 0,10 s, jeżeli nie występują zaburzenia przewodnictwa śródkomorowego [47].

Częstoskurcz przedsionkowy (rys. nr 3.17) charakteryzuje częstotliwość 100-250/min. Rytm jest miarowy. Morfologia załamek P jest odmienna od morfologii rytmu zatokowego. Obecna jest linia izoelektryczna pomiędzy załamekami P. Odstęp PR może być skrócony, wydłużony lub prawidłowy. Zespół QRS trwa do 0,10 s, jeżeli nie występują zaburzenia przewodnictwa śródkomorowego [47].

Trzepotanie przedsionków (rys. nr 3.18 i 3.19) charakteryzuje częstotliwość przedsionków 250-450/min., typowo 300/min, częstotliwość komór różna w zależności od bloku AV. Rytm przedsionków jest miarowy, rytm komór miarowy lub niemiary. Brak załamek P, widoczne fale trzepotania po-



Rysunek 3.15: Pobudzenie przedsionkowe [10]



Rysunek 3.16: Wędrowanie rozrusznika [10]

dobne do zębów piły. Odstępy PR są niemierzalne. Zespół QRS trwa do 0,10 s, jeżeli nie występują zaburzenia przewodnictwa śródkomorowego [47].

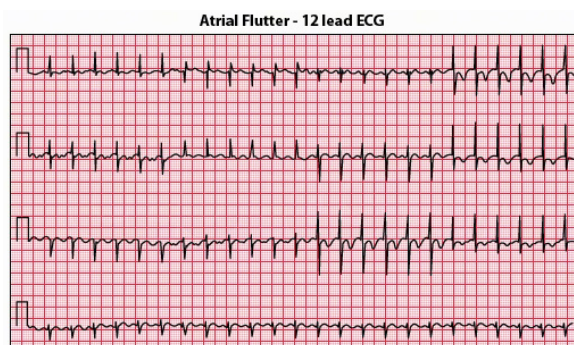


Rysunek 3.17: Częstoskurcz przedsionkowy [11]

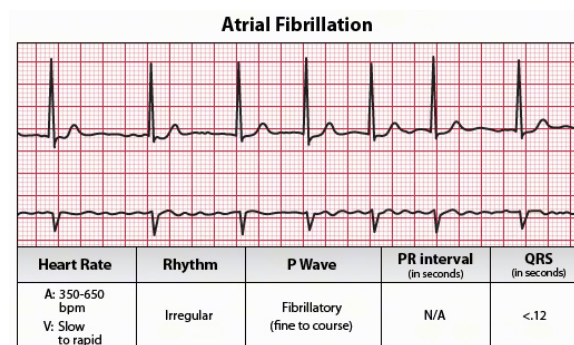


Rysunek 3.18: Trzepotanie przedsionków [11]

Migotanie przedsionków (rys. nr 3.20) charakteryzuje częstotliwość przedsionków 400-600/min., częstotliwość komór różna. Rytm komór jest całkowicie niemiary. Brak załamków P, fala migotania widoczna jako pofałdowana linia izoelektryczna. Odstępy PR są niemierzalne. Zespół QRS trwa do 0,10 s, jeżeli nie występują zaburzenia przewodnictwa śródkomorowego [47].



Rysunek 3.19: Trzepotanie przedsionków [10]

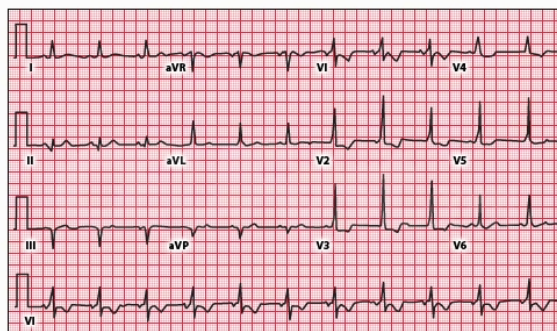


Rysunek 3.20: Migotanie przedsionków [10]

Częstoskurcz nadkomorowy (SVT) rozpoczyna się nad rozdzieleniem pęczka Hisa. Oznacza to, że powstaje w węźle SA, mięśniu przedsionków lub złączu AV. Wyróżnia się trzy typy częstoskurczów nadkomorowych (SVT, ang. *supraventricular arrhythmia*): częstoskurcz przedsionkowy (AV, ang. *atrial tachycardia*), nawrotowy częstoskurcz węzłowy (AVNRT, ang. *AV nodal reentrant tachycardia*) i przedsionkowo-komorowy częstoskurcz nawrotowy (AVRT, ang. *AV reentrant tachycardia*).

Zespół Wolffa-Parkinsona-White'a (WPW) (rys. nr 3.21) charakteryzuje częstotliwość (najczęściej) 60-100/min., jeżeli rytmem prowadzącym jest rytm zatokowy. Rytm jest miarowy, jeżeli nie występuje migotanie przedsionków. Załamki P są prawidłowe i dodatnie w odprowadzeniu II, jeżeli nie

występuje migotanie przedsionków. Odstęp PR wynosi poniżej 0,12 s, jeżeli występuje załamek P. Zespół QRS zazwyczaj poszerzony, powyżej 0,12 s, z zazębieniem na ramieniu wstępującym QRS (fala delta) widocznym w więcej niż jednym odprowadzeniu [47].



Rysunek 3.21: Zespół WPW [10]

RYTMY WĘZŁOWE

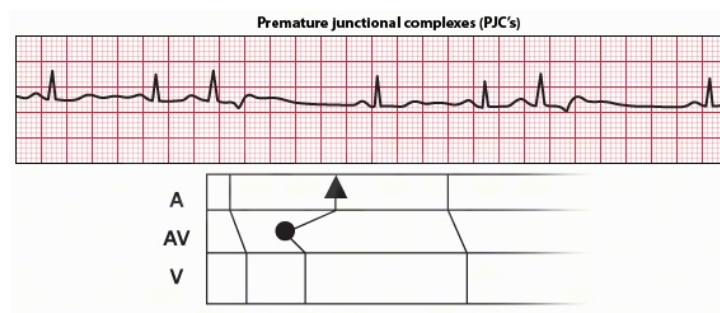
„Węzeł przedsionkowo-komorowy (AV) to grupa wyspecjalizowanych komórek położona w dolnej części prawego przedsionka powyżej zastawki trójdzielnej. Głównym zadaniem węzła AV jest opóźnienie przewodzenia pobudzeń z przedsionków do komór. Pozwala to przedsionkom na dokończenie skurczu i napełnienie krwią komór przed ich kolejnym skurczem” [47].

„W warunkach prawidłowych węzeł zatokowo-predsionkowy jest dominującym rozrusznikiem serca. Węzeł AV może przejąć rytm gdy” [47]:

- węzeł zatokowo-predsionkowy nie podejmuje swojej funkcji (asystolia zatokowa),
- pobudzenie powstaje w węźle zatokowo-predsionkowym, ale nie może niego wyjść (blok zatokowo-predsionkowy),
- częstotliwość rytmu zatokowego jest niższa niż łączy AV (bradykardia zatokowa lub wolniejsza arytmia przedsionkowa),
- pobudzenie powstające w węźle zatokowo-predsionkowym rozprzestrzenia się w przedsionkach, ale nie jest przewodzone do komór (blok przedsionkowo-komorowy).

Pobudzenie przedwcześnie z łączy AV (PJC) (rys. nr 3.22) charakteryzuje częstotliwość rytmu serca na minutę zwykle w prawidłowym zakresie, ale zależna od częstotliwości rytmu podstawowego. Rytm jest miarowy z przedwczesnymi pobudzeniami. Załamki P (odprowadzenia II, III, aVF) mogą występować przed zespołami QRS, w czasie ich trwania lub po nich, jeżeli są widoczne to są ujemne (odwrócone) w odprowadzeniach II, III i aVF. Jeżeli załamek P pojawia się przed zespołem QRS, odstęp PR zwykle wynosi 0,12 s lub mniej, jeżeli nie ma załamka P przed zespołem QRS, odstęp PR nie występuje. Zespół QRS zwykle trwa 0,10 s lub mniej, chyba że przewodzenie podlega aberracji lub współistnieją zaburzenia przewodzenia śródkomorowego [47].

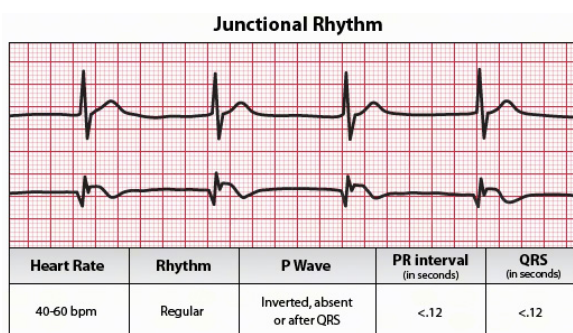
Rytm zastępczy z łączy AV (rys. nr 3.23) charakteryzuje częstotliwość 40-60 uderzeń serca na minutę. Rytm jest miarowy. Załamki P (odprowadzenia II, III, aVF) mogą występować przed zespołami QRS, w czasie ich trwania lub po nich, jeżeli są widoczne to są ujemne (odwrócone) w odprowadzeniach



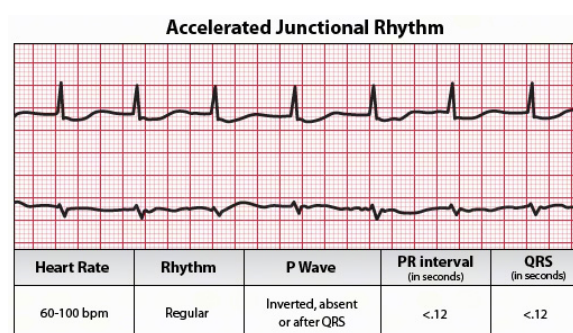
Rysunek 3.22: Pobudzenie przedwczesne z łącza AV (PJC) [10]

II, III i aVF. Jeżeli załamek P pojawia się przed zespołem QRS, odstęp PR zwykle wynosi 0,12 s lub mniej, jeżeli nie ma załamka P przed zespołem QRS, odstęp PR nie występuje. Zespół QRS zwykle trwa 0,10 s lub mniej, chyba że przewodzenie podlega aberracji lub współistnieją zaburzenia przewodzenia śródkomorowego [47].

Przyspieszony rytm z łącza AV (rys. nr 3.24) charakteryzuje częstotliwość 61-100 uderzeń serca na minutę. Rytm jest miarowy. Załamki P (odprowadzenia II, III, aVF) mogą występować przed zespołami QRS, w czasie ich trwania lub po nich, jeżeli są widoczne to są ujemne (odwrócone) w odprowadzeniach II, III i aVF. Jeżeli załamek P pojawia się przed zespołem QRS, odstęp PR zwykle wynosi 0,12 s lub mniej, jeżeli nie ma załamka P przed zespołem QRS, odstęp PR nie występuje. Zespół QRS zwykle trwa 0,10 s lub mniej, chyba że przewodzenie podlega aberracji lub współistnieją zaburzenia przewodzenia śródkomorowego [47].



Rysunek 3.23: Rytm zastępczy z łącza AV [10]



Rysunek 3.24: Przyspieszony rytm z łącza AV [10]

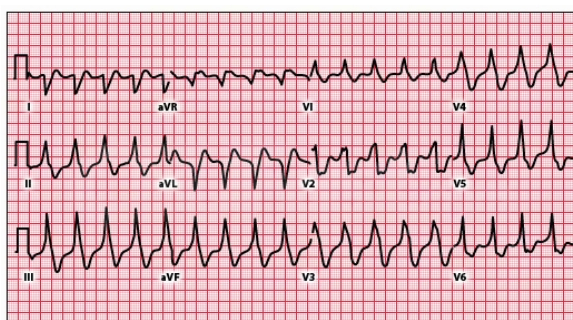
RYTMY KOMOROWE

„Komory serca są najmniej wydajnym zastępczym rozrusznikiem serca. Jeżeli generują one rytm zastępczy, jego częstotliwość z reguły nie przekracza 20-40 uderzeń serca na minutę. Komory mogą przejąć funkcję rozrusznika, jeżeli” [47]:

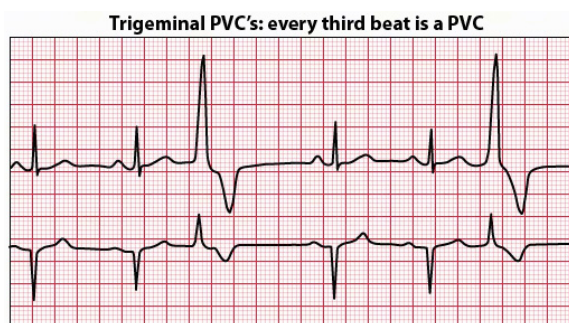
- brakuje czynności węzła zatokowo-przedsionkowego,
- pobudzenie elektryczne powstające w węźle zatokowo-przedsionkowym zostanie zablokowane (blok wyjścia),
- częstotliwość rytmu zatokowego jest niższa niż częstotliwość rytmu komorowego,

– pobudliwe ognisko w komorach wytwarza pobudzenie przedwczesne lub szybki rytm.

Pobudzenia przedwczesne komorowe (PVC) (rys. nr 3.25 i 3.26) charakteryzują się zwykle częstotliwością rytmu w prawidłowym zakresie, ale zależną od częstotliwości rytmu podstawowego. Rytm jest miarowy z pobudzeniami przedwczesnymi. Załamki P (w odprowadzeniu II) są zwykle nieobecne lub - przy wstecznym przewodzeniu do przedsionków - występujące po zespołach QRS (przeważanie odwrócone, w obrębie odcinka ST lub załamka T). Brak odstępu PR. Zespół QRS zwykle trwa 0,12 s lub więcej. PVC mogą występować w następujących układach: pary (dwa następujące po sobie pobudzenia przedwczesne komorowe), salwy (trzy lub więcej PVC po kolei), PVC bliźniacze (**bigeminia komorowa**): co drugie pobudzenie jest pobudzeniem komorowym, PVC trojaczne (**trigeminia komorowa**): co trzecie pobudzenie jest pobudzeniem komorowym [47].



Rysunek 3.25: Pobudzenia przedwczesne komorowe (PVC) [10]



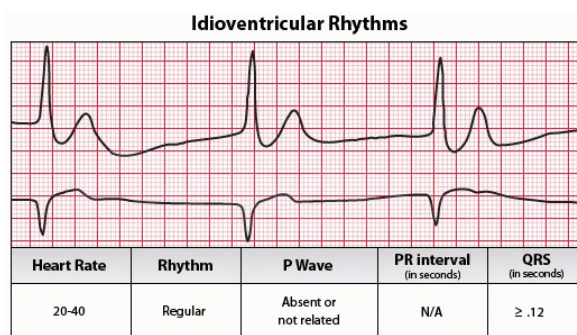
Rysunek 3.26: Pobudzenia przedwczesne komorowe (PVC) - trigeminia [10]

Rytm idiowentrikularny (IVR) (rys. nr 3.27) charakteryzuje się częstotliwością rytmu komór w przedziale 20-40 uderzeń na minutę. Rytm jest zwykle miarowy. Załamki P (w odprowadzeniu II) są zwykle nieobecne lub - przy wstecznym przewodzeniu do przedsionków - występujące po zespołach QRS (przeważanie odwrócone, w obrębie odcinka ST lub załamka T). Brak odstępu PR. Zespół QRS trwa 0,12 s lub więcej [47].

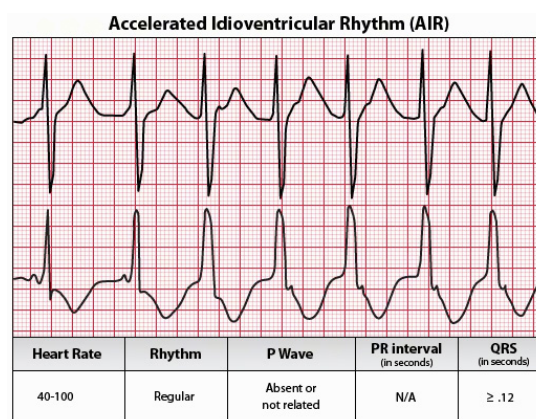
Przyspieszony rytm komorowy (AIVR) (rys. nr 3.28) charakteryzuje się częstotliwością rytmu komór w przedziale 41-100 uderzeń na minutę (niektórzy autorzy uznają częstotliwość rytmu 41-120/min). Rytm jest zwykle miarowy. Załamki P (w odprowadzeniu II) są zwykle nieobecne lub - przy wstecznym przewodzeniu do przedsionków - występujące po zespołach QRS (przeważanie odwrócone, w obrębie odcinka ST lub załamka T). Brak odstępu PR. Zespół QRS trwa 0,12 s lub więcej [47].

Monomorficzny częstoskurcz komorowy (rys. nr 3.24) charakteryzuje się częstotliwością rytmu komór w przedziale 101-250 uderzeń na minutę (niektórzy autorzy uznają częstotliwość rytmu 121-250/min). Rytm jest zwykle miarowy. Załamki P (w odprowadzeniu II) są widoczne lub niewidoczne, jeżeli są obecne nie mają związku z zespołami QRS i pojawiają się z częstotliwością inną niż VT. Brak odstępu PR. Zespół QRS zwykle trwa 0,12 s lub więcej [47].

Migotanie/trzepotanie komór (rys. nr 3.24) charakteryzuje się niemożliwą do określenia częstotliwością rytmu serca. Rytm jest chaotyczny. Załamki P (w odprowadzeniu II) są nieobecne. Brak odstępu PR. Czas trwania zespołu QRS niemożliwy do określenia [47].



Rysunek 3.27: Rytm idiowentrykularny (IVR) [10]



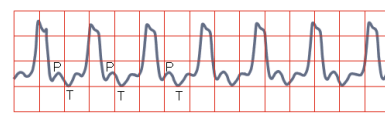
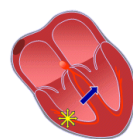
Rysunek 3.28: Przyspieszony rytm komorowy (AIVR) [10]



Rysunek 3.29: Monomorficzny częstoskurcz komorowy [11]

VENTRICULAR TACHYCARDIA

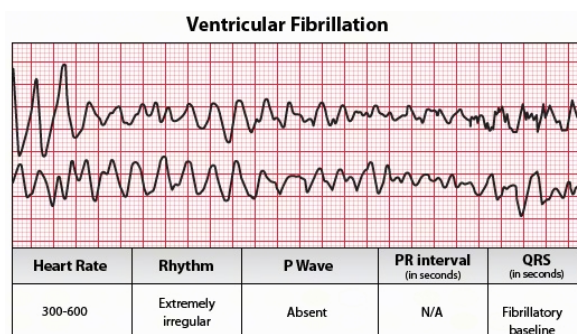
Impulses originate at ventricular pacemaker



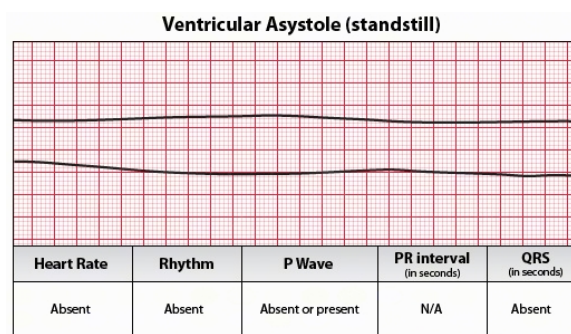
Wide ventricular complexes. Rate > 120/min

Rysunek 3.30: Monomorficzny częstoskurcz komorowy [5]

Asystolia (rys. nr 3.24) charakteryzuje się brakiem częstotliwości rytmu serca. Brak rytmu. Załamki P (w odprowadzeniu II) mogą być obecne przy aktywności przedsionków (asystolia z załawkami P). Brak odstępu PR. Zespoły QRS nieobecne [47].



Rysunek 3.31: Migotanie komór [10]



Rysunek 3.32: Asystolia [10]

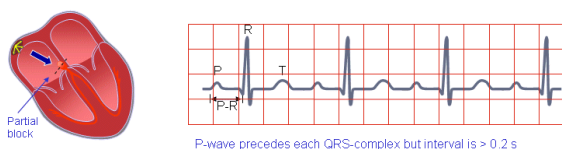
BLOKI PRZEDSIONKOWO-KOMOROWE (AV)

Blok pierwszego stopnia (rys. nr 3.33) charakteryzuje się zwykle częstotliwością rytmu serca w prawidłowym zakresie, ale zależy od rytmu podstawowego. Rytm przedsionków i komór miarowy. Załamki P (w odprowadzeniu II) prawidłowe, jeden załamek P przed każdym zespołem QRS. Odstęp PR wydłużony (powyżej 0,20 s) i stały. Czas trwania zespołu QRS zwykle 0,10 s lub mniej, chyba że współistnieje

opóźnienie przewodzenia śródkomorowego [47].

Blok drugiego stopnia typu I (rys. nr 3.34) charakteryzuje się częstotliwością przedsionków wyższą niż częstotliwość komór, obie zazwyczaj w prawidłowym zakresie. Rytm przedsionków miarowy, rytm komór niemiary. Załamki P (w odprowadzeniu II) mają prawidłową wielkość i kształt, niektóre załamki P bez następującego zespołu QRS (występuje więcej załamek P niż QRS). Odstęp PR wydłużający się z każdą ewolucją do czasu, aż załamek P pojawi się bez zespołu QRS. Czas trwania zespołu QRS zwykle 0,10 s lub mniej, chyba że współistnieje opóźnienie przewodzenia śródkomorowego [47].

A-V BLOCK, FIRST DEGREE
Atrioventricular conduction lengthened



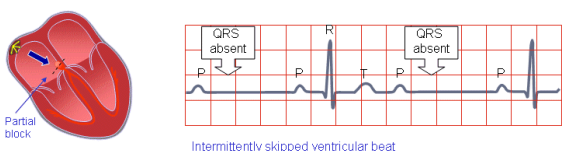
Rysunek 3.33: Blok pierwszego stopnia [5]

Rysunek 3.34: Blok drugiego stopnia typu pierwszego [11]

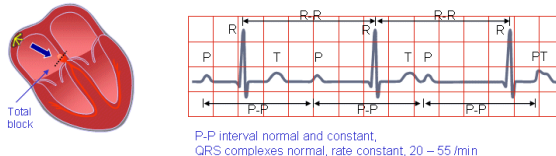
Blok drugiego stopnia typu II (rys. nr 3.35) charakteryzuje się częstotliwością przedsionków wyższą niż częstotliwość komór, częstotliwość komór zazwyczaj niska. Rytm przedsionków miarowy, rytm komór niemiary. Załamki P (w odprowadzeniu II) mają prawidłową wielkość i kształt, niektóre załamki P bez następującego zespołu QRS (występuje więcej załamek P niż QRS). Odstęp PR w prawidłowych granicach lub nieznacznie wydłużony, ale stały w pobudzeniach przewidzianych. Zespół QRS zwykle szerszy niż 0,10 s, okresowo wypada po załawkach P [47].

Blok trzeciego stopnia (zupełny) (rys. nr 3.36) charakteryzuje się częstotliwością przedsionków wyższą od częstotliwości komór, częstotliwość komór zależna od lokalizacji rytmu zastępczego. Rytm przedsionków i komór miarowy. Załamki P (w odprowadzeniu II) mają prawidłową wielkość i kształt. Brak odstępu PR - przedsionki i komory są pobudzone niezależnie od siebie, przez co nie ma prawdziwych odstępu PR. Zespół QRS prawidłowy lub szeroki w zależności od umiejscowienia rozrusznika zastępczego i warunków przewodzenia w obrębie komorowego układu przewodzącego [47].

A-V BLOCK, SECOND DEGREE
Sudden dropped QRS-complex



A-V BLOCK, THIRD DEGREE
Impulses originate at AV-node and proceed to ventricles
Atrial and ventricular activities are not synchronous



Rysunek 3.35: Blok drugiego stopnia typu drugiego [5]

Rysunek 3.36: Blok trzeciego stopnia (zupełny) [5]

Więcej szczegółów na temat dysfunkcji mięśnia sercowego można znaleźć w następujących książkach: [47, 144, 143] lub stronach internetowych: [10, 11, 5].

3.2. Zastosowane w rozprawie metody

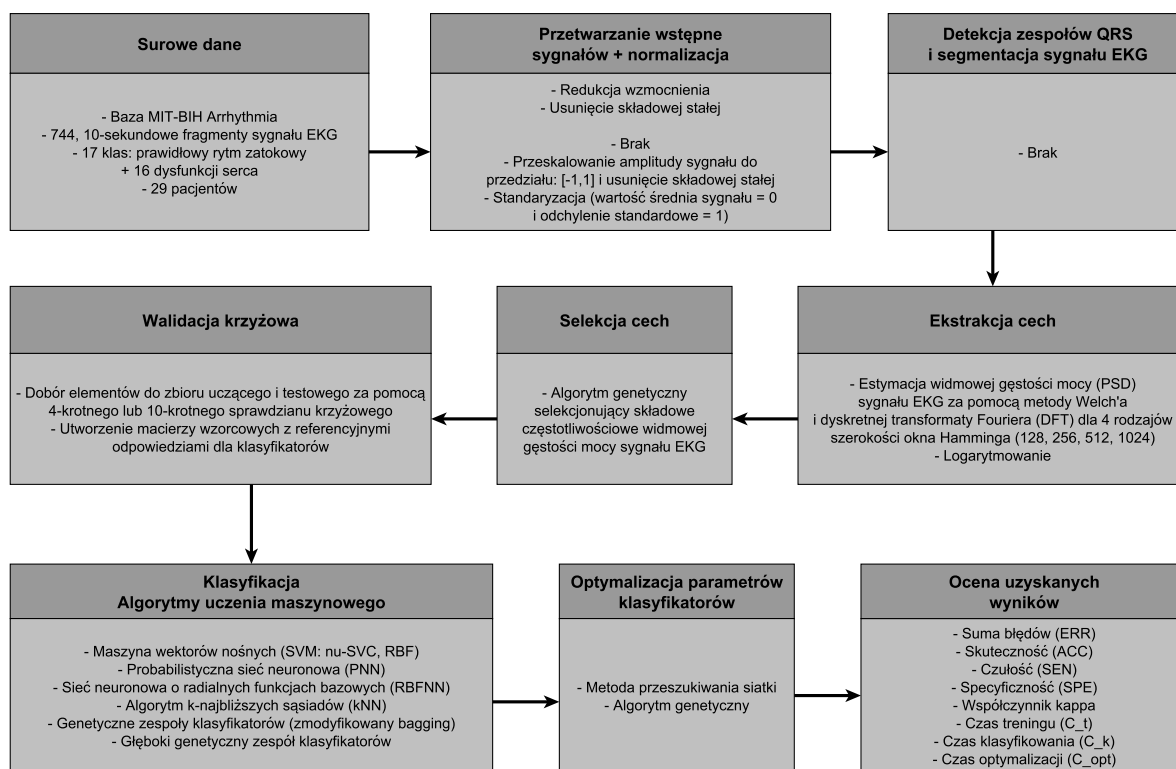
W ramach badań zostało przeprowadzonych 6 eksperymentów, w których wykorzystano i przetestowano wiele metod, poniżej zostały wypunktowane kolejne etapy przetwarzania i analizy sygnałów EKG [297, 364, 307] wraz z wykorzystanymi metodami (we wszystkich 6 eksperymentach).

Analiza danych składała się z następujących etapów:

- **Przetwarzania wstępnego sygnału wraz z normalizacją:**
 - Redukcja wzmocnienia + redukcja składowej stałej + brak normalizacji
 - Redukcja wzmocnienia + redukcja składowej stałej + przeskalowanie amplitudy do przedziału: $[-1, 1]$ + redukcja składowej stałej
 - Redukcja wzmocnienia + redukcja składowej stałej + standaryzacja (wartość średnia sygnału = 0, a odchylenie standardowe = 1)
- **Wydobywania charakterystycznych cech sygnału:**
 - **Ekstrakcji cech:**
 - * Estymacja widmowej gęstości mocy (PSD) sygnału EKG za pomocą metody Welch'a oraz dyskretnej transformacji Fouriera dla czterech szerokości okna Hamminga (128, 256, 512 i 1024 próbek)
 - * Logarytmowanie
 - **Selekcji cech** - algorytm genetyczny selekcionujący składowe częstotliwościowe widmowej gęstości mocy sygnału EKG
- **Diagnozowania zaburzeń serca - klasyfikowania sygnałów EKG:**
 - **Walidacji krzyżowej:**
 - * Dobór elementów do zbioru uczącego i testowego za pomocą 4-krotnego lub 10-krotnego sprawdzianu krzyżowego
 - * Utworzenie macierzy wzorcowych z referencyjnymi odpowiedziami dla klasyfikatorów
 - **Algorytmów uczenia maszynowego**
 - * Maszyna wektorów nośnych (SVM: nu-SVC, RBF)
 - * Probabilistyczna sieć neuronowa (PNN)
 - * Sieć neuronowa o radialnych funkcjach bazowych (RBFNN)
 - * Algorytm k-najbliższych sąsiadów (kNN)
 - * Genetyczny zespół klasyfikatorów optymalizowanych po klasach
 - * Genetyczny zespół klasyfikatorów optymalizowanych po zestawach zbiorów (zmodyfikowany *bagging*)
 - * Głęboki genetyczny zespół klasyfikatorów
 - **Optymalizacji parametrów klasyfikatorów**
 - * Przeszukiwanie siatki (ang. *Grid search*)
 - * Algorytm genetyczny
- **Oceny uzyskanych wyników**
 - Macierze pomyłek
 - Suma błędów (ERR_{sum})

- Skuteczność (ACC)
- Czułość (SEN)
- Specyficzność (SPE)
- Współczynnik κ
- Współczynnik pozostawionych cech (W_C)
- Czas treningu (C_t)
- Czas klasyfikowania (C_k)
- Czas optymalizacji (C_o)

Na rysunku nr 3.37 został przedstawiony schemat blokowy kolejnych etapów przetwarzania i analizy sygnałów EKG wraz z wykorzystanymi we wszystkich 6 eksperymentach metodami. Schemat algorytmu nawiązuje do schematu metodologii badań zaczerpniętego z literatury i przedstawionego na rysunku nr 2.1 oraz schematów przeprowadzonych eksperymentów przedstawionych na rysunku nr 3.1.



Rysunek 3.37: Schemat algorytmu przetwarzania i analizy sygnałów EKG

W kolejnych podrozdziałach zostaną przedstawione podstawy teoretyczne wszystkich metod wykorzystanych w kolejnych etapach przetwarzania i analizy sygnałów EKG.

3.2.1. Wstępne przetwarzanie sygnału (normalizacja)

W niniejszej sekcji zostanie omówione przetwarzanie wstępne sygnału wraz z jego normalizacją. Celem tego etapu jest ujednolicenie danych z różnych aparatów EKG (redukcja wzmocnienia, ujednolicenie częstotliwości, redukcja składowej stałej) oraz od różnych pacjentów celem ujednolicenia atrybutów analizowanego sygnału. W tym celu stosuje się normalizację amplitudy wszystkich sygnałów, co

wpływa na wzmocnienie cech charakterystycznych sygnałów, a co za tym idzie zwiększenie skuteczności klasyfikatorów. Należy zwrócić uwagę na fakt, że dysfunkcje układu krwionośnego identyfikuje się na podstawie zaobserwowania odchyień od normy w częstotliwości ewolucji serca lub w kształcie odpowiednich załamków sygnału EKG, natomiast, w zdecydowanej większości przypadków, na rozpoznanie chorób serca nie wpływają zmiany w amplitudzie sygnału EKG (które są uzależnione głównie od wielkości serca). Biorąc to pod uwagę normalizacja amplitudy sygnału EKG wpływa pozytywnie na ostateczną klasyfikację zaburzeń serca poprzez wzmocnienie charakterystycznych cech sygnału. Kolejnym pozytywnym skutkiem normalizacji sygnału jest przyspieszenie treningu klasyfikatorów [163].

W ramach badań odpowiednio zorganizowano dane oraz przetestowano trzy ścieżki przetwarzania wstępnego sygnału (normalizacji) polegające na:

- **braku normalizacji:**
 - redukcja wzmocnienia
 - redukcja składowej stałej (wartości średniej sygnału)
- **przeskalowaniu:**
 - redukcja wzmocnienia
 - redukcja składowej stałej
 - przeskalowaniu sygnału do przedziału: $[-1, 1]$
 - redukcja składowej stałej
- **standaryzacji:**
 - redukcja wzmocnienia
 - redukcja składowej stałej
 - standaryzacja sygnału (wartość średnia sygnału = 0 i odchylenie standardowe sygnału = 1)

W celu uzyskania pożądanych efektów zastosowano następujące metody:

redukcja wzmocnienia - polegająca na podzieleniu sygnału przez wartość wzmocnienia urządzenia na którym był rejestrowany sygnał EKG:

$$S = \frac{S_g}{g} \quad (3.1)$$

gdzie:

- S – wartość sygnału EKG po redukcji wzmocnienia,
- S_g – wartość sygnału EKG przed redukcją wzmocnienia,
- g – wartość wzmocnienia urządzenia na którym rejestrowany był sygnał EKG S_g .

redukcja składowej stałej (wartości średniej sygnału) - z definicji składowa stała sygnału jest wartością średnią z całego sygnału (całkowite pole pod wykresem sygnału na danym odcinku podzielone przez długość tego odcinka), którą można obliczyć ze wzoru całkowego dla sygnału analogowego lub ze wzoru sumacyjnego dla sygnału cyfrowego. Dla danego fragmentu dyskretnego sygnału o podanej szerokości okna czasowego równej 10 sekund wartość składowej stałej możemy obliczyć na podstawie wzoru na średnią arytmetyczną [33, 297]:

$$\mu = \frac{1}{n} \cdot \sum_{i=1}^n x_j(i) \quad (3.2)$$

gdzie:

- n – liczba próbek sygnału j ,
- i – indeks kolejnych próbek sygnału,
- j – indeks kolejnych sygnałów.

przeskalowanie - polega na dostosowaniu zakresu amplitud sygnałów do zadanego przedziału: $[-1, 1]$, obliczone na podstawie wzoru [24]:

$$\bar{x}_j(i) = \frac{x_j(i) - \min(x_j)}{\max(x_j) - \min(x_j)} \quad (3.3)$$

gdzie:

- i – indeks kolejnych próbek sygnału,
- j – indeks kolejnych sygnałów,
- $\min(x_j)$ – minimalna wartość amplitudy sygnału j , równa -1 ,
- $\max(x_j)$ – maksymalna wartość amplitudy sygnału j , równa 1 .

standaryzacja - jest odmianą normalizacji stosowaną w celu zrównoważenia informacji. Polega na przeskalowaniu zakresu amplitud sygnałów w taki sposób aby ich wartość średnia była równa 0, a odchylenie standardowe równe 1, obliczone na podstawie wzoru [24]:

$$\hat{x}_j(i) = \frac{x_j(i) - \mu}{\sigma} \quad (3.4)$$

gdzie:

- i – indeks kolejnych próbek sygnału,
- j – indeks kolejnych sygnałów,
- μ – wartość średnia sygnału j , policzona ze wzoru 3.2,
- σ – odchylenie standardowe sygnału j , obliczone ze wzoru:

$$\sigma = \sqrt{\frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (x_j(i) - \mu)^2} \quad (3.5)$$

Odchylenie standardowe odpowiada uśrednieniu mocy i jest miarą fluktuacji sygnału od średniej [297].

Techniki eliminujące błędy w surowych sygnałach EKG, takie jak: filtrowanie stosowane w celu usunięcia szumów i przepięć sieci oraz redukcji pływającej izolinii nie były zastosowane. Postąpiono tak ze względu na wykorzystanie metody Welsh'a oraz genetycznej selekcji cech (składowych częstotliwościowych widmowej gęstości mocy sygnału EKG) redukujących wspomniane błędy. Warto również podkreślić, że błędy tego typu powinny być również wykrywane (rozróżniane) i eliminowane w inteligentny sposób przez zaprojektowane klasyfikatory.

W tabeli nr 5.11 przedstawiono skuteczność poszczególnych metod przetwarzania wstępnego sygnału.

3.2.2. Ekstrakcja cech

Kolejnym etapem analizy danych jest ekstrakcja cech mająca na celu wydobywanie i wzmocnienie cech charakterystycznych sygnału celem zwiększenia efektywności rozpoznawania chorób. Ze względu na okresowy charakter sygnału EKG, autor zdecydował się na ekstrakcję cech polegającą na estymowaniu widmowej gęstości mocy sygnału EKG przy wykorzystaniu metody Welch'a oraz dyskretnej transformacji Fouriera. Następnie w celu znormalizowania składowych częstotliwościowych widmowej gęstości mocy zlogarytmowano tak przetransformowany sygnał (dzięki czemu uzyskano skalę logarytmiczną) - było to niezbędne w celu ujednolicenia wartości cech/atrybutów (składowych częstotliwościowych sygnału) wchodzących na wejścia klasyfikatorów.

Przy obliczaniu widmowej gęstości mocy zastosowano 3 szerokości okna Hamminga (eksperyment nr 1: 128, 256, 512 próbek) lub 4 szerokości okna Hamminga (eksperymenty nr 2-6: 128, 256, 512 i 1024 próbek), które dobrano eksperymentalnie, z 6 testowanych szerokości okna Hamminga, odrzucając okna o szerokościach: 768 i 1536 próbek. Kolejne wartości testowanych szerokości okna Hamminga zostały wyznaczone za pomocą ciągu geometrycznego (wielokrotności liczby 2).

Do estymowania widmowej gęstości mocy (we wszystkich eksperymentach) zastosowano następujące parametry: liczbę wspólnych próbek dla 2 sąsiadujących fragmentów równą połowie przyjętej szerokości okna Hamminga (przykładowo dla okna Hamminga = 512 próbek liczba wspólnych próbek wynosiła 256), długość wektora DFT równą 8000 oraz częstotliwość próbkowania równą 360 [Hz].

Dla sygnałów okresowych kształt przebiegu w dziedzinie czasu jest mniej istotny, a główna informacja jest zawarta w częstotliwości, fazie i amplitudzie sinusoid składowych. Do wydobywania tej informacji jest stosowana dyskretna transformacja Fouriera (DFT) [297].

Zastosowanie ekstrakcji cech w postaci estymacji widmowej gęstości mocy pozwoliło zmniejszyć szumy dzięki wykorzystaniu metody Welch'a, zredukować dane (a co za tym idzie czas obliczeń) za pomocą dyskretnej transformaty Fouriera oraz wydobyć i wzmocnić charakterystyczne cechy sygnału dzięki transformacji sygnału z dziedziny czasu do dziedziny częstotliwości.

W ramach ekstrakcji cech zastosowano następujące metody:

ESTYMACJĘ WIDMOWEJ GĘSTOŚCI MOCY - widmowa gęstość mocy (ang. Power Spectra Density -

PSD) jest często nazywana widmem sygnału lub widmem mocy. Przedstawia sygnał w dziedzinie częstotliwości lub pulsacji, otrzymuje się ją przy pomocy transformacji Fouriera. Tak powstała funkcja częstotliwości ma wymiary: $[moc]$ na $[Hz]$ [37, 36]. Gęstość widmowa opisuje, jak dużo sygnału (pod względem wartości) występuje na jednostkę szerokości pasma [297]. Widmowa gęstość mocy jest najważniejszą wielkością opisującą właściwości sygnału w dziedzinie częstotliwości [9]. W niniejszej pracy do jej obliczenia zastosowano:

Metodę Welch'a - która jest jednym z narzędzi obliczeniowych służącym do estymacji funkcji gęstości widmowej mocy sygnałów. Inaczej nazywana uśrednionym zmodyfikowanym periodogramem. Wykorzystuje się w niej związek pomiędzy funkcją gęstości widmowej mocy, a periodogramem. Metoda Welcha sprowadza się do uśrednienia kilku zmodyfikowanych periodogramów [364]. Algorytm procedury Welch'a możemy przedstawić w następujących krokach [35]:

Algorytm 3.1: Procedura Welch'a

- 1 Sygnał o długości N jest dzielony na segmenty, każdy o długości N_s . Odcinki mogą na siebie zachodzić na N_z punktów. Czyli są względem siebie przesunięte o $N_p = N_s - N_z$;
- 2 Z każdego segmentu liczony jest okienkowany periodogram;
- 3 Periodogramy są sumowane;
- 4 Wynik dzielony jest przez efektywne wykorzystanie każdego kawałka sygnału w estymacji:

$$K_{eff} = \frac{\text{długość okna} \cdot \text{ilość okien}}{\text{długość sygnału}};$$

Periodogram – to wykres (diagram), który pokazuje najważniejsze okresowe regularności występujące w sygnale. Piki na diagramie odpowiadają okresom (cyklom) które najbliżej korelują z danymi. Metoda periodogramu jest jedną z nieparametrycznych metod używaną do estymacji widmowej gęstości mocy [3]. Ponieważ klasyczne metody estymacji widmowej gęstości mocy nie są zgodnymi estymatorami (nie dążą do wartości prawdziwych przy wzroście liczby próbek N), w praktyce stosuje się metody które pomijają etap estymacji funkcji i umożliwiają estymację widma bezpośrednio z ciągu próbek $x(n)$ poddawanych *dyskretnemu przekształceniu Fouriera (DFT)*. Obliczanym w ten sposób estymatorem widma mocy jest periodogram zdefiniowany jako [9].:

$$I_N(\Omega_m) = \hat{P}_{xx}(\Omega_m) = \frac{1}{N} |X(e^{j\Omega_m})|^2 \quad (3.6)$$

gdzie:

$$X(e^{j\Omega_m}) = DFT[x(n)],$$

$$\hat{P}_{xx}(\Omega_m) - \text{widmowa gęstość mocy,}$$

N – liczba próbek sygnału.

Estymacja widmowa mocy metodami cyfrowymi sprowadza się do wyznaczenia (najczęściej za pomocą algorytmu szybkiej transformaty Fouriera - FFT) periodogramu ciągu próbek: $x(n), n = 0, 1, \dots, N-1$, dla skończonego zbioru pulsacji: $\Omega_m = \frac{2\pi m}{N}, m = 0, 1, \dots, N-1$. Tak otrzymany periodogram jest również estymatorem niezgodnym PSD i o dużej wariancji, w celu otrzymania zgodnego estymatora PSD, czyli zmniejszenia wariancji estymacji przy wzroście liczby próbek N (wygładzenia widma), stosuje się uśrednianie pewnej liczby niezależnych periodogramów. To rozwiązanie niestety ma wadę polegającą na pogorszeniu rozdzielczości częstotliwościowej estymaty ze względu na krótsze segmenty danych. W celu wyeliminowania tego efektu stosuje się modyfikację, nazywaną *metodą Welch'a*, polegającą na nałożeniu na segmenty danych przed obliczaniem periodogramów okna czasowego (np. okna Hamminga) [9].

Dyskretną transformatę Fouriera – nazywana również dyskretnym przekształceniem Fouriera (ang. Discrete Fourier Transform - DFT). Transformacja Fouriera służy do rozkładu sygnału na przebiegi sinusoidalne i kosinusoidalne, a co za tym idzie na przetransformowanie sygnału z dziedziny czasu do dziedziny częstotliwości. Odpowiednikiem transformacji Fouriera dla sygnałów dyskretnych (cyfrowych) i okresowych jest dyskretna transformacja Fouriera

[297]. Oblicza się ją ze wzoru:

$$X(k) = \sum_{n=0}^{N-1} x(n) \cdot e^{-j \cdot \frac{2 \cdot \pi \cdot n \cdot k}{N}} \quad (3.7)$$

gdzie:

$x(n)$ – jest n -tą próbką sygnału dyskretnego,

k – jest numerem prążka (numerem składowej częstotliwościowej); $k = 0, \dots, N - 1$,

N – liczba próbek sygnału.

W wyniku przekształcenia otrzymujemy N dyskretnych prążków $X(k)$. Innymi słowy, liczba składowych częstotliwościowych otrzymanych w wyniku przekształcenia jest równa liczbie próbek sygnału, na którym stosowane jest przekształcenie [29].

Okno Hamminga - jest jedną z funkcji opisujących okno czasowe, determinującą sposób pobierania próbek z sygnału. Zastosowanie okna czasowego na sygnale $x(i)$ przy założeniu, że sygnał $x(i)$ jest obserwowany w skończonym przedziale czasu możemy wyrazić wzorem [25]:

$$g(n) = x(n) \cdot w(n) \quad (3.8)$$

gdzie:

n – indeks kolejnych próbek sygnału,

$x(n)$ – analizowany sygnał,

$w(n)$ – funkcja okna.

Od postaci funkcji okna zależą różnice pomiędzy widmem sygnału obserwowanego $x(n)$, a widmem wyniku obserwacji $g(n)$. Istnieje wiele zdefiniowanych funkcji okna [25], jednym z nich jest okno Hamminga wyrażone wzorem [297]:

$$w(n) = 0,54 - 0,46 \cdot \cos\left(\frac{2\pi n}{N-1}\right) \quad (3.9)$$

gdzie:

n – indeks kolejnych próbek sygnału; $-\infty < n < \infty$,

N – liczba próbek sygnału.

ZLOGARYTMOWANIE SYGNAŁÓW - jest formą normalizacji cech/atrybutów sygnałów wchodzących na wejścia klasyfikatorów, w celu ujednolicenia ich zakresów zastosowano zlogarytmowanie otrzymanych po DFT sygnałów logarytmem o podstawie 10, zgodnie ze wzorem:

$$x(n) = 10 \cdot \log_{10}(P_{xx}(n)) \quad (3.10)$$

gdzie:

n – indeks kolejnych próbek sygnału,

$x(n)$ – zlogarytmowany sygnał,

$P_{xx}(n)$ – widmowa gęstość mocy.

3.2.3. Selekcja cech

Selekcja cech sygnału ma na celu zredukowanie danych (a co za tym idzie przyspieszenie obliczeń) oraz wydobyć i wzmocnić charakterystycznych cech sygnału poprzez zredukowanie cech które przenoszą nadmiarowe i błędne informacje. W teorii odpowiednie wytrenowanie klasyfikatorów powinno odnieść taki sam skutek w postaci zredukowania lub wyzerowania wag odpowiadających cechom przenoszącym błędne lub nadmiarowe informacje. W praktyce, tak idealne wytrenowanie klasyfikatorów jest bardzo trudne i czasochłonne dlatego zastosowanie selekcji cech w zdecydowany sposób przyspiesza trening klasyfikatorów oraz zwiększa ich efektywność.

W niniejszej pracy do selekcji cech zastosowano algorytm genetyczny, w którym geny w populacji osobników oznaczają kolejne pojedyncze cechy/atraktyby sygnału wchodzące na wejścia klasyfikatorów. Geny mogą przyjmować wartości:

- 0 – oznaczające odrzucenie danej cechy lub
- 1 – oznaczające pozostawienie danej cechy.

Dzięki takiej konstrukcji algorytm genetyczny, tworząc kolejne populacje osobników, na podstawie funkcji dopasowania, optymalizuje działanie klasyfikatorów poprzez wyselekcjonowanie najwartościowszych cech sygnału EKG.

Szczegółowy opis algorytmów genetycznych wraz z parametrami i schematem, dla poszczególnych eksperymentów, przedstawiono w rozdziale nr 4. Natomiast poniżej przedstawiono opis teoretyczny algorytmu genetycznego.

ALGORYTM GENETYCZNY

[284, 2, 152, 1]

„Algorytmy genetyczne (ang. genetic algorithm - GA) stanowią wzorowaną na naturalnej ewolucji metodę rozwiązywania problemów, głównie zagadnień optymalizacyjnych. GA są procedurami przeszukiwania opartymi na mechanizmach doboru naturalnego i dziedziczenia. Korzystają z ewolucyjnej zasady przeżycia osobników najlepiej przystosowanych. Od tradycyjnych metod optymalizacji różnią je następujące elementy” [284]:

- „nie przetwarzają bezpośrednio parametrów zadania, lecz ich zakodowaną postać,
- prowadzą przeszukiwanie, wychodząc nie z pojedynczego punktu, lecz z pewnej ich populacji,
- korzystają tylko z funkcji celu, nie zaś z jej pochodnych lub innych pomocniczych informacji,
- stosują probabilistyczne, a nie deterministyczne reguły wyboru.

Te cechy składają się w efekcie na odporność algorytmu ewolucyjnego i wynikającą z niej przewagę nad tradycyjnymi technikami” [284].

Algorytmy ewolucyjne korzystają z określeń zapożyczonych z genetyki. Poniżej wyjaśniono najważniejsze pojęcia [284]:

- **Populacja** – zbiór osobników o określonej liczebności
- **Osobnik** populacji (organizm) – w algorytmach genetycznych, zakodowany w postaci chromosomów zbiór parametrów zadania, czyli rozwiązania, określony też jako punkty przestrzeni poszukiwań (ang. *search point*)

- **Chromosom** (łańcuch, ciąg kodowy) – uporządkowany ciąg genów
- **Gen** (cecha, znak, detektor) – stanowi pojedynczy element genotypu, w szczególności chromosomu
- **Pokolenie** – pojedyncza iteracja algorytmu
- **Generacja** – nowo utworzona populacja osobników (nowe pokolenie – pokolenie potomków)
- **Rodzice** – osobniki z poprzedniego (starego) pokolenia
- **Dzieci (potomkowie)** – osobniki z bieżącego (nowego) pokolenia
- **Reprodukcja** – tworzenie nowej populacji
- **Rekombinacja** – zastosowanie operatorów genetycznych (np. krzyżowania, mutacji)
- **Funkcja przystosowania** (ang. *fitness function*) „nazywana też funkcją dopasowania, funkcją oceny lub funkcją celu odgrywa bardzo ważną rolę w algorytmach ewolucyjnych. Funkcja ta jest niezwykle istotna, gdyż pozwala ocenić stopień przystosowania (dopasowania) poszczególnych osobników w populacji i na tej podstawie wybrać osobniki najlepiej przystosowane (o największej wartości funkcji przystosowania), zgodnie z ewolucyjną zasadą przetrwania „najsilniejszych” (najlepiej przystosowanych). W zagadnieniach optymalizacji funkcją przystosowania jest zwykle optymalizowana funkcja (ściślej mówiąc maksymalizowana funkcja), nazywana funkcją celu. W zagadnieniach minimalizacji przekształca się funkcję celu, sprowadzając problem do zagadnienia maksymalizacji. W algorytmie ewolucyjnym, w każdej jego iteracji, ocenia się przystosowanie każdego osobnika danej populacji za pomocą funkcji przystosowania i na tej podstawie tworzy się nową populację osobników, stanowiących zbiór potencjalnych rozwiązań problemu, np. zadania optymalizacji” [284].

Działanie klasycznego algorytmu genetycznego możemy przedstawić w postaci następujących kroków [284]:

Inicjacja – „czyli wybór (utworzenie) początkowej populacji osobników, polega na losowym wyborze żądanej liczby osobników (chromosomów) reprezentowanych przez ciągi binarne o określonej długości” [284].

Ocena przystosowania osobników w populacji – „polega na obliczeniu wartości funkcji przystosowania dla każdego osobnika z danej populacji. Im większa jest wartość tej funkcji tym lepsza jest „jakość” rozwiązania reprezentowanego przez danego osobnika. Zakłada się, że funkcja przystosowania przyjmuje zawsze wartości nieujemne, a ponadto, że rozwiązywany problem optymalizacji jest problemem poszukiwania maksimum tej funkcji (problem minimum można łatwo sprowadzić do problemu maksimum)” [284].

Sprawdzenie warunku zatrzymania – „określa warunek zatrzymania algorytmu genetycznego, zależy od konkretnego zastosowania tego algorytmu. Zatrzymanie algorytmu może nastąpić po uzyskaniu żądanej wartości optymalnej, po upływie określonego czasu działania, po określonej liczbie generacji lub jeśli dalsze jego działanie nie poprawia już uzyskanej najlepszej wartości. Jeżeli warunek zatrzymania jest spełniony, następuje przejście do ostatniego kroku, czyli wyprowadzenia „najlepszego” osobnika. Jeżeli nie, to następnym krokiem jest selekcja” [284].

Selekcja osobników – „polega na wybraniu, na podstawie obliczonych wartości funkcji przystosowania, tych osobników, które będą brały udział w tworzeniu potomków do następnego pokolenia, czyli następnej generacji. Wybór ten odbywa się zgodnie z zasadą naturalnej selekcji, tzn. największe szanse na udział w tworzeniu nowych osobników mają osobniki o największej wartości funkcji przystosowania. Istnieje wiele metod selekcji, niektóre z nich zostaną omówione w dalszej części rozdziału” [284].

Zastosowanie operatorów genetycznych (rekombinacja) – „utworzenie nowej populacji polega na zastosowaniu operatorów genetycznych do osobników wybranych metodą selekcji, jest to populacja potomków otrzymana z populacji rodziców. W klasycznym algorytmie genetycznym stosuje się dwa podstawowe operatory genetyczne: operator krzyżowania (ang. crossover) oraz operator mutacji (ang. mutation). Należy jednak zaznaczyć, że operator mutacji odgrywa zdecydowanie drugoplanową rolę w stosunku do operatora krzyżowania. Oznacza to, że krzyżowanie w klasycznym algorytmie genetycznym występuje prawie zawsze, podczas gdy mutacja dość rzadko (analogicznie do świata organizmów żywych). W algorytmie genetycznym mutacja osobnika może być dokonywana na populacji rodziców przed operacją krzyżowania lub na populacji potomków utworzonych w wyniku krzyżowania” [284].

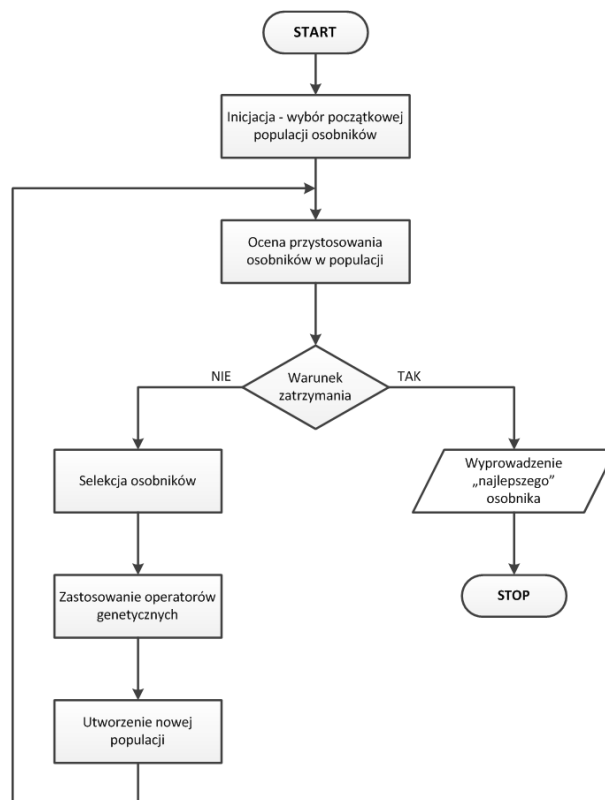
Utworzenie nowej populacji – „osobniki otrzymane w wyniku działania operatorów genetycznych wchodzi w skład nowej populacji. Populacja ta staje się tzw. populacją bieżącą dla danej generacji algorytmu genetycznego. W każdej kolejnej generacji oblicza się wartość funkcji przystosowania każdego z osobników tej populacji. Następnie sprawdza się warunek zatrzymania algorytmu i albo wyprowadza się wynik w postaci osobnika o największej wartości funkcji przystosowania, albo przechodzi się do kolejnego kroku algorytmu genetycznego – selekcji. W klasycznym algorytmie genetycznym cała poprzednia populacja osobników zastępowana jest przez tak samo liczną nową populację osobników” [284].

Wyprowadzenie „najlepszego” osobnika – „jeżeli spełniony jest warunek zatrzymania algorytmu genetycznego, należy wyprowadzić wynik działania algorytmu, czyli podać rozwiązanie problemu. Najlepszym rozwiązaniem jest osobnik o największej wartości funkcji przystosowania” [284].

Na rysunku nr 3.38 przedstawiono schemat blokowy funkcjonowania klasycznego algorytmu genetycznego.

„Podczas selekcji, osobniki o lepszym przystosowaniu są powielane do nowej populacji z większym prawdopodobieństwem niż osobniki gorzej przystosowane. Dzięki tej operacji algorytm ewolucyjny ma tendencję podążania w kierunku lepszych rozwiązań. Ta zdolność poprawiania średniej wartości przystosowania populacji rodzicielskiej nazywa się naciskiem selektywnym” [284].

„Nacisk selektywny jest ściśle powiązany z zależnością pomiędzy eksploracją, a eksploatacją przestrzeni poszukiwań. Mówimy tu o dwóch skrajnych przypadkach, gdy z jednej strony algorytm ewolucyjny dokonuje eksploracji, czyli przeszukiwania całej przestrzeni rozwiązań w celu przybliżenia się do globalnego punktu będącego rozwiązaniem problemu. Drugim skrajnym przypadkiem jest eksploatacja, czyli poruszanie się po fragmencie przestrzeni w pobliżu globalnego rozwiązania. Eksplorację osiągamy



Rysunek 3.38: Schemat blokowy funkcjonowania klasycznego algorytmu genetycznego [257]

poprzez zmniejszenie nacisku selektywnego. Wybierane są osobniki nie najlepiej przystosowane, ale mogące w przyszłości przybliżyć nas do optymalnego rozwiązania. Eksploatację natomiast uzyskujemy przez zwiększenie nacisku selektywnego, gdyż osobniki przechodzące do następnej populacji mają wartości coraz bliższe oczekiwanego, choć niekoniecznie globalnego rozwiązania. Wpływ na eksplorację i eksploatację mają także inne parametry algorytmu ewolucyjnego. Zwiększenie prawdopodobieństwa mutacji i krzyżowania powoduje większą różnorodność osobników, co jak się domyślamy, prowadzi do poszerzenia obszaru poszukiwań i zapobiega przedwczesnej zbieżności. Zmniejszenie tych prawdopodobieństw w konsekwencji przyczynia się do tworzenia osobników coraz bardziej podobnych do siebie. Poniżej zostały przedstawione najważniejsze parametry algorytmów ewolucyjnych” [284].

Najważniejszymi parametrami wpływającymi na skuteczność algorytmu genetycznego są [284]:

- Metody selekcji
 - Metoda koła ruletki
 - Selekcja rankingowa
 - Selekcja turniejowa
 - Selekcja progowa
 - Selekcja stłoczenia
- Skalowanie funkcji przystosowania
 - Skalowanie liniowe
 - Obcinanie typu sigma
 - Skalowanie potęgowe

- Skalowanie rankingowe
- Szczególne procedury reprodukcji:
 - Strategia elitarna
 - Algorytm genetyczny z częściową wymianą populacji
- Metody kodowania
 - Binarne
 - Kod Graya
 - Logarytmiczne
- Operatory genetyczne
 - Krzyżowanie
 - * Jednopunktowe
 - * Dwupunktowe
 - * Wielopunktowe
 - * Równomierne
 - * Pośrednie
 - * Rozsiane
 - Mutacja
 - * Dla kodowania binarnego
 - * Dla kodowania liczbami zmiennoprzecinkowymi
 - * Jednolita
 - Inwersja

3.2.4. Walidacja krzyżowa

Metody doboru elementów do zbiorów uczących i testowych możemy podzielić na cztery następujące rodzaje [191]:

- **metoda resubstytucji** (ang. *resubstitution*) – wszystkie dane są wykorzystane do stworzenia zbioru uczącego oraz zbioru testowego, reasumując klasyfikator jest uczony i testowany na tych samych danych co skutkuje skrajnie optymistycznymi wynikami;
- **metoda wydzielania** (ang. *hold-out*) – inaczej 2-krotna walidacja krzyżowa (ang. *2-fold cross-validation*) najprostszy wariant walidacji k -krotnej (ang. *k-fold*), w której wszystkie dane dzielone są (na pół) na dwa zbiory o takiej samej liczebności, jeden z tych zbiorów jest zbiorem uczącym, a drugi testowym;
- **metoda k -krotnej walidacji krzyżowej** (ang. *k-fold cross-validation*) – procedura polega na wyborze liczby całkowitej k , a następnie na losowym podziale wszystkich danych (bez powtórzeń) na k -podzbiorów o równej liczbie elementów. Następnie używamy jednego z podzbiorów jako zbiór testowy, a resztę ($k - 1$) jako zbiory uczące. Całą procedurę powtarzamy k -razy za każdym razem wybierając inny podzbiór jako zbiór testowy. Ostateczny wynik jest średnią z k -kombinacji zbiorów. Gdy k jest równe liczbie wszystkich elementów (danych) metoda ta nosi nazwę **walidacji minus jednego elementu** (ang. *leave-one-out*);

- **metoda *bootstrap*** – polega na wygenerowaniu l kombinacji (zestawów) zbiorów uczących i testowych poprzez losowy dobór elementów z powtórzeniami z całego zbioru danych (elementów). Ostateczny wynik jest średnią z l -kombinacji zbiorów.

Autor w niniejszej pracy zastosował metodą *k-krotnej walidacji krzyżowej* do doboru elementów do zbiorów uczących i testowych, opisaną szczegółowo poniżej.

Celem zastosowania metody walidacji krzyżowej było wyeliminowanie efektu przeuczenia projektowanych klasyfikatorów, zwiększenie efektu generalizowania wiedzy (uniwersalności) oraz zwiększenie miarodajności uzyskanych wyników. W ramach eksperymentu, w celu stworzenia zbiorów uczących i testowych, zastosowano dwa rodzaje walidacji krzyżowej:

- 4-krotny sprawdzian krzyżowy: polegający na stworzeniu 4 kombinacji zbiorów uczących i testowych. Pierwsze 3 kombinacje zawierały w zbiorze uczącym po 523 elementy, a w zbiorze testowym po 221 elementów, natomiast w 4 kombinacji zbiór uczący składał się z 663 elementów, a zbiór testowy z 81 elementów. Zbiory testowe dla pierwszych 3 grup stworzono poprzez 3-krotne dobieranie co trzeciego elementu z całej bazy sygnałów, natomiast zbiór testowy dla 4 grupy utworzyły pozostałe elementy. Zbiory uczące składały się z elementów będących dopełnieniem do zbiorów testowych dla całej bazy sygnałów.
- 10-krotny sprawdzian krzyżowy: polegający na stworzeniu 10 kombinacji zbiorów uczących i testowych. Pierwsze 9 kombinacje zawierały w zbiorze uczącym po 675 elementów, a w zbiorze testowym po 69 elementów, natomiast w 10 kombinacji zbiór uczący składał się z 621 elementów, a zbiór testowy ze 123 elementy. Zbiory testowe dla pierwszych 9 grup stworzono poprzez 9-krotne dobieranie co dziesiątego elementu z całej bazy sygnałów, natomiast zbiór testowy dla 10 grupy utworzyły pozostałe elementy. Zbiory uczące składały się z elementów będących dopełnieniem do zbiorów testowych dla całej bazy sygnałów.

Macierze pomyłek dla obydwu wariantów walidacji krzyżowej dla zbiorów uczących i testowych nie zostały przedstawione w rozprawie ze względu na ich oczywistą formę. Macierze pomyłek dla systemów SVM i kNN są wektorami liczb całkowitych z oczekiwaną odpowiedzią na wyjściach klasyfikatorów od 1 do 17 odpowiadającą danej klasie/zaburzeniu. Natomiast dla sieci neuronowych PNN i RBFNN macierze z oczekiwanymi odpowiedziami są 17 wymiarowe, kolejne wymiary odpowiadają wyjściom sieci. Jeżeli na odpowiednim wyjściu jest odpowiedź równa 1 (lub zbliżona do tej wartości) oznacza to, że sygnał wejściowy odpowiada danej klasie/zaburzeniu, natomiast na pozostałych wyjściach odpowiedź jest równa 0 co oznacza, że pozostałe klasy/zaburzenia nie powinny być rozpoznane).

W tabeli nr 3.3 przedstawiono bazę analizowanych sygnałów EKG z uwzględnieniem pacjentów oraz zaburzeń serca (Legenda: Pac. - liczba pacjentów, FS - liczba Fragmentów Sygnału EKG, PRZ - Prawidłowy Rytm Zatokowy, PPP - Pobudzenia Przedwczesne Przedsionkowe, TP - Trzepotanie Przedsionków, MP - Migotanie Przedsionków, CN - Częstoskurcz Komorowy, WPW - Zespół WPW, PPK - Pobudzenia Przedwczesne Komorowe, B - Bigeminia, T - Trigemini, CK - Częstoskurcz Komorowy, RI - Rytm Idioventrykularny, TK - Trzepotanie Komór, F - Fuzja Przedwczesnych Pobudzeń Komorowych i Zatokowych, BIL - Blok I Stopnia Lewej Odnogi Pęczka Hisa, BIP - Blok I Stopnia Prawej Odnogi Pęczka Hisa, BII - Blok II Stopnia, RR - Rytm z Rozrusznika). Natomiast tabela nr 3.4 przedsta-

wia dokładny przydział fragmentów sygnału EKG (z uwzględnieniem zaburzeń) do zbiorów uczących i testowych dla 4-krotnego i 10-krotnego sprawdzianu krzyżowego (dla wszystkich grup walidacyjnych).

Tablica 3.3: Baza analizowanych sygnałów EKG z uwzględnieniem pacjentów oraz klas.

Klasa	Numer pacjenta z bazy MIT-BIH Arrhythmia / liczba fragmentów sygnału EKG																												Suma		
	100	101	103	105	106	107	108	109	111	112	113	114	115	118	119	201	202	205	207	208	209	210	212	213	222	223	230	231	234	Pac.	FS
PRZ	10	11	10	14	19		21			18	11	21	23			1	13				9		12							14	193
PPP	5	2	1							2		4					5				35		4							8	58
TP																	4							13						2	17
MP																14	45					34								3	93
CN																			1		6								4	3	11
WPW																										21				1	21
PPK	1			14	15		3					28				6	6				1		4							9	78
B					29										1								1			13				4	44
T															2	6				4						1				4	13
CK					1													1								8				3	10
RI																			10											1	10
TK																			10											1	10
F												2					2							7						3	11
BIL								53	35																					2	88
BIP														20									27							2	47
BII																											10			1	10
RR						30																								1	30

Tablica 3.4: Przydział elementów (fragmentów sygnału EKG) do zbiorów uczących i testowych dla 4-krotnego i 10-krotnego sprawdzianu krzyżowego.

Nr	Klasa	Fragmenty sygnałów	4-krotna walidacja krzyżowa				10-krotna walidacja krzyżowa			
			Grupy 1-3		Grupa 4		Grupy 1-9		Grupa 10	
			Zbiór uczący	Zbiór testowy	Zbiór uczący	Zbiór testowy	Zbiór uczący	Zbiór testowy	Zbiór uczący	Zbiór testowy
1	Prawidłowy rytm zatokowy	193	135	58	174	19	174	19	171	22
2	Pobudzenia przedwczesne przedsionkowe	58	41	17	51	7	53	5	45	13
3	Trzepotanie przedsionków	17	12	5	15	2	16	1	9	8
4	Migotanie przedsionków	93	65	28	84	9	84	9	81	12
5	Częstoskurcz komorowy	11	8	3	9	2	10	1	9	2
6	Zespół WPW	21	15	6	18	3	19	2	18	3
7	Pobudzenia przedwczesne komorowe	78	55	23	69	9	71	7	63	15
8	Bigeminia	44	31	13	39	5	40	4	36	8
9	Trigeminia	13	9	4	12	1	12	1	9	4
10	Częstoskurcz komorowy	10	7	3	9	1	9	1	9	1
11	Rytm idiowentrikularny	10	7	3	9	1	9	1	9	1
12	Trzepotanie komór	10	7	3	9	1	9	1	9	1
13	Fuzja p. pobudzeń komorowych i zatokowych	11	8	3	9	2	10	1	9	2
14	Blok I stopnia lewej odnogi pęczka Hisa	88	62	26	78	10	80	8	72	16
15	Blok I stopnia prawej odnogi pęczka Hisa	47	33	14	42	5	43	4	36	11
16	Blok II stopnia	10	7	3	9	1	9	1	9	1
17	Rytm z rozrusznika	30	21	9	27	3	27	3	27	3
Suma		744	523	221	663	81	675	69	621	123

Ważnym aspektem na który należy zwrócić uwagę jest niezrównoważona liczba fragmentów sygnału EKG w poszczególnych klasach, wahająca się od 193 do 10 fragmentów. Z tego względu należało odpowiednio rozdzielić elementy do zbiorów uczących i testowych. Autor przyjął podział procentowy po około 25% elementów w każdym zbiorze testowym dla 4-krotnego sprawdzianu krzyżowego oraz po około 10% elementów w każdym zbiorze testowym dla 10-krotnego sprawdzianu krzyżowego. Jednak

nawet przy takim rozwiązaniu trening klasyfikatorów był utrudniony, a ryzyko przeuczenia podwyższone.

Podsumowując, autor zastosował dwie metody walidacji krzyżowej (4-krotna i 10-krotna), jednak lepsze efekty uzyskano dzięki metodzie 10-krotnej walidacji krzyżowej, która miała na celu odwzorowanie (na przygotowanej przez autora „małej” bazie danych) schematu zorientowanego na pacjenta. Pożądany efekt uzyskano dla klas dla których sygnały EKG pochodziły od większej liczby pacjentów dla których trening i testowanie przebiegało na różnych pacjentach. Z kolei odpowiednio, proporcjonalnie, dobrana liczba fragmentów sygnału EKG dla poszczególnych klas (wahająca się od 1.21% do 23.39%) zapobiegła wzmocnieniu efektu przeuczenia (w porównaniu z proponowanym schematem walidacji zorientowanym na pacjenta, tabela nr 2.7, gdzie liczba elementów w klasach waha się od 0.02% do 89.90%)

3.2.5. Algorytmy uczenia maszynowego

[310, 309, 312]

Niezwyczajnie ważnym aspektem w problematyce klasyfikacji jest zastosowanie odpowiednich algorytmów rozpoznawania wzorców (ang. *Pattern Recognition*). W niniejszej pracy zostały wykorzystane jedynie klasyfikatory z uczeniem nadzorowanym (ang. *supervised learning*). Jest to podejście w którym oprócz zbioru obiektów które mamy rozpoznawać (fragmentów sygnału EKG), dysponujemy również podzbiorem, w którym zdeterminowane jest przypisanie obiektów (fragmentów sygnału EKG) do poszczególnych klas (zaburzeń serca).

„Dziedzina nauki zajmująca się automatyczną klasyfikacją jest rozwijana od kilkudziesięciu lat. W tym czasie opracowano niezliczone metody klasyfikacji różniące się podejściem do problemu, złożonością obliczeniową, szybkością, czy też skutecznością” [88]. Jest ich zbyt wiele, żeby je wszystkie tutaj omawiać, z tego względu w niniejszej pracy zostaną przedstawione jedynie algorytmy klasyfikacji wykorzystane przez autora.

„Możemy wyróżnić dwa podejścia do problemu klasyfikacji: podejście generatywne i dyskryminatywne. W pierwszym z nich podchodzimy do zadania klasyfikacji próbując zbudować model obejmujący całość problemu. W drugim interesuje nas jedynie możliwość separacji klas. Założmy, że nasze zadanie polega na rozpoznaniu tekstu napisanego w nieznanym języku. Podejście generatywne będzie polegało na nauczaniu się wszystkich języków i na podstawie tej wiedzy odpowiednie zaklasyfikowanie tekstu. Podejście dyskryminatywne będzie polegało na skupieniu się jedynie na różnicach lingwistycznych pomiędzy językami” [88].

„W literaturze spotyka się pogląd, że w wielu dziedzinach klasyfikatory dyskryminatywne są bardziej efektywne niż klasyfikatory generatywne [256]. Niemniej jednak klasyfikatory generatywne mają wiele zalet, które pozwalają im konkurować z podejściem dyskryminatywnym, zwłaszcza gdy zbiór uczący jest mało liczny. W pracy [236] pokazano na przykład, że prosty klasyfikator generatywny (Naiwny Bayes) przewyższa swojego dyskryminatywnego odpowiednika (regresję logistyczną), gdy ilość próbek w zbiorze uczącym jest mała” [88].

Poniżej przedstawiono przykłady klasyfikatorów [88, 23, 22]:

- Klasyfikatory generatywne
 - naiwny klasyfikator Bayesa,
 - analiza dyskryminacyjna (QDA, LDA, RDA),
 - ukryte modele Markova (HMM),
 - sieci Bayesowskie (PNN, RBFNN),
 - restrykcyjna maszyna Boltzmana,
 - model mikstury Gaussa.
- Klasyfikatory dyskryminacyjne
 - maszyna wektorów nośnych (SVM),
 - sieci neuronowe (FF, MLP, RNN),
 - metody najbliższych sąsiadów (kNN),
 - warunkowe pola losowe (CRF, HCRF),
 - boosting,
 - regresja logistyczna i liniowa.

Autor w niniejszej dysertacji zastosował algorytmy uczenia maszynowego w tym metody inteligencji obliczeniowej. Uczenie maszynowe (ang. *machine learning*) jest dziedziną wchodzącą w skład nauk zajmujących się problematyką sztucznej inteligencji. Głównym jej celem jest praktyczne zastosowanie dokonań w dziedzinie sztucznej inteligencji do stworzenia automatycznego systemu potrafiącego doskonalić się przy pomocy zgromadzonego doświadczenia (danych) i nabywania na tej podstawie nowej wiedzy. Uczenie się może być rozpatrywane jako konkretyzacja algorytmu czyli dobór parametrów, nazywanych wiedzą lub umiejętnością. Służy do tego wiele typów metod pozyskiwania wiedzy oraz sposobów reprezentowania wiedzy. Jedną z gałęzi uczenia maszynowego jest inteligencja obliczeniowa (ang. *computational intelligence*), której głównymi heurystycznymi metodami są: sztuczne sieci neuronowe, systemy oparte na logice rozmytej oraz obliczenia ewolucyjne. Metody inteligencji obliczeniowej powstały na bazie inspiracji biologicznych.

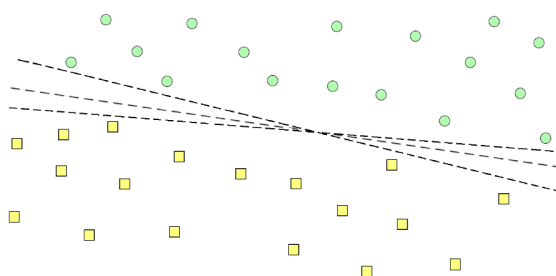
Autor wykorzystał klasyczne metody oraz zaproponował ich nowatorskie modyfikacje. Największy nacisk został położony na zespoły klasyfikatorów oraz metody uczenia głębokiego (ang. *deep learning*) które autor modyfikował. Poniżej zostały przedstawione oraz teoretycznie omówione klasyfikatory zastosowane w pracy autora.

POJEDYNCZE ALGORYTMY UCZENIA MASZYNOWEGO:

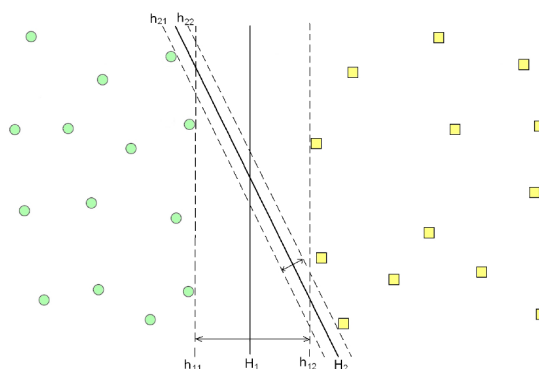
Maszyna wektorów nośnych (ang. *Support Vector Machine* (SVM)) [93, 82, 88] – jest to klasyfikator opracowany przez Vapnika, służył pierwotnie do klasyfikacji binarnej. „*Jest on z sukcesem stosowany w wielu dziedzinach. Dzięki swoim dobrym własnościom generalizacji pokonuje on wiele tradycyjnych podejść. Klasyfikator ten wykazuje lepszą, od innych klasyfikatorów, skuteczność klasyfikacji danych, zwłaszcza w przypadku małej ilości próbek w zbiorze uczącym*” [45, 88].

Do wytłumaczenia zasady działania algorytmu SVM, rozważmy najprostszy problem rozpoznawania dwóch klas. Problem ten polega na znalezieniu hiperpłaszczyzny oddzielającej elementy należące do obydwu klas. Hiperpłaszczyzn spełniających ten warunek jest nieskończenie wiele

(rysunku nr 3.39) jednak nam zależy na znalezieniu optymalnej. W tym celu algorytm najpierw znajduje wektory nośne znajdujące się na obrzeżach rozważanych klas, a następnie na ich podstawie wyznacza optymalną hiperpłaszczyznę, oddaloną od elementów obydwu klas (skrajnych wektorów) z maksymalnym (najszerszym) marginesem (rysunku nr 3.40).



Rysunek 3.39: Możliwe podziały przestrzeni cech [88].



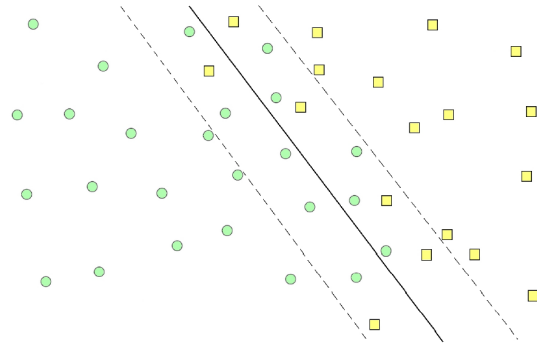
Rysunek 3.40: Hiperpłaszczyzny H_1 i H_2 dzielące przestrzeń z różnymi marginesami [88].

„Wektory nośne (wspierające) to wektory cech, które leżą na marginesach hiperpłaszczyzny. Jest to jedna z największych zalet tego podejścia, ponieważ do wyliczenia funkcji dyskryminacyjnej konieczne są tylko te wektory. Stanowią one zwykle tylko niewielką część ze wszystkich wektorów cech” [88].

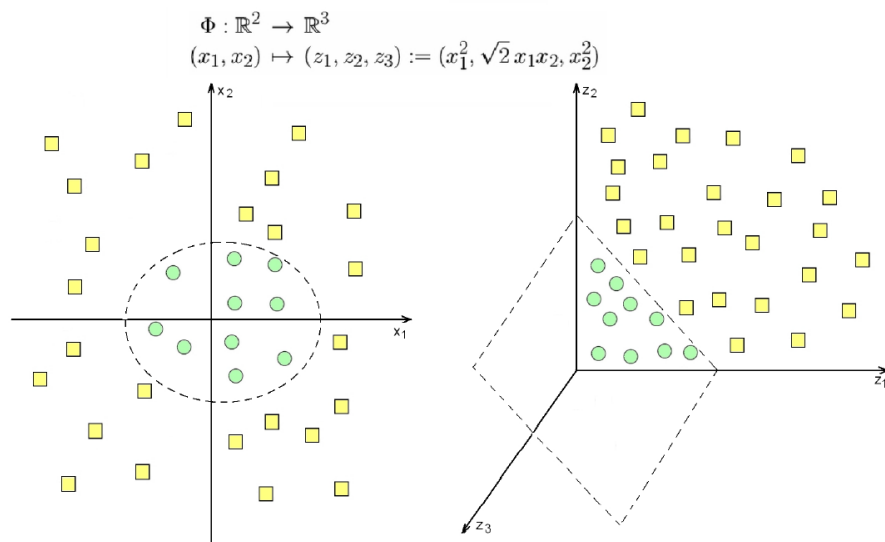
„W przypadku wielu problemów jest jednak mało prawdopodobne, aby udało się znaleźć hiperpłaszczyznę, która idealnie będzie oddzielała od siebie próbki dwóch klas. Aby poradzić sobie z takimi problemami wprowadza się hiperpłaszczyznę ze słabymi marginesami (ang. soft margins). Rozwiązanie takie pokazane jest na rysunku 3.41” [88].

„Te wszystkie działania nie przyniosą efektu jeśli nasz problem nie jest liniowo separowalny. Możemy jednak skorzystać z twierdzenia Covera, które mówi, że złożony problem klasyfikacyjny zrzucony nieliniowo na przestrzeń wielowymiarową ma większe prawdopodobieństwo być liniowo separowalny” [88].

„Rozwiązaniem zatem, jest przejście do przestrzeni o dużo większej ilości wymiarów, w której nasz problem będzie już liniowo separowalny 3.42” [88].



Rysunek 3.41: Podział przestrzeni cech z wykorzystaniem hiperpłaszczyzny ze słabymi marginesami. [88].



Rysunek 3.42: Przejście do przestrzeni cech o wyższej wymiarowości [88].

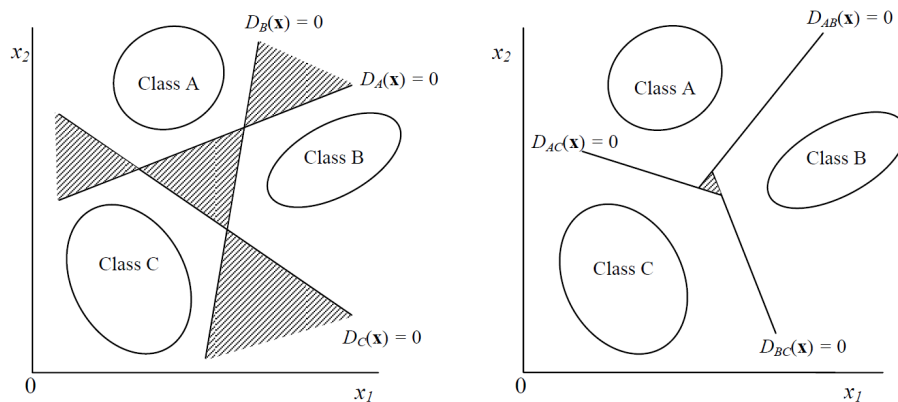
Skuteczność algorytmu SVM zależy do jego typu: C-SVC, nu-SVC, epsilon-SVR, nu-SVR oraz od rodzaju zastosowanej funkcji jądra. W literaturze [94, 294] możemy spotkać wiele różnych funkcji jądra SVM. Do najczęściej stosowanych należą:

- liniowa: $K(x_i, x) = X^T X_i$
- wielomianowa: $K(x_i, x) = (yx^T x + c^d)$
- radialna (RBF, ang. *Radial Basis Function*): $K(x_i, x) = -\gamma \|x - x_i\|^2, \gamma > 0$
- Gaussowska RBF: $K(x_i, x) = \exp(-\|x - x_i\|^2 / 2\sigma^2)$
- sigmoidalna: $K(x_i, x) = \tanh(yx^T x_i + c)$

Warto też wspomnieć, że klasyfikator SVM może być traktowany jako sieć neuronowa (sieć SVM) stosująca różne funkcje aktywacji i implementująca specjalny sposób uczenia sprowadzający się do programowania kwadratowego [241]. Sieć SVM należy do sieci jednokierunkowych i ma strukturę dwuwarstwową składającą się z warstwy ukrytej i wyjściowej.

Należy również zwrócić uwagę na fakt, że klasyfikator SVM został zaprojektowany do rozwiązywania problemów dwu-klasowych. Istnieją jednak rozwiązania umożliwiające za pomocą maszyny wektorów nośnych (SVM) rozpoznawanie większej liczby klas (rys. nr 3.43). Należą do nich techniki:

- jeden przeciw wszystkim (ang. *one versus all*),
- jeden przeciw jednemu (ang. *one versus one*), $\frac{k(k-1)}{2}$ klasyfikatorów, gdzie k jest liczbą klas,
- oraz ich kombinacje.



Rysunek 3.43: Rozpoznawanie wielu klas za pomocą SVM.

Probabilistyczna sieć neuronowa (PNN) [303, 34, 257] – stosowana do rozwiązywania problemów klasyfikacyjnych, wykorzystuje technikę aproksymacji jądrowej do estymacji funkcji gęstości prawdopodobieństwa dla klas.

Wartości wyjściowe sieci, są traktowane jako prawdopodobieństwa przynależności do klas. Sieć w trakcie uczenia w rzeczywistości, uczy się aproksymować funkcję gęstości prawdopodobieństwa reprezentowaną przez zgromadzone dane. W kontekście zagadnień klasyfikacyjnych, jeśli można wyznaczyć estymatory funkcji gęstości prawdopodobieństwa parametrów (zmiennych wejścio-

wych) dla możliwych klas, to można porównać wynikające z nich prawdopodobieństwa i wybrać jako rozwiązanie problemu klasę najbardziej prawdopodobną.

„Zbliżając się (w przestrzeni sygnałów wejściowych) do miejsca lokalizacji jednego z przypadków ciągu uczącego można mieć zaufanie do rosnącej gęstości prawdopodobieństwa, natomiast w większej odległości od jakiegokolwiek znanego przypadku poziom zaufania jest zdecydowanie mniejszy i zmniejsza się w miarę oddalania. W estymacji jądrowej, proste funkcje (tak zwane „jądrowe”) są lokowane w miejscu wystąpienia każdego dostępnego przypadku, a następnie są one dodawane w celu uzyskania estymatora łącznej funkcji gęstości prawdopodobieństwa. W typowych przypadkach, każda funkcja jądrowa jest funkcją Gaussowską (dzwonową)” [34].

„W sieci PNN występują przynajmniej trzy warstwy: wejściowa, radialna i wyjściowa. Neurony radialne mają parametry kopiowane bezpośrednio z danych uczących; każdy z nich odpowiada jednemu przypadkowi. Wygląda to w taki sposób, że każdy z neuronów radialnych modeluje funkcję Gaussa wycentrowaną nad „swoim” przypadkiem uczącym. Natomiast w warstwie wyjściowej każdej klasie odpowiada jeden neuron. Do każdego z tych neuronów wyjściowych docierają połączenia od tych neuronów radialnych, które zostały ustawione nad punktami (zestawami danych wejściowych) należącymi do danej klasy. Nie występują natomiast połączenia neuronów wyjściowych z innymi neuronami radialnymi. Neurony wyjściowe sumują więc po prostu wartości wyjściowe pojawiające się na wyjściach neuronów radialnych należących do klasy odpowiadającej danemu neuronowi wyjściowemu. Wartości wyjściowe neuronów wyjściowych, są więc proporcjonalne do estymatorów jądrowych funkcji gęstości prawdopodobieństwa dla różnych klas, i po zastosowaniu normalizacji zapewniającej ich sumowanie do jedności stanowią wprost oszacowania prawdopodobieństwa przynależności do poszczególnych klas” [34].

„Jedynym parametrem wpływającym na proces uczenia sieci typu PNN, jest współczynnik wygładzania. Współczynnik ten, reprezentujący odchylenie radialne odpowiednich funkcji Gaussowskich, jest miarą zasięgu oddziaływania „wiedzy” zawartej w przypadkach tworzących ciąg uczący na otaczające obszary przestrzeni sygnałów wejściowych. Współczynnik ten musi być określony w taki sposób, aby funkcje Gaussowskie zachodziły na siebie w „rozsądnym stopniu” - zbyt małe odchylenie powoduje, że aproksymacja jest bardzo szpiczasta, co uniemożliwia generalizację, zaś zbyt duża wartość tego współczynnika uniemożliwia prawidłowy opis szczegółów aproksymowanej funkcji rozkładu prawdopodobieństwa” [34].

„Zaletą omawianych sieci jest duża szybkość ich uczenia. Na proces uczenia tych sieci składa się bowiem w rzeczywistości wyłącznie kopiowanie przypadków uczących do odpowiednich neuronów sieci, co zgodnie z oczekiwaniami trwa bardzo krótko” [34].

„Największą wadą sieci typu PNN jest ich wielkość. Sieć tego typu musi bowiem zawierać w swojej strukturze neurony odpowiadające poszczególnym rozważanym przykładom, co powoduje, że w rzeczywistości w strukturze sieci odwzorowany jest cały zbiór uczący” [34].

Sieci PNN zaliczane są do tak zwanych sieci Bayesowskich.

Sieć neuronowa o radialnych funkcjach bazowych (RBFNN) [77, 34, 257] – dzieli przestrzeń sygnałów wejściowych przy użyciu okręgów lub (bardziej ogólnie) hypersfer (określanych przez ich środki i promienie). Jej neurony reagują (nieliniowo) na odległość punktów od „centrum”, które jest reprezentowane przez podlegające uczeniu parametry neuronu radialnego. Powierzchnia odpowiedzi pojedynczego neuronu radialnego ma charakter funkcji Gaussowskiej (dzwonowej), o wierzchołku położonym nad centrum i o malejącej wartości funkcji wraz z oddalaniem się od tego punktu. Można zmieniać nachylenie funkcji Gaussowskiej. Neuron radialny jest zdefiniowany przez swoje centrum oraz parametr określany jako „promień”. Punkt w przestrzeni N-wymiarowej jest definiowany przy użyciu N liczb, co dokładnie odpowiada liczbie wag neuronu. Promień (lub inaczej odchylenie radialne) jest przechowywany w neuronie jako tak zwana „wartość progowa”.

„Sieć RBF posiada zwykle jedną warstwę ukrytą, zawierającą neurony radialne, z których każdy modeluje Gaussowską powierzchnię odpowiedzi. Z uwagi na silnie nieliniowy charakter tych funkcji, zazwyczaj wystarcza jedna warstwa ukryta do zamodelowania funkcji o dowolnym kształcie. Warunkiem utworzenia przez sieć RBF skutecznego modelu dowolnej funkcji jest jednak zapewnienie w strukturze sieci dostatecznej liczby neuronów radialnych. Jeśli jest ich wystarczająco dużo, można do każdego istotnego szczegółu modelowanej funkcji przywiązać odpowiedni neuron radialny, co gwarantuje, że uzyskane rozwiązanie będzie odwzorowywało zadaną funkcję z całkowicie satysfakcjonującą wiernością. Warstwę wyjściową sieci stanowi ważona suma wartości funkcji Gaussowskich czyli liniowa kombinacja, wartości wyjściowych, ukrytych neuronów radialnych. Sieć RBF posiada więc warstwę wyjściową zawierającą neurony liniowe z liniową funkcją aktywacji” [34].

„Sieci RBF posiadają kilka zalet w porównaniu z sieciami typu MLP. Po pierwsze, jak już wcześniej stwierdzono, mogą one modelować dowolną funkcję nieliniową, za pomocą pojedynczej warstwy ukrytej, przez co eliminuje się konieczność podejmowania na etapie projektowania decyzji dotyczącej liczby warstw. Po drugie, prosta transformacja liniowa dokonywana w warstwie wyjściowej może być w całości zoptymalizowana przy użyciu tradycyjnych technik modelowania liniowego, które są szybkie co powoduje, że sieci RBF mogą być uczone w bardzo krótkim czasie (różnica w szybkości uczenia dotyczy rzędów wielkości)” [34].

„Inną cechą różnicującą działanie sieci RBF od sieci MLP jest inne podejście do modelowania przestrzeni. Model uzyskiwany w przypadku sieci RBF można określić jako „skupieniowy”, natomiast model uzyskiwany w przypadku sieci MLP można określić jako „płaszczyznowy”. Ta odmienność modeli ma swoje praktyczne konsekwencje” [34].

„Eksperymenty pokazują, że bardziej wyrafinowane kształty modelowanych funkcji i wyższe oczekiwania odnośnie dokładności odpowiedzi wymagają zastosowania w sieciach RBF większej liczby neuronów niż w sieciach MLP” [34].

„Podejście „skupieniowe” powoduje również, że sieci RBF nie mają skłonności do ekstrapolacji modelowanych zależności poza obszarem wyznaczonym znanymi danymi. Jeśli wprowadzone dane testowe są istotnie oddalone od danych uczących to odpowiedź sieci obniża się gwałtownie do

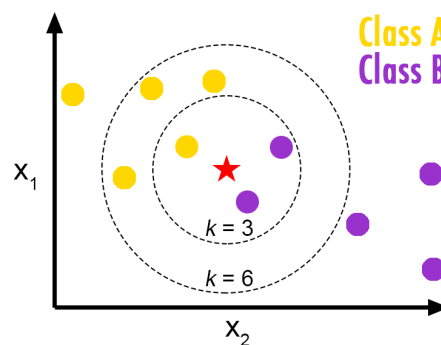
zera. W przeciwieństwie do tego, sieć MLP jest bardziej zdecydowana w swojej odpowiedzi nawet w przypadku użycia danych testowych daleko oddalonych od danych uczących” [34].

„Sieci RBF są również bardziej wrażliwe na „problem wymiarowości” i mają większe kłopoty jeśli liczba neuronów wejściowych jest duża” [34].

„Uczenie sieci RBF przebiega w kilku oddzielonych od siebie etapach. W pierwszej fazie wyznaczane są centra i odchylenia neuronów radialnych, następnie optymalizowana jest warstwa wyjściowa” [34].

Algorytm k-najbliższych sąsiadów (kNN) (ang. *k-Nearest Neighbour*) [57, 88] – najbardziej znany klasyfikator minimalno-odległościowy. „Metoda ta polega na przydzieleniu klasyfikowanej próbki do klasy najczęściej występującej wśród jej k -najbliższych sąsiadów, w sensie pewnej ustalonej miary odległości. Najczęściej stosowanymi miarami odległości są: metryka Euklidesowa (ang. Euclidean distance) lub metryka miejska (ang. Manhattan distance). Rzadziej stosowane, ze względu na wyższy koszt obliczeniowy, są metryki Czebyszewa czy Mahalanobis” [88].

Zasada działania tego klasyfikatora jest bardzo prosta. Została ona przedstawiona graficznie na rysunku nr 3.44. Testowana próbka czerwona gwiazda zostanie zakwalifikowana jako fioletowe koło w przypadku $k = 3$, natomiast gdy $k = 6$ czerwona gwiazda zostanie zakwalifikowana jako żółte koło, ponieważ w jej najbliższym sąsiedztwie (wyznaczonym za pomocą k) jest więcej tego typu obiektów.



Rysunek 3.44: Zasada działania klasyfikatora kNN [40].

„Oczywiście, w przypadku parzystej wartości k może się zdarzyć, że liczba sąsiadów z dwóch różnych klas będzie identyczna. Dlatego też najczęściej wybiera się nieparzystą wartość tego parametru. Rozwiązuje to problem tej samej liczby sąsiadów wyłącznie w przypadku problemu binarnego. Jeśli mamy do czynienia z większą ilością klas, to musimy inaczej rozwiązać ten problem. Przy równej liczbie sąsiadów możemy na przykład zakwalifikować obiekt do klasy, do której należy jego najbliższy sąsiad” [88].

„Proces uczenia klasyfikatora k -NN polega po prostu na doborze parametru k . W literaturze proponowano wiele różnych metod doboru tego parametru. Jednak najprostsze i najczęściej stosowane jest użycie metody walidacji krzyżowej” [88].

„Mimo swojej prostoty, metoda k -najbliższych sąsiadów osiąga bardzo dobre rezultaty w wielu zastosowaniach. Metoda ta daje szczególnie dobre wyniki w sytuacji, gdy mamy do czynienia z bardzo nieregularnymi granicami decyzyjnymi lub gdy próbki reprezentujące tę samą klasę skupiają się w rozłącznych obszarach przestrzeni cech” [88].

„Do zalet metody k -NN można zaliczyć wyjątkowo prosty proces uczenia się (polega on po prostu na wyborze parametru k), prostotę implementacji oraz asymptotyczną optymalność. Oznacza ona, że gdy liczność zbioru uczącego $n \rightarrow \infty$ i $k/n \rightarrow 0$, to metoda ta jest zbieżna do błędu Bayesa. Nie bez znaczenia jest także prostota implementacji tej metody jak i jej podatność na modyfikacje” [88].

„Metoda ta jednak ma też pewne wady. Jedną z nich jest wolny proces klasyfikacji. W przypadku każdej klasyfikowanej próbki przeglądamy cały zbiór uczący, aby obliczyć wszystkie odległości. Powoduje to, że klasyfikator działa tym wolniej im większy jest zbiór uczący. Jak łatwo zauważyć sam proces uczenia, choć bardzo prosty jest bardzo kosztowny obliczeniowo. Na przykład, aby wybrać optymalną wartość k musimy obliczyć $O(n^2)$ odległości” [88].

„Kolejną wadą jest również dość duża, w porównaniu z innymi podejściami, wrażliwość na zbędne cechy. Powoduje to konieczność stosowania algorytmów selekcji cech, które dodatkowo mogą wpływać na koszt uczenia się klasyfikatora. Nie bez znaczenia jest też konieczność pamiętania całego zbioru uczącego podczas procesu klasyfikacji” [88].

SYSTEMY HYBRYDOWE

Systemy hybrydowe wykorzystują co najmniej dwie metody sztucznej inteligencji, które współpracując ze sobą potrafią zapewnić większą efektywność rozwiązywanego problemu. W niektórych przypadkach pojedyncze techniki nie zapewniają wystarczających możliwości analizy danych. Zastosowanie systemów hybrydowych umożliwia, wyeliminowanie najsłabszych cech, przy zachowaniu największych atutów pojedynczych metod, a co za tym idzie zwiększenie możliwości całego systemu [257].

Najczęściej stosowanymi systemami hybrydowymi są [284, 210, 257]:

System ewolucyjno-neuronowy – rdzeniem takiego systemu jest sieć neuronowa, przy której projektowaniu należy dobrać odpowiednie parametry, takie jak: architektura sieci, liczba warstw oraz neuronów w nich się znajdujących, sposób połączenia neuronów i funkcje przejścia (aktywacji) im odpowiadające oraz metoda treningu sieci. W takim przypadku, algorytm ewolucyjny może znacznie ułatwić nam zadanie, optymalizując jeden lub kilka z wyżej wymienionych parametrów albo ucząc sieć neuronową. Algorytm ewolucyjny (najczęściej genetyczny), ucząc sieć, przejmuje rolę nauczyciela optymalizując zestaw wszystkich wag i progów całej sieci neuronowej. Argumentami przemawiającymi za stosowaniem algorytmów ewolucyjnych są: omijanie minimów lokalnych na które może wpadać klasyczny algorytm podczas uczenia sieci neuronowej, globalne przeszukiwanie przestrzeni wag i progów oraz możliwość wykorzystania w problemach, w których trudna jest do uzyskania informacja dotycząca gradientów [257].

Podsumowując metody ewolucyjne możemy zastosować do rozwiązywania następujących zadań [257]:

- uczenia sieci neuronowych przez wyznaczenie wartości wag i progów,
- poszukiwania optymalnej architektury sieci,
- równoczesnego określania struktury oraz wartości wag i progów sieci.

System neuronowo-rozmyty [305, 184] – jest systemem rozmytym, który po odpowiednim doborze operatorów rozmytych oraz kształtu funkcji przynależności w konkluzjach został przekształcony w równoważną matematycznie sieć neuronową o radialnych funkcjach przejścia. Łączy zalety sieci neuronowych oraz klasycznych systemów rozmytych. Charakteryzuje się czytelną reprezentacją wiedzy, reprezentowanej przez reguły rozmyte, w przeciwieństwie do klasycznych sieci neuronowych, w których wiedza zawarta jest w wartościach wag i progów. Ponadto, systemy neuronowo-rozmyte można uczyć, wykorzystując ideę metody wstecznej propagacji błędów, która jest podstawą uczenia wielowarstwowych sieci neuronowych. Uczeniu najczęściej podlegają parametry funkcji przynależności występujących w przesłankach i konkluzjach reguł wnioskowania (rozmytych). Zalety systemów neuronowo-rozmytych są powodem ich stosowania w zadaniach klasyfikacji, aproksymacji i predykcji. Większość systemów neuronowo-rozmytych wykorzystuje wnioskowanie typu Mamadaniego lub schemat Sugeno [257].

System ewolucyjno-rozmyty – jest wiele sposobów łączenia algorytmu ewolucyjnego z systemem rozmytym, najpopularniejszymi są [257]

- kontrola pracy algorytmu ewolucyjnego z wykorzystaniem rozmytej bazy wiedzy – takie połączenie pozwala sterować parametrami algorytmu oraz monitorować jego pracę w celu uniknięcia niepożądanych zachowań, takich jak przedwczesna zbieżność,
- wykorzystanie logiki rozmytej w samym algorytmie ewolucyjnym – istnieje możliwość zdefiniowania rozmytych operacji genetycznych, a nawet rozmytych genów,
- wykorzystanie algorytmów ewolucyjnych do optymalizacji systemów rozmytych – odpowiedni dobór parametrów systemu rozmytego (najczęściej zmiennych funkcji przynależności opisujących wartości lingwistyczne występujące w przesłankach i konkluzjach) w celu zwiększenia efektywności działania systemu. Istnieje również możliwość zastosowania algorytmów ewolucyjnych do uczenia samych reguł rozmytych.

ZESPOŁY KLASYFIKATORÓW

(ang. *ensemble classifiers, ensemble learning, combining classifiers, ensembles of classifiers*) [88, 191, 267, 279, 268, 239, 107, 337, 18, 19, 17, 134, 365]

„Każdy z klasyfikatorów ma swoje zalety, ale ma też pewne wady. Idealnym rozwiązaniem byłoby zatem stworzenie takiej hybrydy, która wykorzystałaby zalety wszystkich klasyfikatorów składowych jednocześnie minimalizując ich wady” [88].

„Dodatkowym problemem, który pojawia się w przypadku każdego klasyfikatora jest niebezpieczeństwo przeuczenia. Polega ono na tym, że wybrany model klasyfikacji (klasyfikator, jego parametry, wektor cech) mimo, że osiąga bardzo dobre wyniki na zbiorze uczącym, to ma jednak słabe zdolności generalizacji problemu. Osiąga słabe wyniki na zbiorze nieznanych próbek (zbiorze testowym). Nie da się tego

uniknąć ze względu na skończoną wielkość zbiorów danych. Co więcej często dysponujemy bardzo ograniczoną liczbą próbek reprezentujących klasy, a to dodatkowo pogłębia problem” [88].

„Rosnące możliwości komputerów również zachęcają do tworzenia coraz bardziej złożonych systemów. W literaturze możemy znaleźć wiele metodologii tworzenia i łączenia zespołów klasyfikatorów” [88].

Metody tworzenia zespołów klasyfikatorów:

- Stosowanie różnych podzbiorów z danymi treningowymi dla tego samego klasyfikatora.
- Stosowanie różnych parametrów do tworzenia modeli dla tego samego klasyfikatora.
- Stosowanie różnych klasyfikatorów.

Metody łączenia zespołów klasyfikatorów:

- „Zespoły klasyfikatorów kombinowanych (równoległych z głosowaniem) (ang. *classifiers fusion, mixture of experts*) – w których klasyfikatory składowe podejmują niezależne decyzje. Decyzje te są na wyższym poziomie scalane [192]. Najczęstszą metodą podejmowania decyzji na wyższym poziomie jest głosowanie większościowe (ang. *majority voting*)” [88].
- „Zespoły klasyfikatorów lokalnych (ang. *classifier selection*) – w tym wypadku każda próbka jest klasyfikowana przez jeden wybrany („kompetentny”) klasyfikator. Przykłady zastosowania tej metodologii możemy znaleźć między innymi w pracach Woźniaka [337] czy Kunchevej [190]” [88].
- „Zespoły klasyfikatorów kaskadowych (ang. *cascade classifiers, multistage classifiers*) – rozpoznawane próbki podawane są na wejście pierwszego klasyfikatora. Jeśli uzna on, że decyzja o przydziale do danej klasy jest obciążona zbyt dużą niepewnością, to próbka wysyłana jest na wejście kolejnego klasyfikatora. Zwykle kolejność klasyfikatorów jest z góry ustalona. Jako pierwszy stosujemy najszybszy z nich, który często odrzuca (przesyłając na wejście kolejnego klasyfikatora) dużo próbek. Przykład takiego klasyfikatora możemy znaleźć w pracy Barama [67]” [88].

„Wszystkie opisane powyżej metodologie zakładają, że grupa klasyfikatorów osiągnie lepszy wynik niż pojedynczy klasyfikator. Można przytoczyć wiele prac [182, 197, 191, 358], zarówno praktycznych jak i teoretycznych, które potwierdzają, że tak jest w istocie. Więcej, możemy zauważyć, że w wielu wypadkach pojedyncze klasyfikatory dają wyniki co prawda deterministyczne, ale też niestabilne. To znaczy, że przy modyfikacjach zbioru uczącego generują istotnie różniące się modele. Dzięki łączeniu różnych modeli generowanych na podstawie różnych zbiorów uczących możemy uzyskać znaczący przyrost poprawnych klasyfikacji [110]”. [88]

Zespoły to pakiety klasyfikatorów podejmujące decyzje za pomocą głosowania. Zespoły mogą się składać z takich samych klasyfikatorów (np. metody Bagging i Boosting) lub zespoły mogą łączyć wiele różnych klasyfikatorów wykorzystując mocne cechy każdego z nich.

Reguły łączenia (fuzji) klasyfikatorów:

- „Głosowanie – w najprostszym przypadku ostateczna decyzja klasyfikatora jest podejmowana w głosowaniu. Zwycięża ta klasa, która otrzyma największą liczbę głosów. Czasami stosuje się także inne strategie. Na przykład większości głosów 50% + 1 lub jednomyślności. Tego typu schematy głosowania są stosowane głównie w medycynie, w zastosowaniach, w których podjęcie poprawnej

decyzji jest niezwykle istotne. Taki klasyfikator, w przypadku nieuzyskania większości głosów, lub braku jednomyślności daje odpowiedź „nie wiem”, czyli odrzuca próbkę” [88].

- „Prawdopodobieństwo przynależności – innym podejściem stosowanym w przypadku zespołów jest podawanie prawdopodobieństwa przynależności do klasy na podstawie rozkładu głosów klasyfikatorów składowych. Często też takim klasyfikatorom przydziela się wagi, na przykład na podstawie ich wiarygodności. Przez wiarygodność klasyfikatora składowego rozumiemy wynik jaki uzyskał on na zbiorze uczącym” [88].
- „Kompetencje klasyfikatorów – jeszcze innym podejściem do schematu głosowania jest przypisywanie kompetencji poszczególnym klasyfikatorom w zakresie pewnych klas lub części przestrzeni cech. To podejście może być szczególnym przypadkiem przydziału wag. Z tą tylko różnicą, że wagi nie są w tym wypadku związane z klasyfikatorem, ale z konkretnymi klasami. Możemy też pójść jeszcze dalej i stosować różne wagi przydzielając je do pewnych wektorów cech” [88].
- Metaklasyfikatory – metaklasyfikator wyjściowy łączy zespół podrzędnych klasyfikatorów poprzez interpretację ich odpowiedzi oraz podjęcie ostatecznej decyzji. Celem tego podejścia jest stabilizacja i poprawa jakości rozpoznawania klasyfikatorów słabych [337].

„Oczywiście w przypadku tworzenia klasyfikatora złożonego opartego o metodologię zespołów bardzo ważną kwestią jest w jaki sposób dobierać klasyfikatory składowe (członków zespołu). Często kierujemy się po prostu intuicją jednak należy zwrócić uwagę na trzy podstawowe założenia przedstawione poniżej” [88].

Podstawowe założenia doboru klasyfikatorów (członków zespołu):

- „Niezależność statystyczna (różnorodność) – jeśli w zespole będą występować klasyfikatory dokonujące identycznych klasyfikacji dla podzbiorów danych, to nie jest możliwe, aby wynik zespołu mógł być lepszy od wyniku pojedynczego modelu. A zatem ważne jest, aby klasyfikatory popełniały możliwie różne błędy” [88].
- „Efektywność – działanie członków zespołu musi być stosunkowo szybkie, ponieważ tylko to pozwoli na uruchomienie w sensownym czasie odpowiedniej liczby klasyfikatorów składowych” [88].
- „Jakość – dokładność klasyfikatorów składowych musi być znacząco lepsza od klasyfikatorów losowych w przeciwnym przypadku nastąpi pogorszenie wyniku osiągniętego przez zespół” [88].

„Oczywiście wszystkie te założenia trudno jest spełnić. W praktyce największą uwagę należy zwrócić na niezależność statystyczną, a w drugiej kolejności na jakość [110]” [88].

Należy również nadmienić, że oprócz zalet które oferują zespoły klasyfikatorów w postaci większej stabilności oraz większej skuteczności rozpoznawania ich stosowanie obarczone jest wadą w postaci dużo większą złożoności obliczeniowej.

Dziedzina łączenia klasyfikatorów rozwija się bardzo dynamicznie. W związku z tym faktem istnieje ogromna ilość metod opisanych w literaturze. Dość obszerny ich przegląd można znaleźć w pozycjach: [191, 267, 279, 268, 239, 107, 337, 134]. Poniżej zostały przedstawione wybrane metody łączenia klasyfikatorów.

Najpopularniejsze zespoły klasyfikatorów:

Bagging – „metoda opracowana przez Breimana w 1996 roku [76, 114]. Bagging (czyli ang. Bootstrap aggregation) polega na wygenerowaniu wielu zbiorów uczących za pomocą losowania ze zwracaniem ze zbioru pierwotnego. W rezultacie niektóre próbki nie występują w zbiorze uczącym w ogóle, natomiast inne mogą pojawiać się w nim wielokrotnie. Wszystkie zbiory uczące mają taką samą liczebność jak zbiór pierwotny.

Następnie generowane są klasyfikatory dla każdego zbioru uczącego, a ostateczna decyzja podejmowana jest poprzez głosowanie większościowe tak utworzonych klasyfikatorów. Quinlan pokazał, że ta technika jest bardzo użyteczna w przypadku zadań klasyfikacji generujących niestabilne klasyfikatory [272]. Schemat algorytmu klasyfikatora utworzonego metodą bagging został przedstawiony poniżej za pomocą pseudokodu 3.2” [88].

Algorytm 3.2: Schemat klasyfikatora utworzonego za pomocą metody Bagging

- 1 $i \leftarrow 0$;
 - 2 Wygeneruj zbiór uczący U_i ze zbioru U metodą *bootstrap*;
 - 3 Skonstruuj regułę decyzyjną $d(U_i)$;
 - 4 Za pomocą $d(U_i)$ sklasyfikuj wszystkie próbki x_i ;
 - 5 $i \leftarrow i + 1$;
 - 6 Jeśli $i < \text{MaxIterations}$ przejdź do kroku nr 2;
 - 7 Zlicz liczbę głosów, które padły na każdą klasę $N(x_j)$;
 - 8 Przyporządkuj każdą próbkę do klasy, na którą padła największa liczba głosów;
-

Boosting/AdaBoost – „Boosting to ogólna metoda mająca na celu zwiększenie skuteczności działania dowolnego algorytmu uczącego. Została ona zaproponowana przy okazji prac nad modelem uczenia PAC (ang. Probably Approximately Correct) [172, 331]. Technika ta polega na stosowaniu sekwencji prostych modeli, w taki sposób, aby każdy kolejny model przykładał większą wagę do tych obserwacji, które zostały błędnie zaklasyfikowane przez poprzednie modele.

Pierwszy taki algorytm został zaprezentowany w 1990 roku przez Schapire’a [291]. Algorytm ten miał jednak sporo praktycznych wad. W roku 1995 Freund i Schapire przedstawili algorytm AdaBoost (ang. Adaptive Boost) [128], który był pozbawiony wad swojego poprzednika.

Działanie tego algorytmu rozpoczyna się od nadania każdej próbce ze zbioru uczącego jednakoowej wagi, tak aby suma wszystkich wag wynosiła 1. Każda waga reprezentuje stopień trudności klasyfikacji danej próbki przez klasyfikator, który jest tworzony w danej rundzie. Algorytm tworzy pewną określoną liczbę klasyfikatorów składowych (po jednym w każdej rundzie) i dla każdego z tych klasyfikatorów określa jego wagę w końcowym głosowaniu. Każda runda rozpoczyna się od określenia zbioru uczącego na podstawie wag poszczególnych próbek. Następnie przy użyciu tego zbioru tworzony jest klasyfikator.

Kolejnym krokiem jest wyznaczenie błędu klasyfikatora na jego zbiorze uczącym. Określamy w ten sposób pewien współczynnik „ważności” klasyfikatora. Współczynnik ten jest tym większy im

większa część próbek została poprawnie sklasyfikowana. Następnie modyfikujemy wagi próbek. Wagi próbek, które zostały błędnie sklasyfikowane zostają zwiększone, zaś wagi próbek, poprawnie zaklasyfikowanych zostają zmniejszone. Dzięki takiemu postępowaniu każdy następny klasyfikator koncentruje się na „trudniejszych” próbkach. Ostateczna decyzja klasyfikatora AdaBoost jest podejmowana za pomocą głosowania z wykorzystaniem wag utworzonych w ostatnim kroku algorytmu. Pseudokod tego algorytmu jest zamieszczony poniżej 3.3” [88].

Algorytm 3.3: Schemat klasyfikatora utworzonego za pomocą metody AdaBoost

- 1 $i \leftarrow 0$;
 - 2 $w_{0j} \leftarrow 1/n; j = 1, 2, \dots, n$;
 - 3 Wygeneruj zbiór uczący U_i ze zbioru U z uwzględnieniem wag;
 - 4 Skonstruuj regułę decyzyjną $d(U_i)$;
 - 5 Za pomocą $d(U_i)$ sklasyfikuj wszystkie próbki x_j ;
 - 6 Na podstawie błędów popełnionych przez klasyfikator zmodyfikuj wagi w_{ij} ;
 - 7 $i \leftarrow i + 1$;
 - 8 Jeśli $i < K$ przejdź do kroku nr 3;
 - 9 Zlicz liczbę głosów, które padły na każdą klasę $N(x_j)$ uwzględniając wagi w_{Kj} ;
 - 10 Przyporządkuj każdą próbkę do klasy, na którą padła największa liczba głosów;
-

GŁĘBOKIE UCZENIE

(ang. *deep learning*, *deep structured learning*, *hierarchical learning*, *deep machine learning*) [106, 155, 70, 71, 293, 200, 60, 7, 8, 6]

Głębokie uczenie jest jedną z technik uczenia maszynowego, charakteryzującą się hierarchiczną architekturą składającą się z wielu warstw w których następują kolejne etapy przetwarzania informacji. Warstwy wejściowe służą do nienadzorowanej ekstrakcji cech, na podstawie których warstwy wyjściowe dokonują analizy i klasyfikacji wzorców.

Istotą głębokiego uczenia jest wydobywanie (obliczanie) hierarchicznych cech lub reprezentacji z danych wejściowych. Jest to podejście w którym cechy wysoko-poziomowe są zdefiniowane przez ich nisko-poziomowe odpowiedniki (cechy).

W ostatnich latach, dzięki rozwojowi skuteczniejszych i szybszych algorytmów treningu, rodzina metod głębokiego uczenia staje się coraz liczniejsza. W jej skład wchodzi: sieci neuronowe, hierarchiczne modele probabilistyczne oraz różne algorytmy nienadzorowanego i nadzorowanego wydobywania (uczenia) cech.

Cechy charakterystyczne głębokiego uczenia:

- zastosowanie kaskady wielu warstw składających się z węzłów nieliniowego przetwarzania służących do ekstrakcji i transformacji cech oraz analizy i klasyfikacji wzorców. Każda kolejna warstwa wykorzystuje wyjścia poprzedniej warstwy jako swoje wejścia. Zaprojektowane algorytmy mogą

być uczone w sposób nadzorowany w celu klasyfikacji wzorców lub nienadzorowany w celu analizy wzorców.

- bazowanie na nienadzorowanym treningu (nawet algorytmy służące do klasyfikowania najpierw są wstępnie uczone w sposób nienadzorowany, a dopiero później w sposób nadzorowany) opierającym się na wielu poziomach cech wydobytych z danych wejściowych. Cechy wyższego poziomu są otrzymywane na podstawie cech niższego poziomu w ten sposób tworząc hierarchiczną reprezentację.
- bazowanie na uczeniu się reprezentacji danych w ramach szerokiej dziedziny uczenia maszynowego
- uczenie się wielu poziomów reprezentacji danych które odpowiadają różnym poziomom abstrakcji; te poziomy tworzą hierarchię pojęć.

Algorytmy głębokiego uczenia składają się z większej liczby warstw przetwarzających informacje wejściowe niż algorytmu płytkiego uczenia. W każdej warstwie, sygnał jest przetwarzany przez nieliniowy węzeł którym może być np. sztuczny neuron, którego parametry są optymalizowane podczas treningu. Łańcuch przetwarzania informacji od wejść do wyjść sieci jest nazywany zaufaną ścieżką przyporządkowania (ang. *credit assignment path* - *CAP*). Ścieżki te opisują potencjalnie przyczynowe powiązania pomiędzy wejściami i wyjściami i mogą różnić się długością. Dla sieci neuronowej jednokierunkowej (np. perceptronu wielowarstwowego - MLP), głębokość ścieżek CAPs, a co za tym idzie głębokość sieci możemy zdefiniować jako liczbę warstw ukrytych plus jeden (ponieważ neurony w warstwie wyjściowej podlegają również nauce). Natomiast dla rekurencyjnej sieci neuronowej (RNN), w których sygnał może przepływać przez warstwy więcej niż jeden raz ze względu na sprzężenia zwrotne, długość ścieżek CAP jest nieograniczona. Nie ma powszechnie uzgodnionego progu od którego możemy podzielić algorytmy uczenia na płytkie i głębokie, jednak większość uczonych zgadza się ze stwierdzeniem, że głębokie uczenie charakteryzuje się wieloma nieliniowymi warstwami (liczba ścieżek $CAP > 2$), a Schmidhuber zdefiniował, że z bardzo głębokim uczeniem mamy do czynienia przy liczbie ścieżek $CAP > 10$.

W zadaniach dotyczących nadzorowanego uczenia, metody głębokiego uczenia zastępują przetwarzanie wstępne danych, ekstrakcję i selekcję cech (inżynierię cech), poprzez tłumaczenie danych do skondensowanych pośrednich reprezentacji podobnych do składowych głównych oraz kształtują strukturę warstwową poprzez usunięcie nadmiarowych reprezentacji (informacji).

Zaletą głębokiego uczenia jest fakt, że wiele algorytmów z tej dziedziny może być stosowanych do zadań dotyczących treningu nienadzorowanego. Jest to ważna zaleta, ponieważ w praktyce spotykamy więcej danych nieoznaczonych, wymagających treningu nienadzorowanego.

Metody głębokiego uczenia bazują na wielowarstwowym sieciach neuronowych, dlatego możemy stwierdzić, że jest to dziedzina rozwijana od wielu lat. Jednak ze względu na bardzo trudny (rzadko kończący się sukcesem - znalezieniem minimum globalnego błędu), dla klasycznych algorytmów uczenia, i złożony obliczeniowo trening oraz efekt przeuczenia metody głębokiego uczenia były rzadko wykorzystywane w praktycznych problemach. Z tego względu, ważnym aspektem stał się optymalizacja i regularyzacja metod uczenia sieci neuronowych z wieloma warstwami ukrytymi. Dopiero w ostatnich latach po odkryciu nowych, szybszych i skuteczniejszych algorytmów treningu dziedzina obejmująca

metody głębokiego uczenia przeżywa swój renesans.

Nowe podejście do treningu głębokich sieci neuronowych przedstawił w 2006 roku Hinton [150, 149]. Nowa koncepcja polegała na zastosowaniu treningu wstępnego. Taki trening był efektywny ponieważ polegał na uczeniu, nie całej sieci, a poszczególnych warstw. Wyuczone cechy z danej warstwy są używane jako dane wejściowe dla treningu następnej warstwy na stosie. Połączenie zestawu prostszych modeli (warstw) uczonych sekwencyjnie pozwala w skuteczny sposób stworzyć (nauczyć) skomplikowany (złożony) model.

Rodzaje technik głębokiego uczenia

Według tradycji, naturalnym podziałem wśród metod uczenia maszynowego jest podział na metody z nadzorowanym i nienadzorowanym treningiem. Jednak w dziedzinie głębokiego uczenia należy zwrócić uwagę na fakt, że większość metod z nadzorowanym uczeniem korzysta z wstępnego nienadzorowanego uczenia w celu zoptymalizowania wstępnej konfiguracji parametrów, dzięki któremu ich trening jest dużo bardziej skuteczny i szybszy.

Podział metod głębokiego uczenia ze względu na sposób treningu:

- głębokie modele dyskryminacyjne:
 - głębokie sieci neuronowe (ang. *deep neural networks* - DNNs)
 - rekurencyjne sieci neuronowe (ang. *recurrent neural networks* - RNNs)
 - splotowe sieci neuronowe (ang. *convolutional neural networks* - CNNs)
- modele nienadzorowane / generatywne
 - restrykcyjna maszyna Boltzmanna (ang. *restricted Boltzmann machine* - RBMs)
 - sieci głębokiego zaufania (ang. *deep belief networks* - DBNs) [150, 32]
 - głęboka maszyna Boltzmanna (ang. *deep Boltzmann machines* - DBMs)
 - uregulowane auto-encodeery (ang. *regularized autoencoders*)

Typy sieci o głębokim uczeniu

Jak było już wspomniane, głębokie uczenie odnosi się do dość szerokiej klasy technik i metod uczenia maszynowego, których znakiem rozpoznawczym jest stosowanie wielu warstw nieliniowo przetwarzających informacje o hierarchicznej strukturze. Biorąc pod uwagę w jaki sposób te techniki i metody są używane, np. synteza/generacja lub rozpoznawanie/klasyfikowanie, można ogólnie podzielić algorytmy głębokiego uczenia na trzy główne klasy:

Głębokie sieci z uczeniem nienadzorowanym lub generatywnym (ang. *deep networks for unsupervised or generative learning*) – są przeznaczone do wydobywania korelacji wysokiego-rzędu podczas przetwarzanych danych w celu analizy lub syntezy wzorców, w przypadku kiedy nie są dostępne informacje na temat etykiet klas docelowych. Gdy są używane w trybie generatywnym, mogą być również przeznaczone do scharakteryzowania wspólnych rozkładów statystycznych analizowanych danych i związanych z nimi klas.

Głębokie sieci z uczeniem nadzorowanym (ang. *deep networks for supervised learning*) – również nazywane głębokimi sieciami dyskryminatywnymi (ang. *discriminative deep networks*), mają bezpośrednio dostarczyć moc dyskryminacyjną wzorca do celów klasyfikacji, często za pomocą scha-

rakteryzowania rozkładów klas związanych z analizowanymi danymi. Etykiety z wzorcowymi odpowiedziami są zawsze dostępne w bezpośredniej lub pośredniej formie.

Hybrydowe głębokie sieci (ang. *Hybrid deep networks*) – celem tych sieci jest dyskryminacja, która jest wspierana, często w istotny sposób, przez wyniki uzyskane z głębokich sieci z uczeniem nienadzorowanym lub generatywnym.

W literaturze określeniem „hybrydowe” określa się również systemy składające się z sieci neuronowych których wyjścia są połączone z wejściami ukrytego modelu Markowa (HMM).

Zalety i wady algorytmów głębokiego uczenia:

- Zalety:
 - Automatycznie wykonują wewnątrz swej struktury (warstwy wejściowe) przetwarzanie wstępne danych, ekstrakcję i selekcję cech sygnału wejściowego.
 - Potrafią rozwiązywać bardzo złożone problemy.
 - Uzyskują bardzo dobre wyniki w zadaniach bazujących na treningu nienadzorowanym.
 - Bardzo dobrze sprawdzają się w przetwarzaniu obrazów oraz rozpoznawaniu mowy.
- Wady:
 - Bardzo duża złożoność obliczeniowa, a co za tym idzie długi czas treningu.
 - Mała skuteczność treningu (trudności ze znalezieniem minimum globalnego błędu, ze względu na losową konfigurację wag i progów początkowych oraz ogromną liczbę parametrów do zoptymalizowania).
 - Podatność na efekt przeuczenia.

3.2.6. Optymalizacja parametrów

Kolejnym ważnym zagadnieniem w analizie sygnału EKG, opisanym w tej sekcji, jest optymalizacja parametrów zastosowanych klasyfikatorów. Jest to niezwykle ważny etap determinujący ostateczną skuteczność zaprojektowanego algorytmu. Autor w niniejszej pracy zastosował i porównał trzy metody optymalizacji parametrów omówione poniżej:

Metoda przeszukiwania siatki (ang. *Grid search*) [30] – jest to tradycyjna metoda z grupy optymalizacji hiperparametrycznych (ang. *hyperparameter optimization*), która polega na kompletnym przeszukiwaniu określonego ręcznie podzbioru przestrzeni optymalizowanego parametru klasyfikatora. Algorytm przeszukiwania siatki powinien być stosowany razem z metryką wydajności - zwykle mierzona za pomocą metody walidacji krzyżowej dla zbiorów treningowych i testowych. Do wad algorytmu przeszukiwania siatki możemy zaliczyć dużą złożoność obliczeniową oraz wysoką skuteczność tylko dla funkcji jednoargumentowych, natomiast jego zaletą jest prostota. Najlepiej się sprawdza do wyznaczania punktów startowych dla innych algorytmów. Poniżej została przedstawiona procedura nr 3.4 wykonania optymalizacji za pomocą algorytmu przeszukiwania siatki.

Algorytm 3.4: Procedura wykonania optymalizacji za pomocą algorytmu przeszukiwania siatki

- 1 Wybieramy z dziedzin $f(x)$ siatkę punktów;
- 2 Dla każdego punktu siatki wyznaczamy wartość funkcji;
- 3 Wyznaczamy przedział w którym podejrzewamy, że jest minimum błędu;
- 4 Ten przedział ponownie dzielimy na siatkę z większą rozdzielczością przeszukiwania i powtarzamy kroki;
- 5 Procedurę powtarzamy aż do momentu znalezienia rozwiązania dostatecznie bliskiego minimum;

Algorytm genetyczny (ang. *Genetic Algorithm - GA*) [2, 152, 284, 1] – rodzaj algorytmu przeszukującego przestrzeń alternatywnych rozwiązań problemu w celu wyszukania rozwiązań najlepszych. Sposób działania algorytmów genetycznych naśladuje naturę przypominając zjawisko ewolucji biologicznej. Zaliczany się go do grupy algorytmów ewolucyjnych. Dokładny opis podstaw teoretycznych algorytmu genetycznego został przedstawiony w sekcji 3.2.3.

Optymalizacja rojem cząstek (ang. *Particle Swarm Optimization - PSO*) [112, 173, 126, 127, 28, 26, 27] – „jest metodą poszukiwania najlepszego rozwiązania w n -wymiarowej przestrzeni rozwiązań. Została zaproponowana w 1995 roku przez Russella Eberharta i Jamesa Kennedy’ego inspirowanych zachowaniem ptasich stad czy rybich ławic. Autorzy zastosowali optymalizację rojem do znajdowania wag podczas uczenia sieci neuronowej. W tej metodzie rozwiązanie jest poszukiwane przez zbiór cząsteczek lecących jak rój przez przestrzeń rozwiązania. Poprzez analogię do stada ptaków podążającego za przywódcą, rój cząstek podąża za najlepszym, aktualnie, rozwiązaniem. Gdy lepsze rozwiązanie zostanie znalezione, rój zmienia kierunek i przyspiesza w jego kierunku. Liczne eksperymenty z optymalizacją rojem cząstek pokazały, że metoda ta jest bardzo odporna na problemy związane z lokalnymi maksimami” [126].

Należy do kategorii Metod Inteligencji Stadnej [173] stosowanych do rozwiązywania problemów optymalizacji globalnej. PSO jest związana ze sztucznym życiem, a szczególnie z teorią roju/stada, jak również z technikami ewolucyjnymi (np. GA).

„W optymalizacji stadnej cząsteczek stosowanych jest pięć najważniejszych zasad inteligencji stadnej, które zdefiniowali Eberhart oraz Millanis [28]:

- bliskość – stado działa na prostej strukturze przestrzeni,
- jakość – stado powinno mieć możliwość reagowania na jakościowe zmiany współczynników środowiska,
- różnorodność – stado nie powinno dokonywać pewnych ruchów wzdłuż szczególnie wąskich kanałów,
- stabilność – stado nie powinno zmieniać swego zachowania w każdej jednostce czasu, gdy zmienia się środowisko,
- adaptacyjność – stado musi mieć możliwość zmian zachowania, gdy koszt obliczeń tego nie zabrania”.

„Przez wielu naukowców był studiowany zadziwiający układ choreograficzny tworzony przez członków ptasich stad, czy ławic ryb, który umożliwia im synchroniczny ruch bez kolizji. Zachowania zbiorowe zwierząt są zarządzane przez pewne reguły. Istnieje wiele przykładów z natury potwierdzających pogląd, że dzielenie się informacją między osobnikami w społeczności stanowi wagę ewolucyjną, co stanowiło podstawę powstania PSO” [28].

Główne założenia PSO [26]:

- „Każda cząstka reprezentuje potencjalne rozwiązanie.
- Cząstki poruszają się przez wielowymiarową przestrzeń poszukiwań.
- Pozycja jest aktualizowana według własnego doświadczenia oraz doświadczenia sąsiadów, poprzez dodanie wektora prędkości do ich aktualnego stanu przemieszczania się.
- Aktualna prędkość zależy od, poprzedniej prędkości, dążenia do swojego najlepszego poprzedniego położenia oraz dążenia do globalnego lub lokalnego najlepszego wyniku sąsiada.
- Każda cząstka jest zbieżna do punktu pomiędzy własnym najlepszym rozwiązaniem a najlepszym rozwiązaniem globalnym.”

„Rój cząstek porusza się kierując się doświadczeniem własnym, najbliższych sąsiadów lub całego stada. Dlatego opracowano trzy główne algorytmy optymalizacji rojem cząstek [26]:

- Najlepszy indywidualnie (ang. Individual best) - każda cząstka zapamiętuje swoje dotychczasowe najlepsze rozwiązanie i nie używa informacji pochodzących od innych cząstek,
- Najlepszy globalnie (ang. Global Best) - każda cząstka porównuje swoją pozycję do najlepszej pozycji wśród wszystkich innych cząstek,
- Najlepszy lokalnie (ang. Local Best) - uogólnienie algorytmu najlepszego globalnie, rozpatrujemy tylko najbliższe sąsiedztwo (ale sąsiedztwo może zawierać też wszystkie cząstki).”

Algorytm PSO funkcjonuje według następującego schematu 3.5:

Algorytm 3.5: Algorytm funkcjonowania PSO

- 1 Nadanie cząstką roju losowych położenia i prędkości początkowych;
 - 2 Dokonanie oceny położenia cząstek za pomocą funkcji dopasowania (ang. *fitness*);
 - 3 Zmiana zapisu w pamięci cząstek dotycząca najlepszych własnych położenia oraz najlepszych położenia liderów sąsiadów. Wyłonienie lidera roju;
 - 4 Aktualizacja wektora prędkości każdej cząstki;
 - 5 Aktualizacja położenia każdej cząstki;
-

3.2.7. Kryteria oceny wyników

Do oceny zaprojektowanych klasyfikatorów zostało użyte kryterium krzywej ROC (ang. *receiver operating characteristic*) [122, 298, 31, 39, 38, 21] za pomocą którego zostały policzone następujące współczynniki: skuteczność *ACC*, czułość *SEN*, specyficzność *SPE*, pozytywna przewidywalność *PPV*, odsetek wyników fałszywie dodatnich *FPR*, współczynnik κ , suma błędów ERR_{sum} oraz błąd procentowy dla danego zbioru testowego $ERR_p(Z)$. Wspomniane współczynniki zostały policzone na

podstawie wygenerowanych macierzy pomyłek (ang. *confusion matrix*) dla poszczególnych eksperymentów, metod i klasyfikatorów. Zestawienie wszystkich wyników znajduje się w rozdziale nr 5.

Definicje obliczanych współczynników:

- **Skuteczność** (ang. *Accuracy - ACC*)

$$ACC = \left(\sum_{i=1}^N \frac{TP + TN}{TP + FP + TN + FN} \right) \cdot 100\% / N \quad (3.11)$$

- **Czułość** (Wrażliwość, ang. *Sensitivity - SEN*)

$$SEN = \left(\sum_{i=1}^N \frac{TP}{TP + FN} \right) \cdot 100\% / N \quad (3.12)$$

- **Specyficzność** (ang. *Specificity - SPE*)

$$SPE = \left(\sum_{i=1}^N \frac{TN}{FP + TN} \right) \cdot 100\% / N \quad (3.13)$$

- **Pozytywna przewidywalność** (ang. *Positive Predictive Value - PPV*)

$$PPV = \left(\sum_{i=1}^N \frac{TP}{TP + FP} \right) \cdot 100\% / N \quad (3.14)$$

- **Odsetek wyników fałszywie dodatnich** (ang. *False Positive Rate - FPR*)

$$FPR = \left(\sum_{i=1}^N \frac{FP}{FP + TN} \right) \cdot 100\% / N \quad (3.15)$$

gdzie:

N – liczba zbiorów użytych w wariancie metody walidacji krzyżowej (4 lub 10);

TP (ang. *True Positive*) – klasyfikacja prawdziwie pozytywna; odpowiedź klasyfikatora pozytywna dla danej klasy, wzorcowa klasa pozytywna;

TN (ang. *True Negative*) – klasyfikacja prawdziwie negatywna; odpowiedź klasyfikatora negatywna dla danej klasy, wzorcowa klasa negatywna;

FP (ang. *False Positive*) – klasyfikacja fałszywie pozytywna; odpowiedź klasyfikatora pozytywna dla danej klasy, wzorcowa klasa negatywna;

FN (ang. *False Negative*) – klasyfikacja fałszywie negatywna; odpowiedź klasyfikatora negatywna dla danej klasy, wzorcowa klasa pozytywna.

- **Współczynnik κ** (ang. *Fleiss' kappa*) – współczynnik służący do oceny efektywności zaprojektowanego klasyfikatora/algorytmu, stosowany w problemach dotyczących rozpoznawania wielu (powyżej dwóch) klas (ang. *multi-class problem*). Wyższa jego wartość oznacza lepszy wynik.

$$\kappa = \left(\sum_{i=1}^N \frac{M \sum_{j=1}^n m_{j,j} - \sum_{j=1}^n (G_j C_j)}{M^2 - \sum_{j=1}^n (G_j C_j)} \right) \cdot 100\% / N \quad (3.16)$$

gdzie:

N – liczba zbiorów użytych w wariancie metody walidacji krzyżowej (4 lub 10);

j – numer klasy,

n – liczba klas = 17,

M – całkowita liczba sklasyfikowanych próbek,

$m_{j,j}$ – wzorcowa liczba próbek należący do klasy j , które również zostały sklasyfikowane jako klasa j (wartości znajdujące się na wzdłuż przekątnej macierzy pomyłek),

C_j – całkowita liczba sklasyfikowanych próbek należących do klasy j ,

G_j – wzorcowa liczba próbek należących do klasy j .

- **Suma błędów** (ang. *Sum of errors* - ERR_{sum}) – obliczana na podstawie macierzy pomyłek, w oparciu o liczbę błędnych klasyfikacji, która jest równa sumie klasyfikacji pozadiagonalnych w macierzy pomyłek, na 744 klasyfikacje.
- **Błąd procentowy dla danego zbioru testowego Z** – obliczany na podstawie cząstkowych macierzy pomyłek dla poszczególnych zbiorów testowych (w oparciu o liczbę błędnych klasyfikacji, która jest równa sumie klasyfikacji pozadiagonalnych w macierzy pomyłek), ze wzoru:

$$ERR_p(Z) = \frac{E(Z)}{K_Z} \cdot 100\% \quad (3.17)$$

gdzie:

$E(Z)$ – liczba niepoprawnie rozpoznanych próbek (fragmentów sygnału EKG) w danym zbiorze testowym Z ;

K_Z – suma wszystkich próbek (fragmentów sygnału EKG) w danym zbiorze testowym Z ;

- **Współczynnik pozostawionych cech (W_C)** – stosunek liczby pozostawionych cech C_z do liczby wszystkich cech C wyrażony w procentach; zdeterminowany w wyniku zastosowania genetycznej selekcji cech; wyrażony wzorem:

$$W_C = \frac{C_z}{C} \cdot 100\% \quad (3.18)$$

gdzie:

C_z – liczba pozostawionych cech;

C – liczba wszystkich cech;

- **Czas optymalizowania (C_o)** – obliczany dla danego klasyfikatora jako suma wszystkich czasów treningów i klasyfikowań dla wszystkich zbiorów uczących i testowych dla danego wariantu walidacji krzyżowej (4 lub 10 zbiorów). Czas potrzebny do znalezienia optymalnej konfiguracji parametrów danego klasyfikatora albo również optymalnego wektora cech wejściowych w ramach selekcji cech. Dla sygnałów EKG po przetwarzaniu wstępnym i ekstrakcji cech.
- **Czas treningu (C_t)** – obliczany dla danego klasyfikatora jako suma czasów treningów dla wszystkich zbiorów uczących danego wariantu walidacji krzyżowej (4 lub 10 zbiorów). Dla sygnałów EKG po przetwarzaniu wstępnym, ekstrakcji i selekcji cech.

- **Czas klasyfikowania** (C_k) – obliczany dla danego klasyfikatora jako czas średni pojedynczej klasyfikacji 10-sekundowego fragmentu sygnału EKG, po przetwarzaniu wstępnym, ekstrakcji i selekcji cech.

Wyżej wymienione współczynniki zastosowano w celu oszacowania ogólnej skuteczności metod i algorytmów uczenia maszynowego w problemie rozpoznawaniu dysfunkcji mięśnia sercowego. W celu sprawdzenia skuteczności rozpoznawania poszczególnych klas policzono te same współczynniki ale w odniesieniu do danej klasy S . W tym celu policzono dla każdej klasy wartości klasyfikacji: $TP(S)$, $TN(S)$, $FP(S)$, $FN(S)$. Wartości te zostały policzone na podstawie macierzy pomyłek w tradycyjny sposób, a następnie na ich podstawie obliczono wartości współczynników: $ACC(S)$, $SEN(S)$, $SPE(S)$, $PPV(S)$, $FPR(S)$ zdefiniowane jako:

$$ACC(S) = \left(\sum_{i=1}^N \frac{TP(S) + TN(S)}{TP(S) + FP(S) + TN(S) + FN(S)} \right) \cdot 100\% / N \quad (3.19)$$

$$SEN(S) = \left(\sum_{i=1}^N \frac{TP(S)}{TP(S) + FN(S)} \right) \cdot 100\% / N \quad (3.20)$$

$$SPE(S) = \left(\sum_{i=1}^N \frac{TN(S)}{TN(S) + FP(S)} \right) \cdot 100\% / N \quad (3.21)$$

$$PPV(S) = \left(\sum_{i=1}^N \frac{TP(S)}{TP(S) + FP(S)} \right) \cdot 100\% / N \quad (3.22)$$

$$FPR(S) = \left(\sum_{i=1}^N \frac{FP(S)}{FP(S) + TN(S)} \right) \cdot 100\% / N \quad (3.23)$$

gdzie:

N – liczba zbiorów użytych w wariancie metody walidacji krzyżowej (4 lub 10);

TP (ang. *True Positive*) – klasyfikacja prawdziwie pozytywna; odpowiedź klasyfikatora pozytywna dla klasy S , wzorcowa klasa S pozytywna;

TN (ang. *True Negative*) – klasyfikacja prawdziwie negatywna; odpowiedź klasyfikatora negatywna dla klasy S , wzorcowa klasa S negatywna;

FP (ang. *False Positive*) – klasyfikacja fałszywie pozytywna; odpowiedź klasyfikatora pozytywna dla klasy S , wzorcowa klasa S negatywna;

FN (ang. *False Negative*) – klasyfikacja fałszywie negatywna; odpowiedź klasyfikatora negatywna dla klasy S , wzorcowa klasa S pozytywna.

Obliczany był również:

- **Błąd procentowy dla danej klasy S** , na podstawie wzoru:

$$ERR_p(S) = \left(\sum_{i=1}^N FP(S) + FN(S) \right) \cdot \frac{100\%}{K_s} \quad (3.24)$$

gdzie:

N – liczba zbiorów użytych w wariancie metody walidacji krzyżowej (4 lub 10);

FP (ang. *False Positive*) – klasyfikacja fałszywie pozytywna; odpowiedź klasyfikatora pozytywna dla klasy S , wzorcowa klasa S negatywna;

FN (ang. *False Negative*) – klasyfikacja fałszywie negatywna; odpowiedź klasyfikatora negatywna dla klasy S , wzorcowa klasa S pozytywna;

K_S – suma wszystkich próbek (fragmentów sygnału EKG) we wszystkich zbiorach testowych = 744;

Przy projektowaniu algorytmów uczenia maszynowego została zastosowana reguła - zwycięzca bierze wszystko (ang. *Winners Takes All*), dzięki czemu klasyfikator zawsze wskazywał tylko jedną pozytywną klasę natomiast pozostałe klasy były klasyfikowane jako negatywne [308].

Warto zaznaczyć, że w niniejszej pracy, ze względu na zastosowanie metody WTA, czułość (SEN) jest równa ogólnej dokładności (Acc) obliczanej ze wzoru 2.1 i przedstawionej w sekcji 2.7.2.

4. Eksperymenty

W niniejszym rozdziale zostały opisane przeprowadzone eksperymenty. W pierwszej części w poszczególnych sekcjach zostały szczegółowo zaprezentowane najbardziej wartościowe eksperymenty. W ostatniej sekcji, zostały pobieżnie przedstawione pozostałe eksperymenty, z których uzyskane wyniki są mniej wartościowe ale które także warto przedstawić - między innymi w celu wskazania innym badaczom, że „nie tędy droga”. Inaczej daremne wysiłki mogą być powielane wielokrotnie.

Opis wykorzystanych materiałów oraz podstawy teoretyczne zastosowanych metod zostały przedstawione w rozdziale nr 3.

4.1. Eksperyment nr 1 – Podstawowa analiza sygnału EKG

HIPOTEZA

Zastosowanie zaprojektowanej metodologii badań składającej się z następujących metod: algorytmu przetwarzania wstępnego sygnału EKG, algorytmu ekstrakcji cech (polegającego na estymacji widmowej gęstości mocy sygnału EKG) oraz klasyfikowania zaburzeń serca bazującego na zoptymalizowanych algorytmach uczenia maszynowego, umożliwi skuteczne diagnozowanie dysfunkcji mięśnia sercowego.

OPIS EKSPERYMENTU

Pierwszy eksperyment polegał na analizie sygnału EKG według założeń przedstawionych w sekcji metodologia badań (3.1.1) i sekcji dotyczącej założeń rozprawy (1.2). Przygotowanie sygnału do klasyfikacji składało się z przetwarzania wstępnego sygnału (3 rodzajów) oraz ekstrakcji cech polegającą na *estymacji widmowej gęstości mocy* sygnału EKG, przy wykorzystaniu *metody Walsh’a* oraz *dyskretnej transformacji Fouriera* dla 3 szerokości *okna Hamminga*. Następnie za pomocą metody *4-krotnego sprawdzianu krzyżowego* przeprowadzono uczenie i testowanie algorytmów uczenia maszynowego (*SVM, kNN, PNN i RBFNN*) w celu rozpoznawania patologii serca. Parametry klasyfikatorów zoptymalizowano za pomocą metody *przeszukiwania siatki* (ang. *grid search*).

SZCZEGÓŁOWE INFORMACJE

W tej sekcji zostały zaprezentowane szczegółowe informacje na temat przeprowadzonego doświadczenia nr 1.

W ramach pierwszego eksperymentu zostały doświadczalnie dobrane niektóre parametry klasyfikatorów, przedstawione poniżej.

Dobre wartości parametrów klasyfikatorów:

- szerokość okna Hamminga – wstępnie przetestowano 6 szerokości okna Hamminga (128, 256, 512, 768, 1024, 1536 próbek) z czego do szczegółowej analizy wybrano 3 szerokości (eksperyment nr 1: 128, 256, 512 próbek) lub 4 szerokości (eksperymenty nr 2-6: 128, 256, 512, 1024 próbek) 3.2.2;
- typ SVM – przetestowano następujące typy SVM: *C-SVC* i *nu-SVC*, z których do dalszej analizy wybrano *nu-SVC*;
- typ funkcji jądra SVM – przetestowano następujące funkcje: *liniową*, *wielomianową*, *radialną* i *sigmoidalną*, z których do dalszej analizy wybrano funkcję *radialną (RBF)*;
- liczba najbliższych sąsiadów kNN – przetestowano następującą liczbę najbliższych sąsiadów: 1,2,3,4,5, z których do dalszej analizy wybrano wartość = 1;
- metryka obliczania dystansu kNN – przetestowano następujące metryki dystansu: *hamming*, *euclidean*, *chebychev*, *cityblock*, *minkowski*, z których do dalszej analizy wybrano metrykę: *minkowski*;
- metoda obliczania funkcji celu PNN dla zbioru uczącego – przetestowano następujące algorytmy: *sse*, *mse*, *mae*, z których do dalszej analizy wybrano algorytm: *sse* (ang. *square sum error* - suma błędów kwadratowych);
- metoda obliczania funkcji celu RBFNN dla zbioru uczącego – przetestowano następujące algorytmy: *sse*, *mse*, *mae*, z których do dalszej analizy wybrano algorytm: *sse*;

Wartości przytoczonych parametrów przedstawiono w tabeli nr 4.1 i wykorzystano w kolejnych eksperymentach. Kryterium doboru parametrów była sumaryczna liczba błędów w zbiorach uczących i testowych. Do dalszej analizy zostały dobrane wartości parametrów dla których osiągnięto najmniejszą liczbę błędów.

Szczegółowe informacje na temat kolejnych kroków przeprowadzonego eksperymentu nr 1 zostały przedstawione w tabelach nr 4.1 i 4.2. Informacje w nich zawarte obejmują m.in. podstawowe i optymalizowane parametry zaprojektowanych klasyfikatorów wraz z metodą ich optymalizacji oraz informacje na temat walidacji krzyżowej.

SCHEMAT DOŚWIADCZENIA

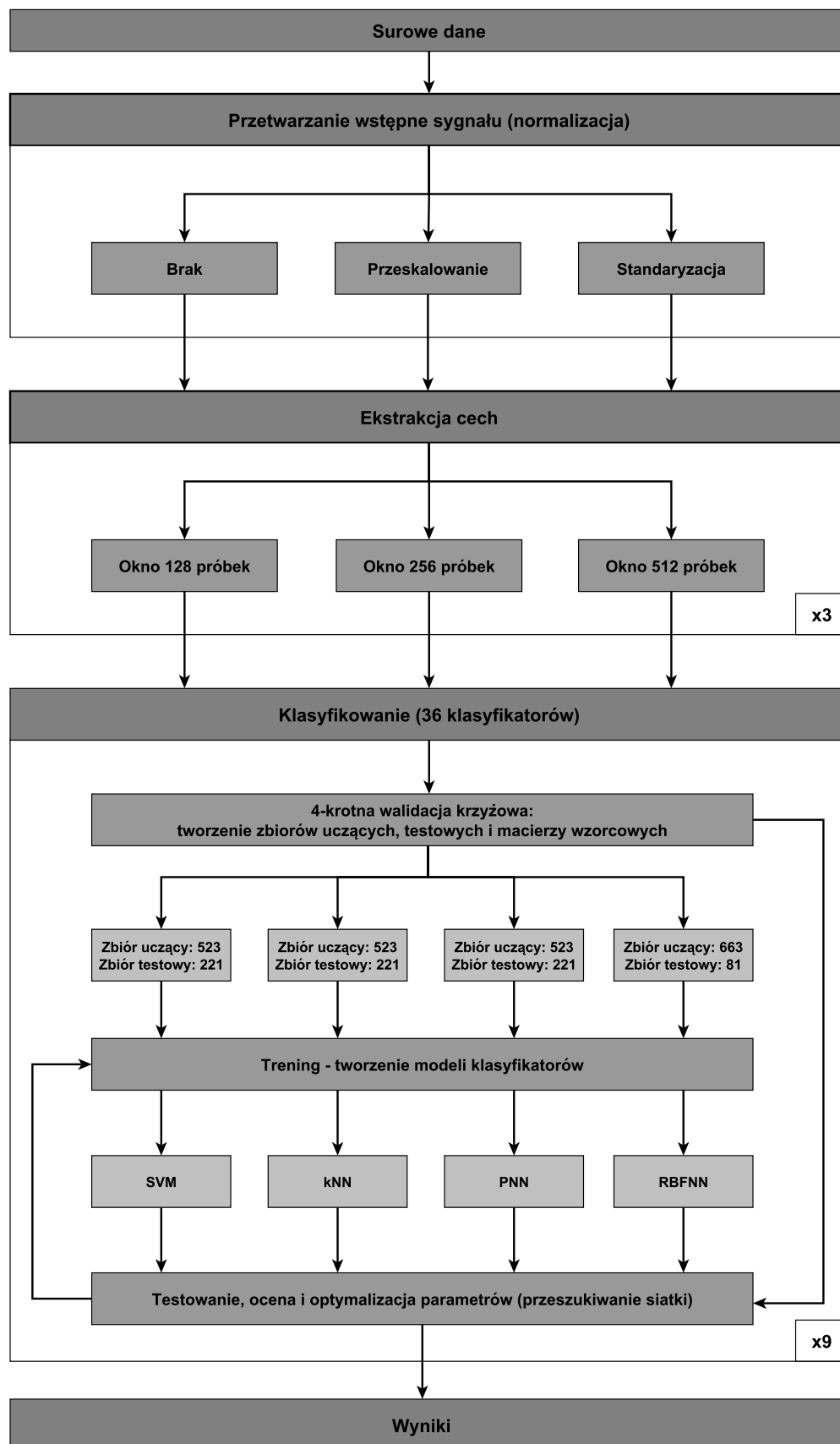
W tej sekcji na rysunku nr 4.1 został przedstawiony schemat eksperymentu nr 1. Schemat przedstawia przepływ danych pomiędzy kolejnymi krokami eksperymentu.

Tablica 4.1: Szczegółowe informacje na temat kolejnych etapów: *Eksperymentu nr 1 – Podstawowa analiza sygnału EKG* (4.1).

Nazwa	Teoria	Opis
Surowe dane		
BAZA DANYCH: MIT-BIH ARRHYTHMIA	Sekcja: 3.1.3	744, 10-sekundowe (3600 próbek), fragmenty sygnału EKG od 29 pacjentów; 17 klas: prawidłowy rytm zatokowy + 16 dysfunkcji serca;
Przetwarzanie wstępne sygnału		
NORMALIZACJA	Sekcja: 3.2.1	- Brak; - Przeskalowanie amplitudy sygnału do przedziału: $[-1, 1]$; - Standaryzacja: wartość średnia = 0 i odchylenie standardowe = 1;
Ekstrakcja cech		
WIDMOWA GĘSTOŚĆ MOCY	Sekcja: 3.2.2	- Estymacja widmowej gęstości mocy sygnału EKG przy wykorzystaniu: metody Welch'a oraz dyskretnej transformacji Fouriera; 4 rodzaje szerokości okna Hamming: 128, 256 i 512 próbek; - Normalizacja przetworzonego sygnału: logarytmowanie; - Długość wektora cech (liczba wejść): 4001 składowych częstotliwościowych;
Selekcja cech		
Brak		
Walidacja krzyżowa		
4-KROTNY SPRAWDZIAN KRZYŻOWY	Sekcja: 3.2.4	4 modele klasyfikatorów; - Proporcjonalna liczba fragmentów sygnału EKG dla każdej klasy: około 75% sygnałów w zbiorach uczących i 25% w zbiorach testowych; 4 zbiory uczące (grupy 1-3: 523 elementy, grupa 4: 663 elementy); 4 zbiory testowe (grupy 1-3: 221 elementy, grupa 4: 81 elementów);
Klasyfikatory		
36 trenowanych, testowanych i optymalizowanych klasyfikatorów: 4 typy klasyfikatorów · 3 szerokości okna Hamminga · 3 rodzaje przetwarzania wstępnego sygnału · 1 rodzaj walidacji krzyżowej		
Podstawowe parametry		
Wartości zmiennych parametrów zostały dobrane eksperymentalnie w eksperymencie nr 1, sekcja: 4.1		
SVM	Sekcja: 3.2.5	- Typ: nu-SVC; - Typ funkcji jądra: RBF (radialna, typu Gaussa); - Liczba wyjść = 1, ze zbioru $\{1, \dots, 17\}$;
KNN	Sekcja: 3.2.5	- Liczba najbliższych sąsiadów = 1; - Metryka obliczania dystansu: <i>Minkowski</i>; - Liczba wyjść = 1, ze zbioru $\{1, \dots, 17\}$;
PNN	Sekcja: 3.2.5	- Funkcja aktywacji: radialna (typu Gaussa) - współzawodnictwa; - Algorytm treningu: odwzorowanie zbioru uczącego na podstawie dystansu; - Metoda obliczania funkcji celu: sse; - Topologia (neurony): $4001 - 523 \vee 663 - 17$; Progi: $1 - 0$; - Liczba wyjść = 17, ze zbioru $\{0, 1\}$;
RBFNN	Sekcja: 3.2.5	- Funkcja aktywacji: radialna (typu Gaussa) - liniowa; - Algorytm treningu: odwzorowanie zbioru uczącego na podstawie dystansu; - Metoda obliczania funkcji celu: sse; - Topologia (neurony): $4001 - 523 \vee 663 - 17$; Progi: $1 - 1$; - Liczba wyjść = 17, ze zbioru $\{0, 1\}$, wartość 1 przypisana do wyjścia (klasy) z największym pobudzeniem;

Tablica 4.2: Kontynuacja szczegółowych informacji na temat kolejnych etapów: *Eksperymentu nr 1 – Podstawowa analiza sygnału EKG (4.1)*.

Nazwa	Teoria	Opis
Klasyfikatory		
Optymalizowane parametry		
Ostateczne zakresy parametrów zostały dobrane eksperymentalnie na podstawie szerszych zakresów		
SVM	Sekcja: 3.2.5	• Parametr γ ($-g$) determinujący rozpiętość funkcji radialnej (RBF) jądra, z zakresu: $[0.000031; 0.000080]$, z krokiem: 0.000001, 50 wartości; • Parametr nu ($-n$) determinujący szerokość marginesów, z zakresu: $[0.00061; 0.00110]$, z krokiem: 0.00001, 50 wartości;
kNN	Sekcja: 3.2.5	• Parametr $exponent$ wpływający na obliczaną odległość Minkowskiego, z zakresu: $[1.01; 1.50]$, z krokiem: 0.01, 50 wartości;
PNN	Sekcja: 3.2.5	• Parametr $spread$ determinujący rozpiętość funkcji radialnej (RBF) jądra sieci, z zakresu: $[1; 50]$, z krokiem: 1, 50 wartości;
RBFNN	Sekcja: 3.2.5	• Parametr $spread$ determinujący rozpiętość funkcji radialnej (RBF) jądra sieci, z zakresu: $[81; 130]$, z krokiem: 1, 50 wartości;
Optymalizacja parametrów klasyfikatorów		
METODA PRZESZUKIWANIA SIATKI	Sekcja: 3.2.6	• Ocena parametrów z zadanego zakresu była wyznaczana na podstawie wzoru: $ERR = w_u \cdot err_{Usum} + w_t \cdot err_{Tsum} \quad (4.1)$ gdzie: $w_u = 1$ – waga dla błędów ze zbiorów uczących; $w_t = 1$ – waga dla błędów ze zbiorów testowych; err_{Usum} – sumaryczna liczba błędów w 4 zbiorach uczących; err_{Tsum} – sumaryczna liczba błędów w 4 zbiorach testowych;
Ocena uzyskanych wyników		
KRYTERIA	Sekcja: 3.2.7	• Macierz pomyłek (CF); • Skuteczność (ACC); Czulość (SEN); Specyficzność (SPE); • Suma błędów (ERR_{sum}); • Czas treningu (C_t); Czas klasyfikowania (C_k); Czas optymalizacji (C_o);



Rysunek 4.1: Schemat *Eksperymentu nr 1 – Podstawowa analiza sygnału EKG*.

PROCEDURY ALGORYTMU

W tej sekcji zostały przedstawione również dwie procedury wykorzystane w rozpoznawaniu sygnałów EKG w eksperymencie nr 1 dla klasyfikatora SVM.

Pierwsza procedura nr 4.1 obejmuje algorytm optymalizacji parametrów klasyfikatora SVM (dwa optymalizowane parametry) za pomocą metody *przeszukiwania siatki* dla eksperymentu nr 1. Procedury algorytmów dla pozostałych klasyfikatorów: kNN, PNN i RBFNN różnią się jedynie mniejszą liczbą optymalizowanych parametrów (jeden zamiast dwóch), co oznacza redukcję jednej z dwóch pierwszych pętli *for* w procedurze algorytmu.

Druga przedstawiona procedura nr 4.2 obejmuje obliczanie macierzy pomyłek *CF* oraz współczynników oceny klasyfikatorów zawartych w sekcji: 3.2.7 na podstawie modeli klasyfikatorów stworzonych dla optymalnych wartości parametrów znalezionych za pomocą procedury nr 4.1.

WYNIKI

Uzyskane na podstawie eksperymentu nr 1 wyniki zostały przedstawione w sekcji 5.6.1.

Algorytm 4.1: Procedura optymalizacji parametrów klasyfikatora SVM (dwa optymalizowane parametry) za pomocą metody *przeszukiwania siatki* dla *Eksperymentu nr 1*.

Dane:

X – macierz z surowymi danymi;
 W – macierz z wzorcowymi odpowiedziami;
 $svm_{type} \leftarrow 1$ – zdefiniowanie typu *SVM* na ν – *SVC*;
 $kernel_{type} \leftarrow 2$ – zdefiniowanie typu funkcji jądra na *RBF*;
 $[\gamma_b; \gamma_e]$ – zakres pierwszego optymalizowanego parametru: γ klasyfikatora *SVM* z krokiem γ_s ;
 $[\nu_b; \nu_e]$ – zakres drugiego optymalizowanego parametru: ν klasyfikatora *SVM* z krokiem ν_s ;
 $n \leftarrow 4$ – liczba kombinacji zbiorów uczących i testowych dla 4-krotnej walidacji krzyżowej;
 $w_u \leftarrow 1$ – waga dla błędów ze zbiorów uczących;
 $w_t \leftarrow 1$ – waga dla błędów ze zbiorów testowych;

Wyniki:

B – wektor z wyznaczonymi, optymalnymi parametrami klasyfikatora *SVM*: γ i ν ;

- 1 Wykonać jeden z rodzajów przetwarzania wstępnego sygnału według sekcji: 3.2.1 na podstawie: X w wyniku czego otrzymamy: X_P ;
 - 2 Wykonać jeden z rodzajów ekstrakcji cech według sekcji: 3.2.2 na podstawie: X_P w wyniku czego otrzymamy: X_E ;
 - 3 Utworzyć na podstawie X_E zbiory uczące: $U_1, \dots, U_4$ i testowe: $T_1, \dots, T_4$ oraz na podstawie W macierze wzorcowe: $W_{U_1}, \dots, W_{U_4}; W_{T_1}, \dots, W_{T_4}$ za pomocą metody n -krotnej walidacji krzyżowej opisanej w sekcji: 3.2.4;
 - 4 **for** $i \leftarrow \gamma_b$ **to** γ_e **z krokiem:** γ_s **do**
 - 5 **for** $j \leftarrow \nu_b$ **to** ν_e **z krokiem:** ν_s **do**
 - 6 **for** $k \leftarrow 1$ **to** n (liczba kombinacji zbiorów) **do**
 - 7 Utworzyć *model* klasyfikatora *SVM* w wyniku treningu na podstawie: svm_{type} , $kernel_{type}$, i, j, U_k i W_{U_k} ;
 - 8 Wyznaczyć odpowiedzi klasyfikatora *SVM* na podstawie stworzonego *modelu* dla zbioru uczącego U_k i testowego T_k ;
 - 9 Wyznaczyć liczbę błędów w zbiorze uczącym U_k i testowym T_k na podstawie wzorcowych odpowiedzi: W_{U_k} i W_{T_k} oraz zapisać ich wartości do wektorów $err_U(k)$ i $err_T(k)$;
 - 10 **end**
 - 11 Obliczyć sumy błędów err_{Usum} i err_{Tsum} dla zbiorów uczących $U_1, \dots, U_4$ i testowych $T_1, \dots, T_4$ na podstawie cząstkowych wartości błędów: err_U i err_T
 - 12 Zapisać wyniki err_{Usum} i err_{Tsum} wraz z wartościami optymalizowanych parametrów i, j do macierzy R ;
 - 13 **end**
 - 14 **end**
 - 15 Wyznaczyć na podstawie R wartości parametrów dla których osiągnięto najmniejszy błąd, według wzoru: $ERR = w_u \cdot err_{Usum} + w_t \cdot err_{Tsum}$ i zapisać ich wartości do wektora B ;
-

Algorytm 4.2: Procedura obliczania macierzy pomyłek CF oraz współczynników oceny klasyfikatorów zawartych w sekcji: 3.2.7 na podstawie modelu klasyfikatora SVM stworzonego dla optymalnych wartości parametrów znalezionych za pomocą procedury 4.1, dla Eksperymentu nr 1 – Podstawowa analiza sygnału EKG.

Dane:

$svm_{type} \leftarrow 1$ – zdefiniowanie typu SVM na $\nu - SVC$;
 $kernel_{type} \leftarrow 2$ – zdefiniowanie typu funkcji jądra na RBF ;
 $n \leftarrow 4$ – liczba kombinacji zbiorów uczących i testowych dla 4-krotnej walidacji krzyżowej;
 $U_1, \dots, U_4; T_1, \dots, T_4$ – zbiory uczące i testowe utworzone za pomocą n -krotnej metody walidacji krzyżowej, według procedury: 4.1;
 $W_{U1}, \dots, W_{U4}; W_{T1}, \dots, W_{T4}$ – macierze wzorcowe utworzone za pomocą n -krotnej metody walidacji krzyżowej, według procedury: 4.1;
 B – wektor z wyznaczonymi, optymalnymi parametrami klasyfikatora SVM : γ i ν ,
wyznaczonymi według procedury: 4.1;

Wyniki:

CF – macierz pomyłek z odpowiedziami klasyfikatora SVM ;

- 1 **for** $k \leftarrow 1$ **to** n (liczba kombinacji zbiorów) **do**
 - 2 Utworzyć *model* klasyfikatora SVM w wyniku treningu na podstawie: svm_{type} , $kernel_{type}$, B , U_k i W_{Uk} ;
 - 3 Wyznaczyć wektory odpowiedzi $O_U(k)$ i $O_T(k)$ klasyfikatora SVM na podstawie stworzonego *modelu* dla zbioru uczącego U_k i testowego T_k oraz zapisać je do macierzy O_U i O_T ;
 - 4 Wyznaczyć liczbę błędów w zbiorze uczącym U_k i testowym T_k na podstawie odpowiedzi: $O_U(k)$ i $O_T(k)$ oraz wzorcowych odpowiedzi: W_{Uk} i W_{Tk} oraz zapisać ich wartości do wektorów $err_U(k)$ i $err_T(k)$;
 - 5 **end**
 - 6 Utworzyć cząstkowe macierze pomyłek $CF_1, \dots, CF_4$ oraz całkowitą macierz pomyłek CF na podstawie macierzy wzorcowych: $W_{T1}, \dots, W_{T10}$ oraz macierzy z odpowiedziami klasyfikatora SVM : O_T (tylko dla zbiorów testowych ponieważ dla zbiorów uczących błąd err_U był zawsze równy zero);
 - 7 Obliczyć współczynniki oceny klasyfikatorów według sekcji: 3.2.7, na podstawie: $CF_1, \dots, CF_4$, CF oraz err_U i err_T ;
-

4.2. Eksperyment nr 2 – Genetyczna optymalizacja parametrów

HIPOTEZA

Zastosowanie *genetycznej optymalizacji parametrów klasyfikatorów* bazujących na 4 typach algorytmach uczenia maszynowego, *10-krotnej walidacji krzyżowej* oraz ekstrakcji cech obliczanej dla 4 szerokości okna Hamminga, przy wykorzystaniu 3 rodzajów normalizacji, spowoduje zwiększenie czułości diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego.

OPIS EKSPERYMENTU

Drugi eksperyment polegał na zastosowaniu *algorytmu genetycznego* (zamiast metody przeszukiwania siatki) sprzężonego z treningiem, testowaniem i metodą walidacji krzyżowej do optymalizacji parametrów klasyfikatorów bazujących na algorytmach uczenia maszynowego. W tym eksperymencie, w ramach ekstrakcji cech, zastosowano 4 szerokości okna Hamminga oraz porównano dwie metody walidacji krzyżowej: 4-krotną, 10-krotną i 3 rodzaje normalizacji.

SZCZEGÓŁOWE INFORMACJE

W tej sekcji zostały zaprezentowane szczegółowe informacje na temat przeprowadzonego doświadczenia nr 2.

W ramach drugiego eksperymentu zostały doświadczalnie przebadane i porównane dwie **metody optymalizacji parametrów klasyfikatorów**:

- *algorytm genetyczny*;
- *optymalizacja rojem cząstek*;

Kryterium doboru metody optymalizacji była sumaryczna liczba błędów w zbiorach uczących i testowych. Do dalszej analizy została wybrana optymalizacja parametrów klasyfikatorów za pomocą *algorytmu genetycznego* dzięki której osiągnięto mniejszą liczbę błędów. Na tej podstawie w kolejnych eksperymentach stosowano algorytm genetyczny do optymalizowania parametrów klasyfikatorów. Metoda *optymalizacji rojem cząstek* uzyskała podobne wyniki do metody *algorytmu genetycznego* jednak niewiele gorsze od niego.

W ramach drugiego eksperymentu zostały również przebadane i porównane trzy **rodzaje walidacji krzyżowej**:

- *4-krotna walidacja krzyżowa*;
- *10-krotna walidacja krzyżowa*;
- *walidacja minus jednego elementu*;

Do dalszej analizy wybrano *10-krotną walidację krzyżową* (którą stosowano w kolejnych eksperymentach) wykazującą kompromis pomiędzy skutecznością konstruowanych modeli klasyfikatorów i miarodajnością uzyskanych wyników, a złożonością obliczeniową.

W eksperymencie nr 2, w ramach estymowania widmowej gęstości mocy sygnału EKG, zastosowano i porównano 4 szerokości okna Hamminga, w porównaniu z poprzednim eksperymentem nr 1 dodano jedną szerokość okna Hamminga = 1024 próbki.

W ramach badań dotyczących eksperymentu nr 2 przebadano wiele konfiguracji parametrów algorytmu genetycznego i na tej podstawie wybrano optymalne wartości wykorzystywane w tym i kolejnych eksperymentach, które zostały przedstawione w tabelach nr 4.4, 4.5, 4.7, 4.10, 4.13 w tym rozdziale. Zoptymalizowany w ten sposób algorytm genetyczny był stosowany do optymalizacji parametrów klasyfikatorów i selekcji cech w systemach jedno warstwowych lub w pierwszej warstwie systemów wielowarstwowych.

Lokalne zakresy wartości genów dla poszczególnych klasyfikatorów (dla eksperymentów 2-6) zostały dobrane doświadczalnie na podstawie globalnych (szerszych) zakresów.

Szczegółowe informacje na temat kolejnych kroków przeprowadzonego eksperymentu nr 2 zostały przedstawione w tabelach nr 4.3 i 4.4. Informacje w nich zawarte obejmują m.in. podstawowe i zoptymalizowane parametry zaprojektowanych klasyfikatorów. W tabelach zostały również przedstawione informacje na temat parametrów algorytmu genetycznego wykorzystanego do optymalizacji klasyfikatorów oraz informacje na temat zastosowanych rodzajów walidacji krzyżowej.

SCHEMAT DOŚWIADCZENIA

W tej sekcji na rysunku nr 4.2 został przedstawiony schemat eksperymentu nr 2. Schemat przedstawia przepływ danych pomiędzy kolejnymi krokami eksperymentu. Na rysunku nr 4.2 został przedstawiony tylko jeden wariant walidacji krzyżowej: 10-krotny sprawdzian krzyżowy. Drugi wariant walidacji krzyżowej nie został przedstawiony ponieważ jest analogiczny do schematu 4-krotnej walidacji krzyżowej z rysunku nr 4.1.

PROCEDURY ALGORYTMU

W tej sekcji zostały przedstawione również dwie procedury wykorzystane w rozpoznawaniu sygnałów EKG w eksperymencie nr 2 dla klasyfikatora SVM.

Procedura nr 4.3 obejmuje algorytm optymalizacji parametrów klasyfikatora SVM (dwa zoptymalizowane parametry) za pomocą *algorytmu genetycznego* dla eksperymentu nr 2. Procedury algorytmów dla pozostałych klasyfikatorów: kNN, PNN i RBFNN różnią się jedynie mniejszą liczbą zoptymalizowanych parametrów (jeden zamiast dwóch), co oznacza redukcję genów w chromosomie (jeden gen zamiast dwóch) w procedurze algorytmu.

Natomiast procedura nr 4.4 obejmuje wyznaczanie *funkcji przystosowania* osobników, obliczanej w ramach *algorytmu genetycznego*, przedstawionego w procedurze nr 4.3. Procedura nr 4.3 została przedstawiona dla wariantu 10-krotnej walidacji krzyżowej. Natomiast dla drugiego typu walidacji: 4-krotnego sprawdzianu krzyżowego, należy jedynie zmienić wartość zmiennej n z 10 na 4.

Procedura obliczania odpowiedzi klasyfikatorów, macierzy pomyłek CF oraz współczynników oceny klasyfikatorów zawartych w sekcji: 3.2.7 na podstawie modeli klasyfikatorów (stworzonych dla optymalnych wartości parametrów znalezionych za pomocą procedury nr 4.3) jest analogiczna do procedury przedstawionej w eksperymencie nr 1: nr 4.2, z tego względu nie została, w tej sekcji, przedstawiona. Jedyna różnica polega na zastąpieniu 4-krotnej, 10-krotną walidacją krzyżową ($n = 10$ zamiast 4).

WYNIKI

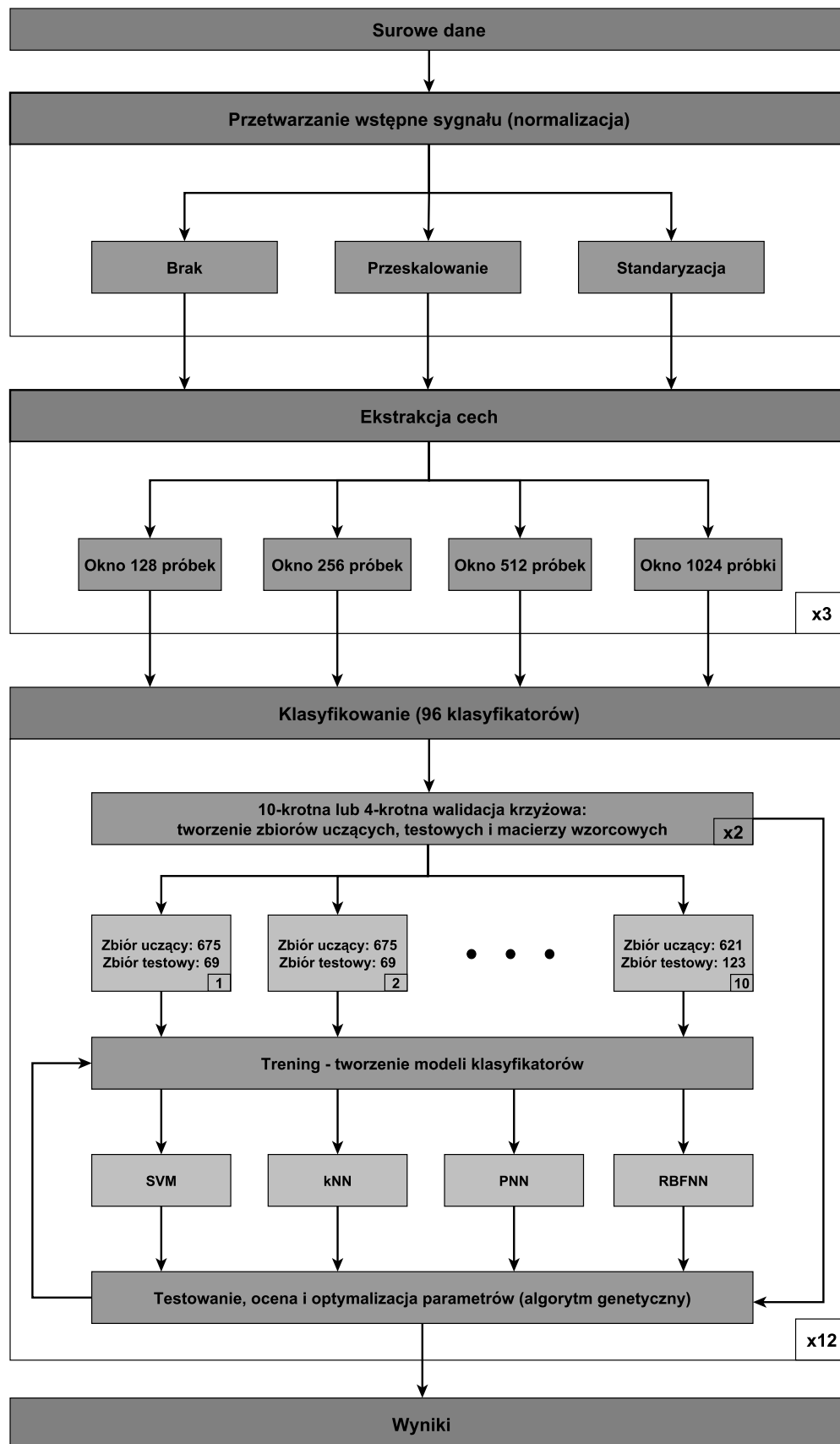
Uzyskane na podstawie eksperymentu nr 2 wyniki zostały przedstawione w sekcji 5.6.2.

Tablica 4.3: Szczegółowe informacje na temat kolejnych etapów: *Eksperymentu nr 2* (4.2).

Nazwa	Teoria	Opis
Surowe dane		
BAZA DANYCH: MIT-BIH ARRHYTHMIA	Sekcja: 3.1.3	744, 10-sekundowe (3600 próbek), fragmenty sygnału EKG od 29 pacjentów; 17 klas: prawidłowy rytm zatokowy + 16 dysfunkcji serca;
Przetwarzanie wstępne sygnału		
NORMALIZACJA	Sekcja: 3.2.1	- Brak; - Przeskalowanie amplitudy sygnału do przedziału: $[-1, 1]$; - Standaryzacja: wartość średnia = 0 i odchylenie standardowe = 1;
Ekstrakcja cech		
WIDMOWA GĘSTOŚĆ MOCY	Sekcja: 3.2.2	- Estymacja widmowej gęstości mocy sygnału EKG przy wykorzystaniu: metody Welch'a oraz dyskretnej transformacji Fouriera; - Cztery rodzaje szerokości okna Hamming: 128, 256, 512 i 1024 próbek; - Normalizacja przetworzonego sygnału: logarytmowanie; - Długość wektora cech (liczba wejść): 4001 składowych częstotliwościowych;
Selekcja cech		
Brak		
Walidacja krzyżowa		
4-KROTNY SPRAWDZIAN KRZYŻOWY	Sekcja: 3.2.4	4 modele klasyfikatorów; - Proporcjonalna liczba fragmentów sygnału EKG dla każdej klasy: około 75% sygnałów w zbiorach uczących i 25% w zbiorach testowych; 4 zbiory uczące (grupy 1-3: 523 elementy, grupa 4: 663 elementy); 4 zbiory testowe (grupy 1-3: 221 elementy, grupa 4: 81 elementów);
10-KROTNY SPRAWDZIAN KRZYŻOWY	Sekcja: 3.2.4	10 modeli klasyfikatorów; - Proporcjonalna liczba fragmentów sygnału EKG dla każdej klasy: około 90% sygnałów w zbiorach uczących i 10% w zbiorach testowych; 10 zbiorów uczących (grupy 1-9: 675 elementów, grupa 4: 621 elementów); 10 zbiorów testowych (grupy 1-9: 69 elementów, grupa 4: 123 elementy);
Klasyfikatory		
96 trenowanych, testowanych i optymalizowanych klasyfikatorów:		
4 typy klasyfikatorów · 4 szerokości okna Hamminga · 3 rodzaje przetwarzania wstępnego sygnału · 2 rodzaje walidacji krzyżowej		
Podstawowe parametry		
Wartości zmiennych parametrów zostały dobrane eksperymentalnie w eksperymencie nr 1, sekcja: 4.1		
SVM	Sekcja: 3.2.5	- Typ: nu-SVC; - Typ funkcji jądra: RBF (radialna, typu Gaussa); - Liczba wyjść = 1, ze zbioru $\{1, \dots, 17\}$;
KNN	Sekcja: 3.2.5	- Liczba najbliższych sąsiadów = 1; - Metryka obliczania dystansu: <i>Minkowski</i>; - Liczba wyjść = 1, ze zbioru $\{1, \dots, 17\}$;
PNN	Sekcja: 3.2.5	- Funkcja aktywacji: radialna (typu Gaussa) - współzawodnictwa; - Algorytm treningu: odwzorowanie zbioru uczącego na podstawie dystansu; - Metoda obliczania funkcji celu: sse; - Topologia (neurony): $4001 - 523 \vee 663 \vee 675 \vee 621 - 17$; Progi: $1 - 0$; - Liczba wyjść = 17, ze zbioru $\{0, 1\}$;
RBFNN	Sekcja: 3.2.5	- Funkcja aktywacji: radialna (typu Gaussa) - liniowa; - Algorytm treningu: odwzorowanie zbioru uczącego na podstawie dystansu; - Metoda obliczania funkcji celu: sse; - Topologia (neurony): $4001 - 523 \vee 663 \vee 675 \vee 621 - 17$; Progi: $1 - 1$; - Liczba wyjść = 17, ze zbioru $\{0, 1\}$, wartość 1 przypisana do wyjścia (klasy) z największym pobudzeniem;

Tablica 4.4: Kontynuacja szczegółowych informacji na temat *Eksperymentu nr 2* (4.2).

Nazwa	Teoria	Opis
Klasyfikatory		
Optymalizowane parametry		
Ostateczne zakresy parametrów zostały dobrane eksperymentalnie na podstawie szerszych zakresów		
SVM	Sekcja: 3.2.5	• Parametr γ ($-g$) determinujący rozpiętość funkcji radialnej (RBF) jądra, z zakresu: $[5 \cdot 10^{-7}; 5 \cdot 10^{-4}]$, z rozdzielczością: 10^{-14}, $50 \cdot 20 = 1000$ wartości; • Parametr nu ($-n$) determinujący szerokość marginesów, z zakresu: $[0.0001; 0.05]$, z rozdzielczością: 10^{-14}, $50 \cdot 20 = 1000$ wartości;
kNN	Sekcja: 3.2.5	• Parametr $exponent$ wpływający na obliczaną odległość Minkowskiego, z zakresu: $[0.01; 10]$, z rozdzielczością: 10^{-14}, $50 \cdot 20 = 1000$ wartości;
PNN	Sekcja: 3.2.5	• Parametr $spread$ determinujący rozpiętość funkcji radialnej (RBF) jądra sieci, z zakresu: $[1; 85]$, z rozdzielczością: 10^{-14}, $50 \cdot 20 = 1000$ wartości;
RBFNN	Sekcja: 3.2.5	• Parametr $spread$ determinujący rozpiętość funkcji radialnej (RBF) jądra sieci, z zakresu: $[10; 320]$, z rozdzielczością: 10^{-14}, $50 \cdot 20 = 1000$ wartości;
Optymalizacja parametrów klasyfikatorów		
ALGORYTM GENETYCZNY	Sekcja: 3.2.6	• Liczba osobników w populacji: 50; • Typ reprezentacji genów: liczby zmiennoprzecinkowe; • Budowa chromosomu: wektory zmiennoprzecinkowe typu: $[g_1, g_2]$, dla <i>SVM</i>, gdzie: g_1 – pierwszy gen determinujący wartość pierwszego parametru: γ, a g_2 – drugi gen determinujący wartość drugiego parametru: ν; w przypadku pozostałych klasyfikatorów (<i>kNN</i>, <i>PNN</i>, <i>RBFNN</i>) chromosom składa się z jednego genu: g determinującego wartość jednego optymalizowanego parametru; • Początkowa populacja: losowa, jednolita; • Zakres wartości genów: lokalny zakres wartości genów, dla poszczególnych parametrów klasyfikatorów, zgodny z informacjami podanymi w poprzednim wierszu tabeli: <i>Optymalizowane parametry</i>, dobrany doświadczalnie na podstawie globalnego zakresu (szerszego); • Docelowa wartość funkcji przystosowania: 0; • Maksymalna liczba pokoleń: 20; • Rodzaj krzyżowania: arytmetyczne; Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.6; • Rodzaj mutacji: jednolita; Prawdopodobieństwo mutacji: 0.3; • Liczba najlepiej przystosowanych osobników które przejdą niezmienione do następnego pokolenia: 3; • Metoda skalowania wartości funkcji przystosowania: rankingowa; • Metoda selekcji rodziców: turniejowa; • Funkcja przystosowania osobników obliczana na podstawie wzoru: $ERR = w_u \cdot err_{Usum} + w_t \cdot err_{Tsum} \quad (4.2)$ gdzie: $w_u = 1$ – waga dla błędów ze zbiorów uczących; $w_t = 1$ – waga dla błędów ze zbiorów testowych; err_{Usum} – sumaryczna liczba błędów w $4 \vee 10$ zbiorach uczących; err_{Tsum} – sumaryczna liczba błędów w $4 \vee 10$ zbiorach testowych;
Ocena uzyskanych wyników		
KRYTERIA	Sekcja: 3.2.7	• Macierz pomyłek (<i>CF</i>); • Skuteczność (<i>ACC</i>); Czulość (<i>SEN</i>); Specyficzność (<i>SPE</i>); • Suma błędów (ERR_{sum}); • Współczynnik κ; • Czas treningu (C_t); Czas klasyfikowania (C_k); Czas optymalizacji (C_o);



Rysunek 4.2: Schemat *Eksperymentu nr 2 – Genetyczna optymalizacja parametrów*, schemat przedstawia tylko jeden wariant walidacji krzyżowej: 10-krotny sprawdzian krzyżowy.

Algorytm 4.3: Procedura optymalizacji parametrów klasyfikatora SVM (dwa optymalizowane parametry) za pomocą ALGORYTMU GENETYCZNEGO dla *Eksperymentu nr 2*.

Dane: X – macierz z surowymi danymi; W – macierz z wzorcowymi odpowiedziami; $n \leftarrow 10$ – liczba kombinacji zbiorów uczących i testowych dla 10-krotnej walidacji krzyżowej;**Wyniki:** B – wektor z wyznaczonymi, optymalnymi parametrami klasyfikatora *SVM*: γ i ν oraz wartością FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA: f_p ;

- 1 Wykonać jeden z rodzajów przetwarzania wstępnego sygnału według sekcji: 3.2.1 na podstawie: X w wyniku czego otrzymamy: X_P ;
 - 2 Wykonać jeden z rodzajów ekstrakcji cech według sekcji: 3.2.2 na podstawie: X_P w wyniku czego otrzymamy: X_E ;
 - 3 Utworzyć na podstawie X_E zbiory uczące: $U_1, \dots, U_{10}$ i testowe: $T_1, \dots, T_{10}$ oraz na podstawie W macierze wzorcowe: $W_{U_1}, \dots, W_{U_{10}}; W_{T_1}, \dots, W_{T_{10}}$ za pomocą metody n -krotnej walidacji krzyżowej opisanej w sekcji: 3.2.4;
 - 4 Ustawić parametry ALGORYTMU GENETYCZNEGO zgodnie z tabelą nr: 4.4, m.in.:
 - liczba osobników w populacji $\leftarrow o = 50$
 - zakończenie algorytmu $\leftarrow$ wartość funkcji dopasowania: $f_p = 0$ lub pokolenia: $p = 20$
- ALGORYTM GENETYCZNY** (sekcja: 3.2.6):
- 5 Stworzyć początkową populację P , w której chromosomy osobników są wektorem postaci: $x = [g_1, g_2]$, gdzie g_1 – pierwszy gen determinujący wartość pierwszego optymalizowanego parametru *SVM*: γ , a g_2 – drugi gen determinujący wartość drugiego parametru: ν ;
 - 6 **for** $i \leftarrow 1$ **to** p (liczba pokoleń) **do**
 - 7 **for** $j \leftarrow 1$ **to** o (liczba osobników) **do**
 - 8 Wyznaczyć wektor r dla osobnika j z populacji P składający się z: wartości FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p wraz z odpowiadającym jej wektorem z wartościami optymalizowanych parametrów: x_j dla osobnika, według procedury: 4.4 i zapisać wyniki w macierzy $R(j)$;
 - 9 **end**
 - 10 **if** $f_p == 0$ w R **then** /* Zakończenie algorytmu */
 - 11 Wyprowadzić „najlepszego” osobnika w postaci wektora B , na podstawie macierzy R ;
 - 12 **break**
 - 13 **else**
 - 14 Wykonać selekcję osobników;
 - 15 Zastosować operatory genetyczne: krzyżowanie i mutację;
 - 16 Utworzyć nową populację P ;
 - 17 **end**
 - 18 **end**
 - 19 Wyprowadzić „najlepszego” osobnika w postaci wektora B , na podstawie macierzy R ;
-

Algorytm 4.4: Procedura wyznaczania FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p osobników, obliczana w ramach ALGORYTMU GENETYCZNEGO, przedstawionego w procedurze: 4.3, dla wariantu 10-krotnej walidacji krzyżowej, dla *Eksperymentu nr 2 – Genetyczna optymalizacja parametrów*.

Dane:

$svm_{type} \leftarrow 1$ – zdefiniowanie typu SVM na $\nu - SVC$;
 $kernel_{type} \leftarrow 2$ – zdefiniowanie typu funkcji jądra na RBF ;
 $n \leftarrow 10$ – liczba kombinacji zbiorów uczących i testowych dla 10-krotnej walidacji krzyżowej;
 $U_1, \dots, U_{10}; T_1, \dots, T_{10}$ – zbiory uczące i testowe utworzone za pomocą n -krotnej metody walidacji krzyżowej, według procedury: 4.3;
 $W_{U1}, \dots, W_{U10}; W_{T1}, \dots, W_{T10}$ – macierze wzorcowe utworzone za pomocą n -krotnej metody walidacji krzyżowej, według procedury: 4.3;
 x – chromosom danego osobnika w postaci wektora: $[g_1, g_2]$ składający się z dwóch genów z wartościami optymalizowanych parametrów klasyfikatora SVM ;
 $w_u \leftarrow 1$ – waga dla błędów ze zbiorów uczących;
 $w_t \leftarrow 1$ – waga dla błędów ze zbiorów testowych;

Wyniki:

r – wektor składający się z: wartości FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p wraz z odpowiadającym jej wektorem x , z wartościami optymalizowanych parametrów klasyfikatora SVM dla danego osobnika;

- 1 Zapisać wartości parametrów klasyfikatora SVM : svm_{type} , $kernel_{type}$ i x do wektora: $opcje$;
 - 2 **for** $k \leftarrow 1$ **to** n (liczba kombinacji zbiorów) **do**
 - 3 Utworzyć *model* klasyfikatora SVM w wyniku treningu na podstawie: $opcje$, U_k i W_{Uk} ;
 - 4 Wyznaczyć odpowiedzi klasyfikatora SVM na podstawie stworzonego *modelu* dla zbioru uczącego U_k i testowego T_k oraz zapisać ich wartości do wektorów $O_U(k)$ i $O_T(k)$;
 - 5 Wyznaczyć liczbę błędów w zbiorze uczącym U_k i testowym T_k na podstawie odpowiedzi klasyfikatora: $O_U(k)$ i $O_T(k)$ oraz wzorcowych odpowiedzi: W_{Uk} i W_{Tk} oraz zapisać ich wartości do wektorów $err_U(k)$ i $err_T(k)$;
 - 6 **end**
 - 7 Obliczyć sumy błędów err_{Usum} i err_{Tsum} dla zbiorów uczących $U_1, \dots, U_{10}$ i testowych $T_1, \dots, T_{10}$ na podstawie cząstkowych wartości błędów: err_U i err_T ;
 - 8 Wyznaczyć na podstawie err_{Usum} i err_{Tsum} wartość FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p , według wzoru: $ERR = w_u \cdot err_{Usum} + w_t \cdot err_{Tsum}$;
 - 9 Zapisać wartość FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p wraz z wartościami odpowiadających jej parametrów x do wektora r ;
-

4.3. Eksperyment nr 3 – Genetyczna selekcja cech

HIPOTEZA

Zastosowanie **genetycznej selekcji cech** (składowych częstotliwościowych widmowej gęstości mocy sygnału EKG) sprzężonej z genetyczną optymalizacją parametrów 4 typów klasyfikatorów, przy wykorzystaniu: 3 rodzajów normalizacji, 10-krotnej walidacji krzyżowej oraz ekstrakcji cech obliczanej dla 4 szerokości okna Hamminga, spowoduje zwiększenie czułości diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego.

OPIS EKSPERYMENTU

Trzeci eksperyment polegał na zastosowaniu, dodatkowo, **genetycznej selekcji cech** polegającej na eliminowaniu składowych częstotliwościowych *widmowej gęstości mocy* sygnału EKG, przenoszących nadmiarowe lub błędne informacje, sprzężonej z *genetyczną optymalizacją parametrów* 4 typów klasyfikatorów. W eksperymencie zastosowano i porównano: 3 rodzaje *normalizacji*, 4 szerokości *okna Hamminga* (w ramach *ekstrakcji cech*) oraz *10-krotną walidację krzyżową*.

SZCZEGÓŁOWE INFORMACJE

W tej sekcji zostały zaprezentowane szczegółowe informacje na temat przeprowadzonego doświadczenia nr 3.

W ramach tego eksperymentu przebadano skutek zastosowania genetycznej selekcji cech składowych częstotliwościowych *widmowej gęstości mocy* sygnału EKG. Zastosowanie selekcji cech powinno zwiększyć czułość diagnozowania patologii serca ze względu na usunięcie nadmiarowych lub błędnych informacji. Kolejnym pozytywnym skutkiem jest zredukowanie długości wejściowego wektora cech, dzięki czemu zwiększamy efekt generalizacji wiedzy przez klasyfikatory, obniżamy efekt przeuczenia oraz skracamy czas treningu, optymalizacji i klasyfikowania. Autor w niniejszej pracy do selekcji cech zastosował algorytm genetyczny realizujący również optymalizację parametrów klasyfikatorów. Algorytm genetyczny został sprzężony z 10-krotną metodą walidacji krzyżowej podczas trenowania i testowania klasyfikatorów. Celem genetycznej selekcji cech było wyeliminowanie składowych częstotliwości odpowiadających: szumom, błędom pomiarowym, składowym zasilania sieciowego, pływającej izolacji oraz nadmiarowym informacjom.

Szczegółowe informacje na temat kolejnych kroków przeprowadzonego eksperymentu nr 3 zostały przedstawione w tabelach nr 4.5 i 4.6. Informacje w nich zawarte obejmują m.in. podstawowe i optymalizowane parametry zaprojektowanych klasyfikatorów wraz z parametrami algorytmu genetycznego wykorzystanego do selekcji cech i optymalizacji parametrów klasyfikatorów.

SCHEMAT DOŚWIADCZENIA

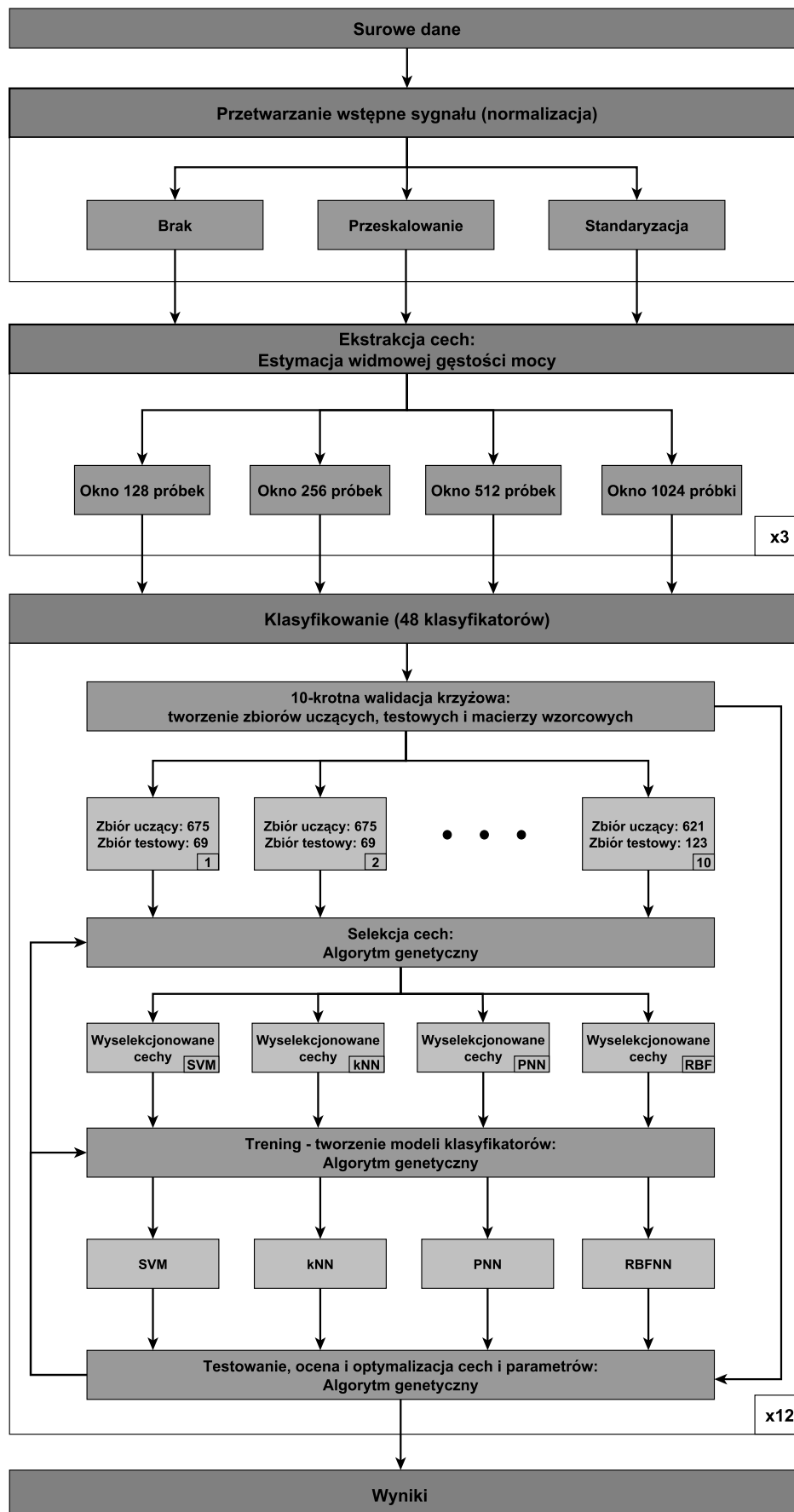
W tej sekcji na rysunku nr 4.3 został przedstawiony schemat eksperymentu nr 3. Schemat przedstawia przepływ danych pomiędzy kolejnymi krokami eksperymentu.

Tablica 4.5: Szczegółowe informacje na temat kolejnych etapów: *Eksperymentu nr 3* (4.3).

Nazwa	Teoria	Opis
Surowe dane		
BAZA DANYCH: MIT-BIH ARRHYTHMIA	Sekcja: 3.1.3	744, 10-sekundowe (3600 próbek), fragmenty sygnału EKG od 29 pacjentów; 17 klas: prawidłowy rytm zatokowy + 16 dysfunkcji serca;
Przetwarzanie wstępne sygnału		
NORMALIZACJA	Sekcja: 3.2.1	- Brak; - Przeskalowanie amplitudy sygnału do przedziału: $[-1, 1]$; - Standaryzacja: wartość średnia = 0 i odchylenie standardowe = 1;
Ekstrakcja cech		
WIDMOWA GĘSTOŚĆ MOCY	Sekcja: 3.2.2	- Estymacja widmowej gęstości mocy sygnału EKG przy wykorzystaniu: metody Welch'a oraz dyskretnej transformacji Fouriera; 4 rodzaje szerokości okna Hamming: 128, 256, 512 i 1024 próbek; - Normalizacja przetworzonego sygnału: logarytmowanie; - Długość wektora cech (liczba wejść): 4001 składowych częstotliwościowych;
Selekcja cech		
ALGORYTM GENETYCZNY	Sekcja: 3.2.3	- Algorytm genetyczny został wykorzystany do selekcji cech sprzężonej z optymalizacją parametrów klasyfikatorów; - Liczba osobników w populacji: 50; - Typ reprezentacji genów: liczby zmiennoprzecinkowe; - Budowa chromosomu: wektory zmiennoprzecinkowe typu: $[g_1, g_2, c_1, \dots, c_{4001}]$, dla <i>SVM</i>, gdzie: g_1 – pierwszy gen determinujący wartość pierwszego parametru: γ, g_2 – drugi gen determinujący wartość drugiego parametru: ν, a $c_1, \dots, c_{4001}$ – 4001 genów, o wartościach z przedziału: $[0, 1]$ zaokrąglanych do wartości 1 – pozostawienie cechy lub 0 – odrzucenie cechy; w przypadku pozostałych klasyfikatorów (<i>kNN, PNN, RBFNN</i>) chromosom składa się z jednego genu g, determinującego wartość jednego optymalizowanego parametru; - Początkowa populacja: losowa, jednolita; - Zakres wartości genów: lokalny zakres wartości genów, dla poszczególnych parametrów klasyfikatorów, zgodny z informacjami podanymi w tabeli nr 4.6, w wierszu: <i>Optymalizowane parametry</i>, dobrany doświadczalnie na podstawie globalnego (szerszego) zakresu; dla selekcji cech zakres: $[0, 1]$; - Docelowa wartość funkcji przystosowania: 0; - Maksymalna liczba pokoleń: $20 \vee 30$; - Rodzaj krzyżowania: pośrednie; Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.7; - Rodzaj mutacji: jednolita; Prawdopodobieństwo mutacji: 0.3; - Liczba najlepiej przystosowanych osobników które przejdą niezmienione do następnego pokolenia: 3; - Metoda skalowania wartości funkcji przystosowania: rankingowa; - Metoda selekcji rodziców: turniejowa; - Funkcja przystosowania osobników obliczana na podstawie wzoru: $ERR = w_u \cdot err_{Usum} + w_t \cdot err_{Tsum} + w_c \cdot \frac{C_z}{C} \quad (4.3)$ gdzie: w_u = 1 – waga dla błędów ze zbiorów uczących; w_t = 1 – waga dla błędów ze zbiorów testowych; w_c = 1 – waga dla współczynnika pozostawionych cech; err_{Usum} – sumaryczna liczba błędów w 10 zbiorach uczących; err_{Tsum} – sumaryczna liczba błędów w 10 zbiorach testowych; $\frac{C_z}{C}$ – współczynnik pozostawionych cech: stosunek liczby pozostawionych cech C_z do wszystkich cech C; - W wyniku selekcji cech została zredukowana, średnio dwukrotnie, długość wektora cech (liczba wejść) do wartości około 2000 cech (próbek sygnału EKG), szczegółowe informacje na ten temat można znaleźć w tabeli nr 5.4;

Tablica 4.6: Kontynuacja szczegółowych informacji na temat *Eksperymentu nr 3* (4.3).

Nazwa	Teoria	Opis
Walidacja krzyżowa		
10-KROTNY SPRAWDZIAN KRZYŻOWY	Sekcja: 3.2.4	10 modeli klasyfikatorów; - Proporcjonalna liczba fragmentów sygnału EKG dla każdej klasy: około 90% sygnałów w zbiorach uczących i 10% w zbiorach testowych; 10 zbiorów uczących (grupy 1-9: 675 elementów, grupa 4: 621 elementów); 10 zbiorów testowych (grupy 1-9: 69 elementów, grupa 4: 123 elementy);
Klasyfikatory		
48 trenowanych, testowanych i optymalizowanych klasyfikatorów: 4 typy klasyfikatorów · 4 szerokości okna Hamminga · 3 rodzaje przetwarzania wstępnego sygnału · 1 rodzaj walidacji krzyżowej		
Podstawowe parametry		
Wartości zmiennych parametrów zostały dobrane eksperymentalnie w eksperymencie nr 1, sekcja: 4.1		
SVM	Sekcja: 3.2.5	- Typ: nu-SVC; - Typ funkcji jądra: RBF (radialna, typu Gaussa); - Liczba wyjść = 1, ze zbioru {1, ..., 17};
KNN	Sekcja: 3.2.5	- Liczba najbliższych sąsiadów = 1; - Metryka obliczania dystansu: <i>Minkowski</i>; - Liczba wyjść = 1, ze zbioru {1, ..., 17};
PNN	Sekcja: 3.2.5	- Funkcja aktywacji: radialna (typu Gaussa) - współzawodnictwa; - Algorytm treningu: odwzorowanie zbioru uczącego na podstawie dystansu; - Metoda obliczania funkcji celu: sse; - Topologia (neurony): długość wektora cech – 675 ∨ 621 – 17; Progi: 1 – 0; - Liczba wyjść = 17, ze zbioru {0, 1};
RBFNN	Sekcja: 3.2.5	- Funkcja aktywacji: radialna (typu Gaussa) - liniowa; - Algorytm treningu: odwzorowanie zbioru uczącego na podstawie dystansu; - Metoda obliczania funkcji celu: sse; - Topologia (neurony): długość wektora cech – 675 ∨ 621 – 17; Progi: 1 – 1; - Liczba wyjść = 17, ze zbioru {0, 1}, wartość 1 przypisana do wyjścia (klasy) z największym pobudzeniem;
Optymalizowane parametry		
Ostateczne zakresy parametrów zostały dobrane eksperymentalnie na podstawie szerszych zakresów		
SVM	Sekcja: 3.2.5	- Parametr γ ($-g$) determinujący rozpiętość funkcji radialnej (RBF) jądra, z zakresu: $[2 \cdot 10^{-6}; 2 \cdot 10^{-4}]$, z rozdzielczością: 10^{-14}, $50 \cdot 30 = 1500$ wartości; - Parametr nu ($-n$) determinujący szerokość marginesów, z zakresu: $[0.001; 0.05]$, z rozdzielczością: 10^{-14}, $50 \cdot 30 = 1500$ wartości;
KNN	Sekcja: 3.2.5	Parametr <i>exponent</i> wpływający na obliczaną odległość Minkowskiego, z zakresu: $[0.01; 100]$, z rozdzielczością: 10^{-14}, $50 \cdot 20 = 1000$ wartości;
PNN	Sekcja: 3.2.5	Parametr <i>spread</i> determinujący rozpiętość funkcji radialnej (RBF) jądra sieci, z zakresu: $[1; 100]$, z rozdzielczością: 10^{-14}, $50 \cdot 20 = 1000$ warto.
RBFNN	Sekcja: 3.2.5	Parametr <i>spread</i> determinujący rozpiętość funkcji radialnej (RBF) jądra sieci, z zakresu: $[1; 300]$, z rozdzielczością: 10^{-14}, $50 \cdot 20 = 1000$ warto.
Optymalizacja parametrów klasyfikatorów		
ALGORYTM GENETYCZNY	Sekcja: 3.2.6	<i>Algorytm genetyczny</i> zastosowany do optymalizacji parametrów klasyfikatorów został sprzężony z <i>selekcją cech</i>. Dokładny opis jego parametrów znajduje się w tabeli nr 4.5 w sekcji: <i>Selekcja cech</i>;
Ocena uzyskanych wyników		
KRYTERIA	Sekcja: 3.2.7	- Macierz pomyłek (<i>CF</i>); - Skuteczność (<i>ACC</i>); Czułość (<i>SEN</i>); Specyficzność (<i>SPE</i>); - Suma błędów (<i>ERR_{sum}</i>); - Współczynnik κ; Współczynnik pozostawionych cech W_C; - Czas treningu (C_t); Czas klasyfikowania (C_k); Czas optymalizacji (C_o);



Rysunek 4.3: Schemat Eksperymentu nr 3 – Genetyczna selekcja cech.

PROCEDURY ALGORYTMU

W tej sekcji zostały przedstawione również trzy procedury wykorzystane w rozpoznawaniu sygnałów EKG w eksperymencie nr 3 dla klasyfikatora SVM.

Procedura nr 4.5 obejmuje algorytm optymalizacji parametrów klasyfikatora SVM (dwa optymalizowane parametry) sprzężony z algorytmem selekcji cech za pomocą *algorytmu genetycznego* dla eksperymentu nr 3. Procedury algorytmów dla pozostałych klasyfikatorów: kNN, PNN i RBFNN są analogiczne i różnią się jedynie mniejszą liczbą optymalizowanych parametrów (jeden zamiast dwóch), co oznacza redukcję genów w chromosomie odpowiadających parametrom klasyfikatorów (jeden gen zamiast dwóch pierwszych) w procedurze algorytmu.

Natomiast procedura nr 4.6 obejmuje wyznaczanie *funkcji przystosowania* osobników, obliczanej w ramach *algorytmu genetycznego*, przedstawionego w procedurze nr 4.5. Procedura nr 4.6 została przedstawiona dla 10-krotnej walidacji krzyżowej zgodnie z metodologią eksperymentu nr 3.

Procedura nr 4.7 obejmuje obliczanie odpowiedzi klasyfikatorów, macierzy pomyłek *CF* oraz współczynników oceny klasyfikatorów zawartych w sekcji: 3.2.7 na podstawie modeli klasyfikatorów (stworzonych dla optymalnych wartości parametrów znalezionych za pomocą procedury nr 4.5) oraz optymalnego wektora cech wejściowych (wyznaczonego za pomocą procedury nr 4.5).

WYNIKI

Uzyskane na podstawie eksperymentu nr 3 wyniki zostały przedstawione w sekcji 5.6.3.

Algorytm 4.5: Procedura optymalizacji parametrów klasyfikatora SVM (dwa optymalizowane parametry) i selekcji cech za pomocą ALGORYTMU GENETYCZNEGO dla *Eksperymentu nr 3*.

Dane:

- X – macierz z surowymi danymi;
- W – macierz z wzorcowymi odpowiedziami;
- $n \leftarrow 10$ – liczba kombinacji zbiorów uczących i testowych dla 10-krotnej walidacji krzyżowej;

Wyniki:

- B – wektor z wartością FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA: f_p wraz z wektorem x z wyznaczonymi, optymalnymi parametrami klasyfikatora SVM : γ i ν oraz wyselekcjonowanymi cechami;
- O_U i O_T – macierze z odpowiedziami klasyfikatora SVM ;

- 1 Wykonać jeden z rodzajów przetwarzania wstępnego sygnału według sekcji: 3.2.1 na podstawie: X w wyniku czego otrzymamy: X_P ;
 - 2 Wykonać jeden z rodzajów ekstrakcji cech według sekcji: 3.2.2 na podstawie: X_P w wyniku czego otrzymamy: X_E ;
 - 3 Utworzyć na podstawie X_E zbiory uczące: $U_1, \dots, U_{10}$ i testowe: $T_1, \dots, T_{10}$ oraz na podstawie W macierze wzorcowe: $W_{U1}, \dots, W_{U10}$; $W_{T1}, \dots, W_{T10}$ za pomocą metody n -krotnej walidacji krzyżowej opisanej w sekcji: 3.2.4;
 - 4 Ustawić parametry ALGORYTMU GENETYCZNEGO zgodnie z tabelą nr: 4.5, m.in.:
 - liczba osobników w populacji $\leftarrow o = 50$
 - zakończenie algorytmu $\leftarrow$ wartość funkcji dopasowania: $f_p = 0$ lub pokolenia: $p = 20$
 - ALGORYTM GENETYCZNY (sekcja: 3.2.6):
 - 5 Stworzyć początkową populację P , w której chromosomy osobników są wektorem postaci:

$$x = [g_1, g_2, c_1, \dots, c_{4001}]$$
 gdzie g_1 – pierwszy gen determinujący wartość pierwszego optymalizowanego parametru SVM : γ , a g_2 – drugi gen determinujący wartość drugiego parametru: ν , $c_1, \dots, c_{4001}$ geny odpowiedzialne za selekcję cech;
 - 6 **for** $i \leftarrow 1$ **to** p (liczba pokoleń) **do**
 - 7 **for** $j \leftarrow 1$ **to** o (liczba osobników) **do**
 - 8 Wyznaczyć wektor r dla osobnika j z populacji P składający się z: wartości FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p wraz z odpowiadającym jej wektorem x_j z wartościami optymalizowanych parametrów i wyselekcjonowanymi cechami oraz wyznaczyć macierze z odpowiedziami klasyfikatora: O_U i O_T , według procedury: 4.6 i zapisać wyniki w macierzy $R(j)$ oraz w macierzach O_{Uj} i O_{Tj} ;
 - 9 **end**
 - 10 **if** $f_p == 0$ **w** R **then** /* Zakończenie algorytmu */
 - 11 Wyprowadzić „najlepszego” osobnika w postaci wektora B , na podstawie macierzy R wraz z odpowiadającymi mu macierzami odpowiedzi: O_U i O_T ;
 - 12 **break**
 - 13 **else**
 - 14 Wykonać selekcję osobników;
 - 15 Zastosować operatory genetyczne: krzyżowanie i mutację;
 - 16 Utworzyć nową populację P ;
 - 17 **end**
 - 18 **end**
 - 19 Wyprowadzić „najlepszego” osobnika w postaci wektora B , na podstawie macierzy R wraz z odpowiadającymi mu macierzami odpowiedzi: O_U i O_T ;
-

Algorytm 4.6: Procedura wyznaczania FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p osobników, obliczana w ramach ALGORYTMU GENETYCZNEGO, przedstawionego w procedurze: 4.5, dla wariantu 10-krotnej walidacji krzyżowej, dla *Eksperymentu nr 3 – Genetyczna optymalizacja parametrów*.

Dane:

$svm_{type} \leftarrow 1$ – zdefiniowanie typu *SVM* na $\nu - SVC$;
 $kernel_{type} \leftarrow 2$ – zdefiniowanie typu funkcji jądra na *RBF*;
 $n \leftarrow 10$ – liczba kombinacji zbiorów uczących i testowych dla 10-krotnej walidacji krzyżowej;
 $U_1, \dots, U_{10}; T_1, \dots, T_{10}$ – zbiory uczące i testowe utworzone za pomocą n -krotnej metody walidacji krzyżowej, według procedury: 4.5;
 $W_{U1}, \dots, W_{U10}; W_{T1}, \dots, W_{T10}$ – macierze wzorcowe utworzone za pomocą n -krotnej metody walidacji krzyżowej, według procedury: 4.5;
 x – chromosom danego osobnika w postaci wektora: $[g_1, g_2, c_1, \dots, c_{4001}]$ składającego się z dwóch genów z wartościami optymalizowanych parametrów klasyfikatora *SVM* oraz genami odpowiedzialnymi za selekcję cech;
 $w_u \leftarrow 1$ – waga dla błędów ze zbiorów uczących;
 $w_t \leftarrow 1$ – waga dla błędów ze zbiorów testowych;
 $w_c \leftarrow 1$ – waga dla współczynnika pozostawionych cech;

Wyniki:

r – wektor składający się z: wartości FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p wraz z odpowiadającym jej wektorem x , z wartościami optymalizowanych parametrów klasyfikatora *SVM* oraz wyselekcjonowanymi cechami dla danego osobnika;
 O_U i O_T – macierze z odpowiedziami klasyfikatora;

- 1 Zaokrąglić wartości wektora $x_{3:4003}$ do wartości $0 \vee 1$;
 - 2 Wykonać selekcję cech na zbiorach uczących: $U_1, \dots, U_{10}$ i testowych: $T_1, \dots, T_{10}$ na podstawie wektora $x_{3:4003}$ poprzez usunięcie cech (składowych częstotliwościowych) odpowiadających wartościom 0 oraz zapisać ich wartości do macierzy: $U_{c1}, \dots, U_{c10}$ i $T_{c1}, \dots, T_{c10}$;
 - 3 Zapisać wartości parametrów klasyfikatora SVM: svm_{type} , $kernel_{type}$ i $x_{1:2}$ do wektora: *opcje*;
 - 4 **for** $k \leftarrow 1$ **to** n (liczba kombinacji zbiorów) **do**
 - 5 Utworzyć *model* klasyfikatora *SVM* w wyniku treningu na podstawie: *opcje*, U_{ck} i W_{Uk} ;
 - 6 Wyznaczyć odpowiedzi klasyfikatora *SVM* na podstawie stworzonego *modelu* dla zbioru uczącego U_{ck} i testowego T_{ck} oraz zapisać ich wartości do wektorów $O_U(k)$ i $O_T(k)$;
 - 7 Wyznaczyć liczbę błędów w zbiorze uczącym U_{ck} i testowym T_{ck} na podstawie odpowiedzi klasyfikatora $O_U(k)$ i $O_T(k)$ oraz wzorcowych odpowiedzi: W_{Uk} i W_{Tk} oraz zapisać ich wartości do wektorów $err_U(k)$ i $err_T(k)$;
 - 8 **end**
 - 9 Obliczyć sumy błędów err_{Usum} i err_{Tsum} dla zbiorów uczących $U_{c1}, \dots, U_{c10}$ i testowych $T_{c1}, \dots, T_{c10}$ na podstawie cząstkowych wartości błędów: err_U i err_T ;
 - 10 Wyznaczyć na podstawie err_{Usum} i err_{Tsum} wartość FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p , według wzoru: $ERR = w_u \cdot err_{Usum} + w_t \cdot err_{Tsum} + w_c \cdot \frac{C_z}{C}$, gdzie: C_z jest liczbą pozostawionych cech, a C jest liczbą wszystkich cech;;
 - 11 Zapisać wartość FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p wraz z odpowiadającym jej wektorem x z wartościami parametrów klasyfikatora i zaokrąglonymi wartościami wyselekcjonowanych cech do wektora r oraz zapisać macierze z odpowiedziami klasyfikatora: O_U i O_T ;
-

Algorytm 4.7: Procedura obliczania macierzy pomyłek CF oraz współczynników oceny klasyfikatorów zawartych w sekcji: 3.2.7 na podstawie wyselekcjonowanych cech sygnału EKG oraz modelu klasyfikatora SVM stworzonego dla optymalnych wartości parametrów znalezionych za pomocą procedury 4.5, dla Eksperymentu nr 3 – Genetyczna selekcja cech.

Dane:

$svm_{type} \leftarrow 1$ – zdefiniowanie typu SVM na $\nu - SVC$;
 $kernel_{type} \leftarrow 2$ – zdefiniowanie typu funkcji jądra na RBF ;
 $n \leftarrow 10$ – liczba kombinacji zbiorów uczących i testowych dla 10-krotnej walidacji krzyżowej;
 $U_1, \dots, U_{10}; T_1, \dots, T_{10}$ – zbiory uczące i testowe utworzone za pomocą n -krotnej metody walidacji krzyżowej, według procedury: 4.5;
 $W_{U1}, \dots, W_{U10}; W_{T1}, \dots, W_{T10}$ – macierze wzorcowe utworzone za pomocą n -krotnej metody walidacji krzyżowej, według procedury: 4.5;
 B – wektor postaci: $[f_p, g_1, g_2, c_1, \dots, c_{4001}]$, z wartością FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA: f_p wraz z wektorem x z wyznaczonymi, optymalnymi parametrami klasyfikatora SVM : γ i ν oraz wyselekcjonowanymi cechami, wyznaczony według procedury: 4.5;

Wyniki:

CF – macierz pomyłek z odpowiedziami klasyfikatora SVM ;

- 1 Wykonać selekcję cech na zbiorach uczących: $U_1, \dots, U_{10}$ i testowych: $T_1, \dots, T_{10}$ na podstawie wektora $B_{4:4004}$ poprzez usunięcie cech (składowych częstotliwościowych) odpowiadających wartościom 0 oraz zapisać ich wartości do macierzy: $U_{c1}, \dots, U_{c10}$ i $T_{c1}, \dots, T_{c10}$;
 - 2 Zapisać wartości parametrów klasyfikatora SVM : svm_{type} , $kernel_{type}$ i $B_{2:3}$ do wektora: $opcje$;
 - 3 **for** $k \leftarrow 1$ **to** n (liczba kombinacji zbiorów) **do**
 - 4 Utworzyć *model* klasyfikatora SVM w wyniku treningu na podstawie: $opcje$, U_{ck} i W_{Uk} ;
 - 5 Wyznaczyć wektory odpowiedzi $O_U(k)$ i $O_T(k)$ klasyfikatora SVM na podstawie stworzonego *modelu* dla zbioru uczącego U_{ck} i testowego T_{ck} oraz zapisać je do macierzy O_U i O_T ;
 - 6 Wyznaczyć liczbę błędów w zbiorze uczącym U_{ck} i testowym T_{ck} na podstawie odpowiedzi: $O_U(k)$ i $O_T(k)$ oraz wzorcowych odpowiedzi: W_{Uk} i W_{Tk} oraz zapisać ich wartości do wektorów $err_U(k)$ i $err_T(k)$;
 - 7 **end**
 - 8 Utworzyć cząstkowe macierze pomyłek $CF_1, \dots, CF_{10}$ oraz całkowitą macierz pomyłek CF na podstawie macierzy wzorcowych: $W_{T1}, \dots, W_{T10}$ oraz macierzy z odpowiedziami klasyfikatora SVM : O_T (tylko dla zbiorów testowych ponieważ dla zbiorów uczących błąd err_U był zawsze równy zero);
 - 9 Obliczyć współczynniki oceny klasyfikatorów według sekcji: 3.2.7, na podstawie: $CF_1, \dots, CF_{10}$, CF oraz err_U i err_T ;
-

4.4. Eksperyment nr 4 – Genetyczny zespół klasyfikatorów optymalizowanych po klasach

HIPOTEZA

Zastosowanie *genetycznego dwu-warstwowego zespołu* 17+1 klasyfikatorów SVM, uczonego w celu zmaksymalizowania czułości rozpoznawania *poszczególnych zaburzeń serca* oraz bazującego na *genetycznej selekcji cech* i *genetycznej optymalizacji parametrów* klasyfikatorów, spowoduje zwiększenie czułości diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego.

OPIS EKSPERYMENTU

Czwarty eksperyment polegał na zaprojektowaniu **dwu-warstwowego zespołu**, składający się z: 17 klasyfikatorów SVM (*nu-SVC*, *RBF* odpowiadających 17 klasom) + 1 klasyfikatora SVM (*C-SVC*, *liniowy*). W zespole każdy klasyfikator warstwy wejściowej optymalizowany jest w celu zmaksymalizowania czułości rozpoznawania **poszczególnych zaburzeń serca**. Klasyfikator warstwy wyjściowej na podstawie odpowiedzi klasyfikatorów wejściowych oraz *genetycznej selekcji cech* podejmuje ostateczną decyzję. Zespół uczony warstwowo z *genetyczną selekcją cech* i *genetyczną optymalizacją parametrów* klasyfikatorów. W eksperymencie wykorzystano 1 rodzaj *normalizacji*: *przeskalowanie*, 1 rodzaj *walidacji*: *10-krotny sprawdzian*, 1 typ *ekstrakcji cech*: *okno o szerokości 512 próbek* oraz 1 typ klasyfikatora: *SVM*.

SZCZEGÓŁOWE INFORMACJE

W tej sekcji zostały zaprezentowane szczegółowe informacje na temat przeprowadzonego doświadczenia nr 4. Celem eksperymentu nr 4 było stworzenie genetycznego zespołu klasyfikatorów optymalizowanych po klasach (zaburzeniach).

Nazwa *genetyczny*, ponieważ w niniejszym eksperymencie ważną rolę odegrał algorytm genetyczny zastosowany w pierwszej warstwie do selekcji cech (składowych częstotliwościowych sygnałów EKG) oraz optymalizacji parametrów 17 klasyfikatorów. Natomiast w drugiej warstwie algorytm genetyczny został wykorzystany do nowatorskiego genetycznego treningu bazującego na selekcji cech polegającej na eliminowaniu niepoprawnych odpowiedzi klasyfikatorów pierwszej warstwy.

Zespół, ponieważ zaprojektowany system składał się z 18 klasyfikatorów ułożonych w dwie-warstwy. Zespół był uczony warstwowo, tzn., że na początku zastosowano trening nadzorowany dla 17 klasyfikatorów z warstwy wejściowej. Następnie na podstawie uzyskanych odpowiedzi z 17 modeli klasyfikatorów stworzonych w pierwszej warstwie przeprowadzono trening jednego klasyfikatora z drugiej warstwy.

Pierwsza warstwa systemu składała się z zespołu 17 *ekspertów* (klasyfikatorów SVM typu *nu-SVC* z radialną funkcją jądra) specjalizujących się w rozpoznawaniu poszczególnych 17 klas (zaburzeń serca). Należy nadmienić, że prawie wszystkie klasyfikatory bezbłędnie rozpoznawały fragmenty sygnałów EKG ze zbiorów uczących. Celem optymalizacji dla pierwszej warstwy była odpowiednia selekcja cech w wektorze wejściowym (selekcja składowych częstotliwościowych sygnału EKG) oraz dobranie takich wartości parametrów γ i ν dla 17 klasyfikatorów SVM aby zminimalizować liczbę błędów dla poszczególnych (priorytetowych) klas/zaburzeń (dla pierwszego klasyfikatora z pierwszej klasy itd.). Optymalizacja dla pierwszej warstwy była wykonana za pomocą algorytmu genetycznego który jedno-

cześniej selekcjonował cechy wejściowe oraz optymalizował parametry klasyfikatora. Każdy klasyfikator (*ekspert*) posiadał 17 wyjść na których pojawiała się tylko jedna wartość „1” (zgodnie z zasadą WTA) oznaczająca rozpoznana przez klasyfikator (*eksperta*) klasę, a na pozostałych 16 wyjściach pojawiały się wartości „0” oznaczające, że w podanym na wejścia fragmencie sygnału EKG nie rozpoznano pozostałych 16 klas. Na wejścia każdego z 17 klasyfikatorów z pierwszej warstwy wchodziły wyselekcjonowane fragmenty sygnałów EKG zawierające najbardziej charakterystyczne cechy dla danego (priorytetowego) zaburzenia - wyselekcjonowane przez algorytm genetyczny. Dla każdego z 17 klasyfikatorów warstwy wejściowej dobrano optymalny, inny, zestaw parametrów γ i ν . 17 klasyfikatorów pierwszej warstwy było optymalizowanych (uczonych) w celu zminimalizowania liczby błędów dla priorytetowych klasach (po 1 klasie dla każdego z 17 klasyfikatorów) i dla tej priorytetowej klasy każdy błąd (FP i FN) był liczony z wagą równą 100.

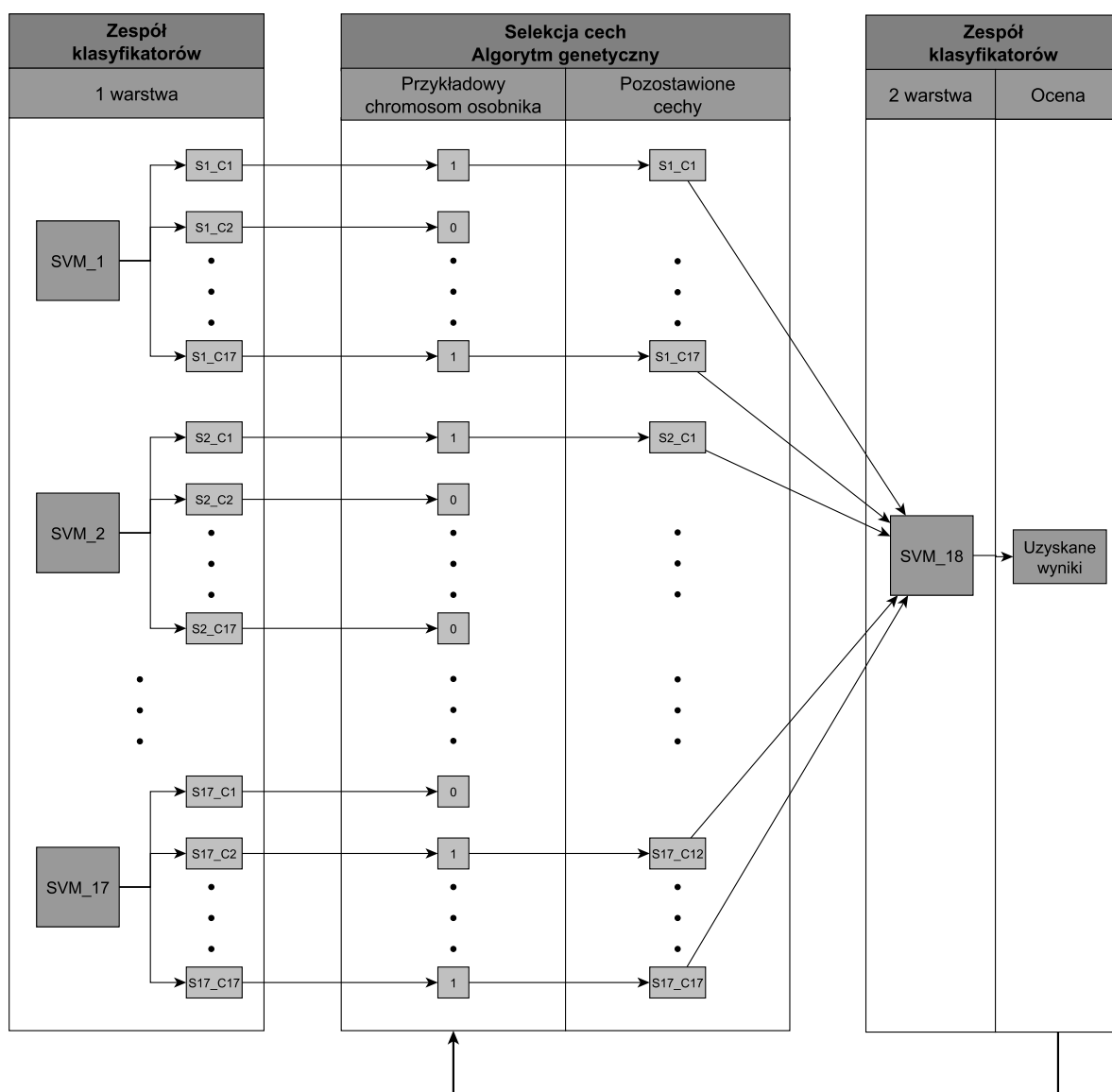
Druga warstwa systemu składa się z jednego *sędziego* - klasyfikatora SVM (typu C-SVC z liniową funkcją jądra). Ten jeden klasyfikator miał za zadanie oceniać *głosy ekspertów* z pierwszej warstwy i wybrać tylko te najbardziej wiarygodne. Ponieważ wszyscy *eksperci* prawie bezbłędnie rozpoznawali fragmenty sygnałów EKG ze zbiorów uczących, w wyniku klasycznego treningu, nie zwiększała się skuteczność działania całego systemu. W związku z faktem, że poszczególni *eksperci* byli dopasowani do swoich klas, popełniali więcej błędów dla pozostałych 16 klas, a co za tym idzie ogólna skuteczność całego dwu-warstwowego zespołu nie zwiększała się (w porównaniu z *najlepszym z ekspertów*). Natomiast przy zastosowaniu w drugiej warstwie klasycznego rozwiązania polegającego na głosowaniu większościowym ostateczny wynik również odpowiadał wynikowi uzyskanemu przez najskuteczniejszego *eksperta*. Z tego względu zastosowano trening genetyczny polegający na selekcji cech, która w tym przypadku obejmowała selekcję *głosów ekspertów* z pierwszej warstwy. Każdy z 17 klasyfikatorów warstwy wejściowej posiadał 17 wyjść więc wektor cech wejściowych do drugiej warstwy liczył 289 *głosów*. Zadaniem algorytmu genetycznego było odrzucenie błędnych *głosów* (odpowiedzi) klasyfikatorów z pierwszej warstwy na podstawie błędów w zbiorach testowych i pozostawienie jedynie wiarygodnych *głosów* (odpowiedzi), jednak przy założeniu, że błąd w zbiorach uczących pozostanie zerowy. Algorytm genetyczny był sprzężony z 10-krotną walidacją krzyżową co oznaczało, że każdy osobnik w populacji (wektor cech) był testowany na wszystkich 10 zbiorach uczących i testowych. Dzięki takiemu podejściu zminimalizowano efekt przeuczenia.

W niniejszym eksperymencie, w 1 warstwie zespołu, wykorzystano jeden typ klasyfikatora: *SVM*, jeden rodzaj przetwarzania wstępnego sygnału: *przeskalowanie*, jeden rodzaj ekstrakcji cech bazujący na oknie Hamminga o szerokości 512 próbek oraz jeden wariant walidacji krzyżowej: *sprawdzian 10-krotny*. Wymienione metody zostały dobrane na podstawie badań przeprowadzonych w ramach eksperymentów nr 1, 2 i 3. Kryterium doboru metod była sumaryczna liczba błędów w zbiorach uczących i testowych. Do analizy zostały dobrane metody dla których osiągnięto najmniejszą liczbę błędów.

W ramach badań przetestowano również rozwiązanie w którym klasyfikatory z pierwszej warstwy posiadały 2 wyjścia (priorytetowa klasa lub pozostałe klasy) zamiast 17. Jednak takie rozwiązanie nie przyniosło poprawy uzyskanych wyników.

W ramach badań dotyczących eksperymentu nr 4 przebadano wiele konfiguracji parametrów algorytmu genetycznego stosowanego do selekcji cech w zespołach wielowarstwowych (od drugiej warstwy włącznie). Przetestowano wiele wartości parametrów i na tej podstawie wybrano optymalne wartości wykorzystywane w tym i kolejnych eksperymentach (nr 4, 5 i 6), które zostały przedstawione w tabelach nr 4.8, 4.9, 4.11, 4.12, 4.15, 4.16 w tym rozdziale. Analogiczne postępowanie zastosowana w celu dobrania odpowiedniego typu klasyfikatorów (neuronów) wraz z ich parametrami, wykorzystywanych od drugiej warstwy włącznie, w zespołach wielowarstwowych (eksperymenty nr 4, 5 i 6). W wyniku analizy wybrano klasyfikator *C-SVC* z *liniową funkcją jądra*.

Na rysunku nr 4.4 przedstawiono schemat treningu genetycznego (dla przykładowego chromosomu osobnika i pojedynczego fragmentu sygnału EKG) polegający na selekcji cech (głosów ekspertów) na podstawie wzorcowych odpowiedzi dla zbiorów uczących i testowych.



Rysunek 4.4: Schemat treningu genetycznego (selekcji cech za pomocą algorytmu genetycznego) dla przykładowego chromosomu osobnika i pojedynczego fragmentu sygnału EKG.

Szczegółowe informacje na temat kolejnych kroków przeprowadzonego eksperymentu nr 4 zostały przedstawione w tabelach nr 4.7, 4.8 i 4.9. Informacje w nich zawarte obejmują m.in. podstawowe i optymalizowane parametry zaprojektowanych klasyfikatorów wraz z parametrami algorytmu genetycznego wykorzystanego do selekcji cech i optymalizacji parametrów dla klasyfikatorów z warstwy pierwszej i drugiej.

SCHEMAT DOŚWIADCZENIA

W tej sekcji na rysunkach nr 4.5 i 4.6 został przedstawiony schemat eksperymentu nr 4. Schemat przedstawia przepływ danych pomiędzy kolejnymi krokami eksperymentu.

PROCEDURY ALGORYTMU

W tej sekcji zostało przedstawione również pięć procedur wykorzystanych w rozpoznawania sygnałów EKG w eksperymencie nr 4 dla genetycznego zespołu klasyfikatorów.

Procedura nr 4.8 obejmuje algorytm optymalizacji parametrów 17 klasyfikatorów SVM (dwa optymalizowane parametry) sprzężony z algorytmem selekcji cech wykonany za pomocą *algorytmu genetycznego* z pierwszej warstwy genetycznego zespołu klasyfikatorów dla eksperymentu nr 4. Procedura 4.10 obejmuje algorytm selekcji cech wykonany za pomocą *algorytmu genetycznego* dla 1 klasyfikatora SVM z drugiej warstwy genetycznego zespołu klasyfikatorów dla eksperymentu nr 4.

Natomiast procedura nr 4.9 obejmuje wyznaczanie *funkcji przystosowania* osobników, obliczanej w ramach *algorytmu genetycznego*, przedstawionego w procedurze nr 4.8, dla 1 warstwy zespołu klasyfikatorów. Z kolei procedura nr 4.11 obejmuje wyznaczanie *funkcji przystosowania* osobników, obliczanej w ramach *algorytmu genetycznego*, przedstawionego w procedurze nr 4.10, dla 2 warstwy zespołu klasyfikatorów. Procedury nr 4.9 i 4.10 zostały przedstawione dla 10-krotnej walidacji krzyżowej zgodnie z metodologią eksperymentu nr 4.

Procedura nr 4.12 obejmuje obliczanie odpowiedzi genetycznego zespołu klasyfikatorów, macierzy pomyłek *CF* oraz współczynników oceny klasyfikatorów zawartych w sekcji: 3.2.7 na podstawie modeli klasyfikatorów (stworzonych dla optymalnych wartości parametrów znalezionych za pomocą procedur nr: 4.8 i 4.10, odpowiednio dla 1 i 2 warstwy zespołu klasyfikatorów) oraz optymalnego wektora cech wejściowych (wyznaczonego za pomocą procedur nr: 4.8 i 4.10, odpowiednio dla 1 i 2 warstwy zespołu klasyfikatorów).

WYNIKI

Uzyskane na podstawie eksperymentu nr 4 wyniki zostały przedstawione w sekcji 5.6.4.

Tablica 4.7: Szczegółowe informacje na temat kolejnych etapów: *Eksperymentu nr 4* (4.4).

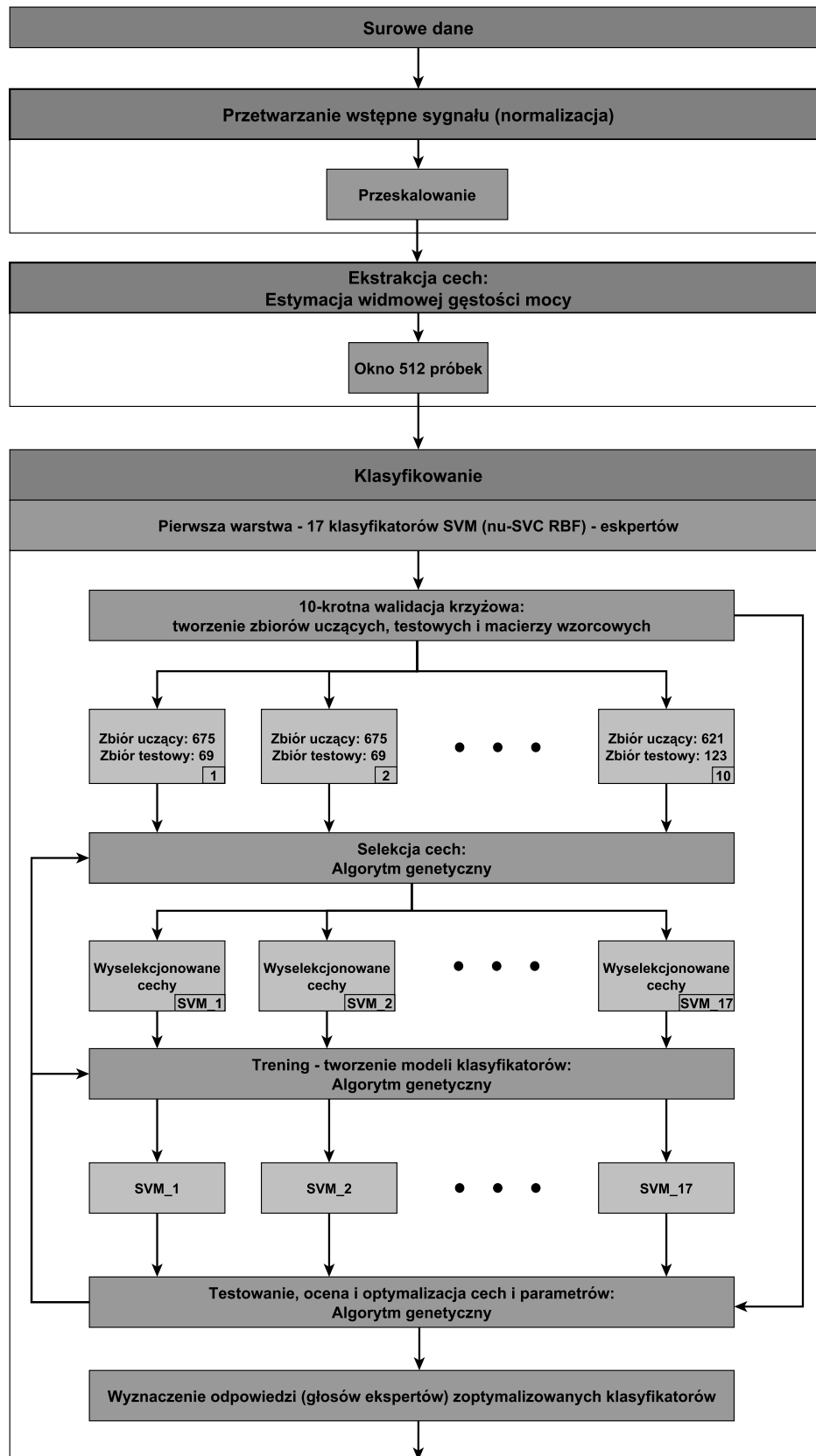
Nazwa	Teoria	Opis
Surowe dane		
BAZA DANYCH: MIT-BIH ARRHYTHMIA	Sekcja: 3.1.3	744, 10-sekundowe (3600 próbek), fragmenty sygnału EKG od 29 pacjentów; 17 klas: prawidłowy rytm zatokowy + 16 dysfunkcji serca;
Przetwarzanie wstępne sygnału		
NORMALIZACJA	Sekcja: 3.2.1	Przeskalowanie amplitudy sygnału do przedziału: $[-1, 1]$;
Ekstrakcja cech		
WIDMOWA GĘSTOŚĆ MOCY	Sekcja: 3.2.2	- Estymacja widmowej gęstości mocy sygnału EKG przy wykorzystaniu: metody Welsh'a oraz dyskretnej transformacji Fouriera; 1 rodzaj szerokości okna Hamming: 512 próbek; - Normalizacja przetworzonego sygnału: logarytmowanie; - Długość wektora cech (liczba wejść): 4001 składowych częstotliwościowych;
KLASYFIKOWANIE		
Dwu-warstwowy zespół klasyfikatorów		
PIERWSZA WARSTWA		
17 klasyfikatorów SVM wyspecjalizowanych w rozpoznawaniu poszczególnych (priorytetowych) zaburzeń serca		
Selekcja cech		
ALGORYTM GENETYCZNY	Sekcja: 3.2.3	- Algorytm genetyczny został wykorzystany do selekcji cech sprzężonej z optymalizacją parametrów klasyfikatorów; - Liczba osobników w populacji: 50; - Typ reprezentacji genów: liczby zmiennoprzecinkowe; - Budowa chromosomu: wektory zmiennoprzecinkowe typu: $[g_1, g_2, c_1, \dots, c_{4001}]$, gdzie: g_1 – pierwszy gen determinujący wartość pierwszego parametru SVM: γ, g_2 – drugi gen determinujący wartość drugiego parametru SVM: ν, a $c_1, \dots, c_{4001}$ – 4001 genów, o wartościach z przedziału: $[0, 1]$ zaokrąglanych do wartości 1 – pozostawienie cechy lub 0 – odrzucenie cechy; - Początkowa populacja: losowa, jednolita; - Zakres wartości genów: lokalny zakres wartości genów, dla poszczególnych parametrów klasyfikatorów, zgodny z informacjami podanymi w tabeli nr 4.8, w wierszu: <i>Optymalizowane parametry</i>, dobrany doświadczalnie na podstawie globalnego (szerszego) zakresu; dla selekcji cech zakres: $[0, 1]$; - Docelowa wartość funkcji przystosowania: 0; - Maksymalna liczba pokoleń: 30; - Rodzaj krzyżowania: pośrednie; Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.7; - Rodzaj mutacji: jednolita; Prawdopodobieństwo mutacji: 0.3; - Liczba najlepiej przystosowanych osobników które przejdą niezmienione do następnego pokolenia: 3; - Metoda skalowania wartości funkcji przystosowania: rankingowa; - Metoda selekcji rodziców: turniejowa; - Funkcja przystosowania osobników obliczana na podstawie wzoru: $ERR = w_u \cdot (w_z \cdot err_{UZsum} + err_{Usum}) + w_t \cdot (w_z \cdot err_{TZsum} + err_{Tsum}) + w_c \cdot \frac{C_z}{C} \quad (4.4)$ gdzie: w_u = 1 – waga dla błędów ze zbiorów uczących; w_t = 1 – waga dla błędów ze zbiorów testowych; w_c = 1 – waga dla współczynnika pozostawionych cech; w_z = 100 – waga dla priorytetowej klasy dla danego klasyfikatora; err_{UZsum} – liczba błędnych klasyfikacji dotyczących tylko priorytetowej klasy Z dla danego klasyfikatora, w 10 zbiorach uczących; err_{Usum} – sumaryczna liczba błędów dotyczących wszystkich klas oprócz klasy Z, w 10 zbiorach uczących;

Tablica 4.8: Kontynuacja szczegółowych informacji na temat *Eksperymentu nr 4* (4.4).

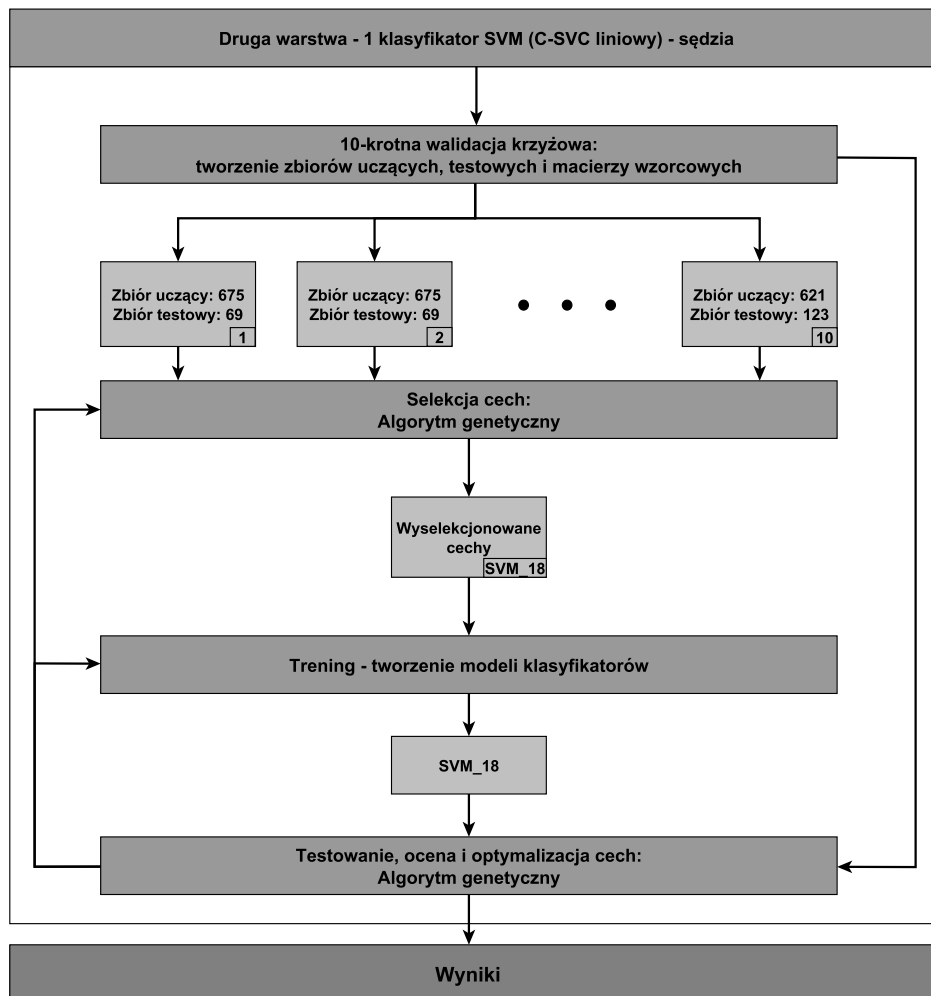
Nazwa	Teoria	Opis
Selekcja cech – kontynuacja		
ALGORYTM GENETYCZNY	Sekcja: 3.2.3	- Kontynuacja opisu wzoru 4.4 z tabeli nr 4.7: gdzie: err_{TZsum} – liczba błędnych klasyfikacji dotyczących tylko priorytetowej klasy Z dla danego klasyfikatora, w 10 zbiorach testowych; err_{sum} – sumaryczna liczba błędów dotyczących wszystkich klas oprócz klasy Z, w 10 zbiorach testowych; $\frac{C_z}{C}$ – współczynnik pozostawionych cech: stosunek liczby pozostawionych cech C_z do wszystkich cech C; - W wyniku selekcji cech została zredukowana, średnio dwukrotnie, długość wektora cech (liczba wejść) do wartości około 2000 cech (próbek sygnału EKG), szczegółowe informacje na ten temat można znaleźć w tabeli nr 5.5;
Walidacja krzyżowa		
10-KROTNY SPRAWDZIAN KRZYŻOWY	Sekcja: 3.2.4	10 modeli klasyfikatorów; - Proporcjonalna liczba fragmentów sygnału EKG dla każdej klasy: około 90% sygnałów w zbiorach uczących i 10% w zbiorach testowych; 10 zbiorów uczących (grupy 1-9: 675 elementów, grupa 4: 621 elementów); 10 zbiorów testowych (grupy 1-9: 69 elementów, grupa 4: 123 elementy);
Klasyfikatory		
17 trenowanych, testowanych i optymalizowanych klasyfikatorów:		
1 typ klasyfikatora · 1 szerokość okna Hamminga · 1 rodzaj przetwarzania wstępnego sygnału · 1 rodzaj walidacji krzyżowej		
Podstawowe parametry		
Wartości zmiennych parametrów zostały dobrane eksperymentalnie w eksperymencie nr 1, sekcja: 4.1		
SVM	Sekcja: 3.2.5	- Typ: nu-SVC; - Typ funkcji jądra: RBF (radialna, typu Gaussa); - Liczba wyjść = 17, ze zbioru $\{0, 1\}$;
Optymalizowane parametry		
Ostateczne zakresy parametrów zostały dobrane eksperymentalnie na podstawie szerszych zakresów		
SVM	Sekcja: 3.2.5	- Parametr γ ($-g$) determinujący rozpiętość funkcji radialnej (RBF) jądra, z zakresu: $[2 \cdot 10^{-6}; 2 \cdot 10^{-4}]$, z rozdzielczością: 10^{-14}, $50 \cdot 30 = 1500$ wartości; - Parametr nu ($-n$) determinujący szerokość marginesów, z zakresu: $[0.001; 0.05]$, z rozdzielczością: 10^{-14}, $50 \cdot 30 = 1500$ wartości;
Optymalizacja parametrów klasyfikatorów		
ALGORYTM GENETYCZNY	Sekcja: 3.2.6	Algorytm genetyczny zastosowany do optymalizacji parametrów klasyfikatorów został sprzężony z selekcją cech. Dokładny opis jego parametrów znajduje się w tabeli nr 4.7 w sekcji: <i>Selekcja cech</i>;
DRUGA WARSTWA		
1 klasyfikator SVM (<i>sędzia</i>) oceniający odpowiedzi klasyfikatorów (<i>głosy ekspertów</i>) z pierwszej warstwy		
Selekcja cech		
ALGORYTM GENETYCZNY	Sekcja: 3.2.3	- Liczba osobników w populacji: 200; - Typ reprezentacji genów: ciąg bitów; - Budowa chromosomu: wektor bitów postaci: $[c_1, \dots, c_{289}]$, składający się z 289 genów, o wartościach ze zbioru: $\{0, 1\}$, gdzie: 1 – oznacza pozostawienie cechy lub 0 – odrzucenie cechy; - Początkowa populacja: losowa, jednolita; - Zakres wartości genów: ze zbioru: $\{0, 1\}$ (dla selekcji cech); - Docelowa wartość funkcji przystosowania: 0;

Tablica 4.9: Kontynuacja szczegółowych informacji na temat *Eksperymentu nr 4* (4.4).

Nazwa	Teoria	Opis
Selekcja cech – kontynuacja		
ALGORYTM GENETYCZNY	Sekcja: 3.2.3	- Maksymalna liczba pokoleń: 100; - Rodzaj krzyżowania: rozsiane; Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.9; - Rodzaj mutacji: jednolita; Prawdopodobieństwo mutacji: 0.1; - Liczba najlepiej przystosowanych osobników które przejdą niezmienione do następnego pokolenia: 10; - Metoda skalowania wartości funkcji przystosowania: rankingowa; - Metoda selekcji rodziców: turniejowa; - Kierunek migracji: obustronny; - Wartość współczynnika migracji: 0.2; - Zakres migracji: 20; - Funkcja przystosowania osobników obliczana na podstawie wzoru: $ERR = w_u \cdot err_{Usum} + w_t \cdot err_{Tsum} + w_c \cdot \frac{C_z}{C} \quad (4.5)$ gdzie: $w_u = 1$ – waga dla błędów ze zbiorów uczących; $w_t = 1$ – waga dla błędów ze zbiorów testowych; $w_c = 1$ – waga dla współczynnika pozostawionych cech; err_{Usum} – sumaryczna liczba błędów w 10 zbiorach uczących; err_{Tsum} – sumaryczna liczba błędów w 10 zbiorach testowych; $\frac{C_z}{C}$ – współczynnik pozostawionych cech: stosunek liczby pozostawionych cech C_z do wszystkich cech C; - W wyniku selekcji cech została zredukowana, ponad 13-krotnie, długość wektora cech (liczba wejść) do wartości 22 z 289 cech, szczegółowe informacje na ten temat można znaleźć w tabeli nr 5.5;
Walidacja krzyżowa		
10-KROTNY SPRAWDZIAN KRZYŻOWY	Sekcja: 3.2.4	10 modeli klasyfikatorów; - Proporcjonalna liczba fragmentów sygnału EKG dla każdej klasy: około 90% sygnałów w zbiorach uczących i 10% w zbiorach testowych; 10 zbiorów uczących (grupy 1-9: 675 elementów, grupa 4: 621 elementów); 10 zbiorów testowych (grupy 1-9: 69 elementów, grupa 4: 123 elementy);
Klasyfikatory 1 trenowany, testowany i optymalizowany klasyfikator: 1 typ klasyfikatora · 1 rodzaj walidacji krzyżowej		
Podstawowe parametry		
Wartości zmiennych parametrów zostały dobrane eksperymentalnie		
SVM	Sekcja: 3.2.5	- Typ: C-SVC; - Typ funkcji jądra: liniowa; - Liczba wyjść = 1, ze zbioru $\{1, \dots, 17\}$;
Optymalizowane parametry		
Brak		
Optymalizacja parametrów klasyfikatorów		
Brak		
Ocena uzyskanych wyników		
KRYTERIA	Sekcja: 3.2.7	- Macierz pomyłek (CF); - Skuteczność (ACC); Czulość (SEN); Specyficzność (SPE); - Suma błędów (ERR_{sum}); - Współczynnik κ; Współczynnik pozostawionych cech W_C; - Czas treningu (C_t); Czas klasyfikowania (C_k); Czas optymalizacji (C_o);



Rysunek 4.5: Schemat Eksperymentu nr 4 – Genetyczny zespół klasyfikatorów optymalizowanych po klasach.



Rysunek 4.6: Kontynuacja schematu *Eksperymentu nr 4 – Genetyczny zespół klasyfikatorów optymalizowanych po klasach*.

Algorytm 4.8: Procedura selekcji cech i optymalizacji parametrów 17 klasyfikatorów *SVM* pierwszej warstwy, wykonana za pomocą ALGORYTMU GENETYCZNEGO dla *Eksperymentu nr 4*.

Dane:

- X – macierz z surowymi danymi;
- W – macierz z wzorcowymi odpowiedziami;
- $n \leftarrow 10$ – liczba kombinacji zbiorów uczących i testowych dla 10-krotnej walidacji krzyżowej;
- $m \leftarrow 17$ – liczba klas i odpowiadająca jej liczba klasyfikatorów;

Wyniki:

- B_{1w} – macierz z wartościami FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA: f_p wraz z wektorami x z wyznaczonymi, optymalnymi parametrami: γ i ν oraz wyselekcjonowanymi cechami dla 17 klasyfikatorów *SVM* z pierwszej warstwy;
- $O_{U1}, \dots, O_{U17}$ i $O_{T1}, \dots, O_{T17}$ – macierze z odpowiedziami 17 klasyfikatorów;

- 1 Wykonać przeskalowanie surowych danych według sekcji: 3.2.1 na podstawie: X w wyniku czego otrzymamy: X_P ;
 - 2 Wykonać ekstrakcję cech dla okna Hamminga = 512 próbek, według sekcji: 3.2.2 na podstawie: X_P w wyniku czego otrzymamy: X_E ;
 - 3 Utworzyć na podstawie X_E zbiory uczące: $U_1, \dots, U_{10}$ i testowe: $T_1, \dots, T_{10}$ oraz na podstawie W macierze wzorcowe: $W_{U1}, \dots, W_{U10}$; $W_{T1}, \dots, W_{T10}$ za pomocą metody n -krotnej walidacji krzyżowej opisanej w sekcji: 3.2.4;
 - 4 Ustawić parametry ALGORYTMU GENETYCZNEGO zgodnie z tabelą nr: 4.7, m.in.:
 - liczba osobników w populacji $\leftarrow o = 50$
 - zakończenie algorytmu $\leftarrow$ wartość funkcji dopasowania: $f_p = 0$ lub pokolenia: $p = 30$
 - 5 **for** $z \leftarrow 1$ **to** m (liczba klas/klasyfikatorów) **do** /* ALGORYTM GENETYCZNY */
 - 6 Stworzyć początkową populację P , w której chromosomy osobników są wektorem postaci:
 - $x = [g_1, g_2, c_1, \dots, c_{4001}]$, gdzie g_1 – pierwszy gen determinujący wartość pierwszego optymalizowanego parametru *SVM*: γ , a g_2 – drugi gen determinujący wartość drugiego parametru: ν , $c_1, \dots, c_{4001}$ geny odpowiedzialne za selekcję cech;
 - 7 **for** $i \leftarrow 1$ **to** p (liczba pokoleń) **do**
 - 8 **for** $j \leftarrow 1$ **to** o (liczba osobników) **do**
 - 9 Wyznaczyć wektor r dla osobnika j z populacji P składający się z: wartości FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p wraz z odpowiadającym jej wektorem x_j z wartościami optymalizowanych parametrów i wyselekcjonowanymi cechami oraz wyznaczyć macierze z odpowiedziami klasyfikatora: O_U i O_T , według procedury: 4.9 i zapisać wyniki w macierzy $R(j)$ oraz w macierzach: O_{Uj} i O_{Tj} ;
 - 10 **end**
 - 11 **if** $f_p == 0$ **then** /* Zakończenie algorytmu */
 - 12 Wyprowadzić „najlepszego” osobnika w postaci wektora B , na podstawie macierzy R wraz z odpowiadającymi mu macierzami odpowiedzi O_U i O_T dla klasyfikatora z oraz zapisać wartości wektora B do macierzy: $B_{1w}(z)$, a wartości macierzy odpowiedzi do macierzy O_{Uz} i O_{Tz} ;
 - 13 **break**
 - 14 **else**
 - 15 Wykonać selekcję osobników;
 - 16 Zastosować operatory genetyczne: krzyżowanie i mutację;
 - 17 Utworzyć nową populację P ;
 - 18 **end**
 - 19 **end**
 - 20 Wyprowadzić „najlepszego” osobnika w postaci wektora B , na podstawie macierzy R wraz z odpowiadającymi mu macierzami odpowiedzi O_U i O_T dla klasyfikatora z oraz zapisać wartości wektora B do macierzy: $B_{1w}(z)$, a wartości odpowiedzi do macierzy O_{Uz} i O_{Tz} ;
 - 21 **end**
-

Algorytm 4.9: Procedura wyznaczania FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p osobników, obliczana w ramach ALGORYTMU GENETYCZNEGO, przedstawionego w pro.: 4.8, dla Eksperymentu nr 4.

Dane:

$svm_{type} \leftarrow 1$ – zdefiniowanie typu *SVM* na ν – *SVC*;
 $kernel_{type} \leftarrow 2$ – zdefiniowanie typu funkcji jądra na *RBF*;
 $n \leftarrow 10$ – liczba kombinacji zbiorów uczących i testowych dla 10-krotnej walidacji krzyżowej;
 $U_1, \dots, U_{10}; T_1, \dots, T_{10}$ – zbiory uczące i testowe utworzone za pomocą metody n -krotnej walidacji krzyżowej, według procedury: 4.8;
 $W_{U1}, \dots, W_{U10}; W_{T1}, \dots, W_{T10}$ – macierze wzorcowe utworzone za pomocą metody n -krotnej walidacji krzyżowej, według procedury: 4.8;
 x – chromosom danego osobnika w postaci wektora: $[g_1, g_2, c_1, \dots, c_{4001}]$ składającego się z dwóch genów z wartościami optymalizowanych parametrów klasyfikatora *SVM* oraz genami odpowiedzialnymi za selekcję cech;
 $w_u \leftarrow 1$ – waga dla błędów ze zbiorów uczących;
 $w_t \leftarrow 1$ – waga dla błędów ze zbiorów testowych;
 $w_c \leftarrow 1$ – waga dla współczynnika pozostawionych cech;
 z – zmienna determinująca priorytetową klasę dla danego klasyfikatora, przekazana z proce.: 4.8;
 $w_z \leftarrow 100$ – waga dla priorytetowej klasy z dla danego klasyfikatora z ;

Wyniki:

r – wektor składający się z: wartości FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p wraz z odpowiadającym jej wektorem x , z wartościami optymalizowanych parametrów klasyfikatora *SVM* oraz wyselekcjonowanymi cechami dla danego osobnika;
 O_U i O_T – macierze z odpowiedziami klasyfikatora;

- 1 Zaokrąglić wartości wektora $x_{3:4003}$ do wartości: $0 \vee 1$;
 - 2 Wykonać selekcję cech na zbiorach uczących: $U_1, \dots, U_{10}$ i testowych: $T_1, \dots, T_{10}$ na podstawie wektora $x_{3:4003}$ poprzez usunięcie cech (składowych częstotliwościowych) odpowiadających wartościom 0 oraz zapisać ich wartości do macierzy: $U_{c1}, \dots, U_{c10}$ i $T_{c1}, \dots, T_{c10}$;
 - 3 Zapisać warto. parametrów klasyfikatora SVM_z : svm_{type} , $kernel_{type}$ i $x_{1:2}$ do wektora: *opcje*;
 - 4 **for** $k \leftarrow 1$ **to** n (liczba kombinacji zbiorów) **do**
 - 5 Utworzyć *model* klasyfikatora SVM_z w wyniku treningu na podstawie: *opcje*, U_{ck} i W_{Uk} ;
 - 6 Wyznaczyć odpowiedzi klasyfikatora SVM_z na podstawie stworzonego *modelu* dla zbioru uczącego U_{ck} i testowego T_{ck} oraz zapisać ich wartości do wektorów: $O_U(k)$ i $O_T(k)$;
 - 7 Wyznaczyć liczbę błędów w zbiorze uczącym U_{ck} i testowym T_{ck} na podstawie odpowiedzi klasyfikatora: $O_U(k)$ i $O_T(k)$ oraz wzorcowych odpowiedzi: W_{Uk} i W_{Tk} oraz zapisać ich wartości dla priorytetowej klasy z do wektorów: $err_{UZ}(k)$ i $err_{TZ}(k)$ oraz dla pozostałych klas do wektorów: $err_U(k)$ i $err_T(k)$;
 - 8 **end**
 - 9 Obliczyć sumy błędów: err_{UZsum} , err_{TZsum} , err_{Usum} i err_{Tsum} dla zbiorów uczących $U_{c1}, \dots, U_{c10}$ i testowych $T_{c1}, \dots, T_{c10}$ na podstawie cząstkowych wartości błędów: err_{UZ} , err_{TZ} , err_U i err_T ;
 - 10 Wyznaczyć na podstawie: err_{UZsum} , err_{TZsum} , err_{Usum} i err_{Tsum} wartość FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p , według wzoru: $ERR = w_u \cdot (w_z \cdot err_{UZsum} + err_{Usum}) + w_t \cdot (w_z \cdot err_{TZsum} + err_{Tsum}) + w_c \cdot \frac{C_z}{C}$, gdzie: C_z jest liczbą pozostawionych cech, a C jest liczbą wszystkich cech;
 - 11 Zapisać wartość FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p wraz z odpowiadającym jej wektorem x z wartościami parametrów klasyfikatora i zaokrąglonymi wartościami wyselekcjonowanych cech do wektora r oraz zapisać macierze z odpowiedziami klasyfikatora: O_U i O_T ;
-

Algorytm 4.10: Procedura selekcji cech 1 klasyfikatora *SVM drugiej warstwy*, wykonana za pomocą ALGORYTMU GENETYCZNEGO dla *Eksperymentu nr 4*.

Dane:

$O_{U1}, \dots, O_{U17}$ i $O_{T1}, \dots, O_{T17}$ – macierze z odpowiedziami 17 klasyfikatorów z pierwszej warstwy wyznaczone na podstawie procedury 4.8;

$W_{U1}, \dots, W_{U10}$; $W_{T1}, \dots, W_{T10}$ – macierze wzorcowe utworzone za pomocą 10-krotnej metody walidacji krzyżowej, według procedury: 4.8;

$n \leftarrow 10$ – liczba kombinacji zbiorów uczących i testowych dla 10-krotnej walidacji krzyżowej;

Wyniki:

B_{2w} – wektor z wartością FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA: f_p wraz z wektorem c z wyznaczonymi, optymalnie wyselekcjonowanymi, cechami dla 1 klasyfikatora *SVM* z drugiej warstwy;

- 1 Przetransformować 1-wyjściowe odpowiedzi 17 klasyfikatorów $O_{U1}, \dots, O_{U17}$ i $O_{T1}, \dots, O_{T17}$ na odpowiedzi 17-wyjściowe $O_{U17}, \dots, O_{U1717}$ i $O_{T17}, \dots, O_{T1717}$;
- 2 Ułożyć odpowiedzi 17 klasyfikatorów $O_{U17}, \dots, O_{U1717}$ i $O_{T17}, \dots, O_{T1717}$ zgodnie z metodą n -krotnej walidacji krzyżowej, w wyniku czego otrzymamy zbiory uczące: $U_{O1}, \dots, U_{O10}$ i testowe: $T_{O1}, \dots, T_{O10}$;
- 3 Ustawić parametry ALGORYTMU GENETYCZNEGO zgodnie z tabelami nr: 4.8 i 4.9, m.in.:
 - liczba osobników w populacji $\leftarrow o = 200$
 - zakończenie algorytmu $\leftarrow$ wartość funkcji dopasowania: $f_p = 0$ lub pokolenia: $p = 100$

ALGORYTM GENETYCZNY (sekcja: 3.2.6):

- 4 Stworzyć początkową populację P , w której chromosomy osobników są wektorem postaci: $c = [c_1, \dots, c_{289}]$, składającym się z 289 genów, odpowiedzialnych za selekcję cech, odpowiadających odpowiedziom 17 klasyfikatorów z pierwszej warstwy;
 - 5 **for** $i \leftarrow 1$ **to** p (liczba pokoleń) **do**
 - 6 **for** $j \leftarrow 1$ **to** o (liczba osobników) **do**
 - 7 Wyznaczyć wektor r dla osobnika j z populacji P składający się z: wartości FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p wraz z odpowiadającym jej wektorem c_j z wyselekcjonowanymi cechami, według procedury: 4.11 i zapisać wyniki w macierzy $R(j)$;
 - 8 **end**
 - 9 **if** $f_p == 0$ **in** R **then** /* Zakończenie algorytmu */
 - 10 Wyprowadzić „najlepszego” osobnika w postaci wektora B_{2w} , na podstawie macierzy R ;
 - 11 **break**
 - 12 **else**
 - 13 Wykonać selekcję osobników;
 - 14 Zastosować operatory genetyczne: krzyżowanie i mutację;
 - 15 Utworzyć nową populację P ;
 - 16 **end**
 - 17 **end**
 - 18 Wyprowadzić „najlepszego” osobnika w postaci wektora B_{2w} , na podstawie macierzy R ;
-

Algorytm 4.11: Procedura wyznaczania FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p osobników, obliczana w ramach ALGORYTMU GENETYCZNEGO, przedstawionego w pro.: 4.10, dla Eksperymentu nr 4.

Dane:

$sum_{type} \leftarrow 0$ – zdefiniowanie typu *SVM* na $C - SVC$;

$kernel_{type} \leftarrow 0$ – zdefiniowanie typu funkcji jądra na *liniow*;

$n \leftarrow 10$ – liczba kombinacji zbiorów uczących i testowych dla 10-krotnej walidacji krzyżowej;

$U_{O1}, \dots, U_{O10}$ i $T_{O1}, \dots, T_{O10}$ – zbiory uczące i testowe utworzone za pomocą n -krotnej walidacji krzyżowej, na podstawie odpowiedzi 17 klasyfikatorów z pierwszej warstwy, wyznaczone na podstawie procedury 4.8;

$W_{U1}, \dots, W_{U10}$ i $W_{T1}, \dots, W_{T10}$ – macierze wzorcowe utworzone za pomocą n -krotnej metody walidacji krzyżowej, według procedury: 4.8;

c – chromosom danego osobnika w postaci wektora: $c = [c_1, \dots, c_{289}]$ składającego się z 289 genów z wartościami ze zbioru: $\{0, 1\}$, odpowiedzialnych za selekcję cech, odpowiadających odpowiedziom 17 klasyfikatorów z pierwszej warstwy;

$w_u \leftarrow 1$ – waga dla błędów ze zbiorów uczących;

$w_t \leftarrow 1$ – waga dla błędów ze zbiorów testowych;

$w_c \leftarrow 1$ – waga dla współczynnika pozostawionych cech;

Wyniki:

r – wektor składający się z: wartości FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p wraz z odpowiadającym jej wektorem x , z wyselekcjonowanymi cechami dla danego osobnika;

- 1 Wykonać selekcję cech na zbiorach uczących: $U_{O1}, \dots, U_{O10}$ i testowych: $T_{O1}, \dots, T_{O10}$ na podstawie wektora $c_{1:289}$ poprzez usunięcie cech (składowych częstotliwościowych) odpowiadających wartościom 0 oraz zapisać ich wartości do macierzy: $U_{Oc1}, \dots, U_{Oc10}$ i $T_{Oc1}, \dots, T_{Oc10}$;
 - 2 Zapisać wartości parametrów klasyfikatora *SVM*: sum_{type} i $kernel_{type}$ do wektora: *opcje*;
 - 3 **for** $k \leftarrow 1$ **to** n (liczba kombinacji zbiorów) **do**
 - 4 | Utworzyć *model* klasyfikatora *SVM* w wyniku treningu na podstawie: *opcje*, U_{Ock} i W_{Uk} ;
 - 5 | Wyznaczyć odpowiedzi klasyfikatora *SVM* na podstawie stworzonego *modelu* dla zbioru uczącego U_{Ock} i testowego T_{Ock} oraz zapisać ich wartości do wektorów: $O_U(k)$ i $O_T(k)$;
 - 6 | Wyznaczyć liczbę błędów w zbiorze uczącym U_{Ock} i testowym T_{Ock} na podstawie odpowiedzi klasyfikatora: $O_U(k)$ i $O_T(k)$ oraz wzorcowych odpowiedzi: W_{Uk} i W_{Tk} oraz zapisać ich wartości do wektorów: $err_U(k)$ i $err_T(k)$;
 - 7 **end**
 - 8 Obliczyć sumy błędów err_{Usum} i err_{Tsum} dla zbiorów uczących $U_{Oc1}, \dots, U_{Oc10}$ i testowych $T_{Oc1}, \dots, T_{Oc10}$ na podstawie cząstkowych wartości błędów: err_U i err_T ;
 - 9 Wyznaczyć na podstawie err_{Usum} i err_{Tsum} wartość FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p , według wzoru: $ERR = w_u \cdot err_{Usum} + w_t \cdot err_{Tsum} + w_c \cdot \frac{C_z}{C}$, gdzie: C_z jest liczbą pozostawionych cech, a C jest liczbą wszystkich cech;;
 - 10 Zapisać wartość FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p wraz z odpowiadającym jej wektorem c z wartościami wyselekcjonowanych cech do wektora r ;
-

Algorytm 4.12: Procedura obliczania macierzy pomyłek CF oraz współczynników oceny klasyfikatorów na podstawie procedur: 4.8 i 4.10, dla dwu-warstwowego genetycznego zespołu klasyfikatorów z Eksperymentu nr 4.

Dane:

X – macierz z surowymi danymi;
 W – macierz z wzorcowymi odpowiedziami;
 $svm_{type_{1w}} \leftarrow 1$ – zdefiniowanie typu SVM na $\nu - SVC$;
 $kernel_{type_{1w}} \leftarrow 2$ – zdefiniowanie typu funkcji jądra na RBF ;
 $svm_{type_{2w}} \leftarrow 0$ – zdefiniowanie typu SVM na $C - SVC$;
 $kernel_{type_{2w}} \leftarrow 0$ – zdefiniowanie typu funkcji jądra na $liniow$;
 $n \leftarrow 10$ – liczba kombinacji zbiorów uczących i testowych dla 10-krotnej walidacji krzyżowej;
 $m \leftarrow 17$ – liczba klas i odpowiadająca jej liczba klasyfikatorów;
 B_{1w} – macierz z wynikami procedury 4.8;
 B_{2w} – macierz z wynikami procedury 4.10;

Wyniki:

CF – macierz pomyłek z odpowiedziami dwu-warstwowego genetycznego zespołu klasyfikatorów;

- 1 Wykonać przeskalowanie surowych danych: $X \rightarrow X_P$;
- 2 Wykonać ekstrakcję cech dla okna Hamminga = 512 próbek: $X_P \rightarrow X_E$;
- 3 Utworzyć na podstawie metody n -krotnej walidacji krzyżowej zbiory uczące i testowe:
 $X_E \rightarrow U_1, \dots, U_{10} \wedge T_1, \dots, T_{10}$ oraz macie. wzorcowe: $W \rightarrow W_{U1}, \dots, W_{U10} \wedge W_{T1}, \dots, W_{T10}$;
- 4 **for** $z \leftarrow 1$ **to** m (liczba klas/klasifikatorów) **do** /* PIERWSZA WARSTWA */
- 5 Wykonać selekcję cech na podstawie wektora $B_{1w_{4:4004}}(z)$ na zbiorach uczących i testowych:
 $(U_1, \dots, U_{10} \vee T_1, \dots, T_{10}) + B_{1w_{4:4004}}(z) \rightarrow U_{c1}, \dots, U_{c10} \vee T_{c1}, \dots, T_{c10}$;
- 6 Zapisać wartości parametrów klasyfi. SVM_z : $svm_{type} + kernel_{type} + B_{1w_{2:3}}(z) \rightarrow opcje$;
- 7 **for** $k \leftarrow 1$ **to** n (liczba kombinacji zbiorów) **do**
- 8 Utworzyć model klasyfikatora SVM_z : $opcje + U_{ck} + W_{Uk} \rightarrow model$;
- 9 Wyznaczyć wektory odpowiedzi klasyfikatora SVM_z dla zbioru uczącego i testowego:
 $model + (U_{ck} \vee T_{ck}) \rightarrow O_U(k) \vee O_T(k)$;
- 10 **end**
- 11 Zapisać macierze z odpowiedziami klasyfikatora SVM_z : $O_U \vee O_T \rightarrow O_{Uz} \vee O_{Tz}$;
- 12 **end** /* DRUGA WARSTWA */
- 13 Przetransformować 1-wyjściowe odpowiedzi 17 klasyfikatorów na odpowiedzi 17-wyjściowe:
 $O_{U1}, \dots, O_{U17} \vee O_{T1}, \dots, O_{T17} \rightarrow O_{U17}, \dots, O_{U1717} \vee O_{T17}, \dots, O_{T1717}$;
- 14 Utworzyć zbiory uczące i testowe poprzez ułożenie odpowiedzi 17 klasyfikatorów zgodnie z metodą walidacji: $O_{U17}, \dots, O_{U1717} \vee O_{T17}, \dots, O_{T1717} \rightarrow U_{O1}, \dots, U_{O10} \vee T_{O1}, \dots, T_{O10}$;
- 15 Wykonać selekcję cech na podstawie wektora: $B_{2w_{2:290}}$ na zbiorach uczących i testowych:
 $(U_{O1}, \dots, U_{O10} \vee T_{O1}, \dots, T_{O10}) + B_{2w_{2:290}} \rightarrow U_{Oc1}, \dots, U_{Oc10} \vee T_{Oc1}, \dots, T_{Oc10}$;
- 16 Zapisać wartości parametrów klasyfikatora SVM : $svm_{type} + kernel_{type} \rightarrow opcje$;
- 17 **for** $k \leftarrow 1$ **to** n (liczba kombinacji zbiorów) **do**
- 18 Utworzyć model klasyfikatora SVM : $opcje + U_{Ock} + W_{Uk} \rightarrow model$;
- 19 Wyznaczyć wektory odpowiedzi klasyfikatora SVM dla zbioru uczącego i testowego:
 $model + (U_{Ock} \vee T_{Ock}) \rightarrow O_U(k) + O_T(k)$;
- 20 Wyznaczyć liczbę błędów w zbiorze uczącym i testowym:
 $(O_U(k) \wedge W_{Uk}) \vee (O_T(k) \wedge W_{Tk}) \rightarrow err_U(k) \vee err_T(k)$;
- 21 **end**
- 22 Utworzyć cząstkowe macierze pomyłek oraz całkowitą macierz pomyłek:
 $O_T \wedge W_{T1}, \dots, W_{T10} \rightarrow CF_1, \dots, CF_{10} \wedge CF$;
- 23 Obliczyć współczynniki oceny klasyfikatorów według sekcji: 3.2.7, na podstawie: $CF_1, \dots, CF_{10}, CF$ oraz err_U i err_T ;

4.5. Eksperyment nr 5 – Genetyczny zespół klasyfikatorów optymalizowanych po zestawach zbiorów

HIPOTEZA

Zastosowanie *genetycznego dwu-warstwowego zespołu 10+1* klasyfikatorów SVM (zmodyfikowana metoda *bagging*), uczonego w celu zmaksymalizowania czułości rozpoznawania zaburzeń serca dla **poszczególnych zbiorów testowych** oraz bazującego na genetycznej selekcji cech i genetycznej optymalizacji parametrów klasyfikatorów, spowoduje zwiększenie czułości diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego.

OPIS EKSPERYMENTU

Piąty eksperyment polegał na zaprojektowaniu **dwu-warstwowego zespołu**, składający się z: 10 klasyfikatorów SVM (*nu-SVC*, *RBF*, odpowiadających 10 zbiorom testowym) + 1 klasyfikatora SVM (*C-SVC*, *liniowy*), zmodyfikowana metoda *bagging*. W zespole każdy klasyfikator warstwy wejściowej optymalizowany jest w celu zmaksymalizowania czułości rozpoznawania zaburzeń serca dla **poszczególnych zestawów zbiorów**. Klasyfikator warstwy wyjściowej na podstawie odpowiedzi klasyfikatorów wejściowych oraz *genetycznej selekcji cech* podejmuje ostateczną decyzję. Zespół uczony warstwowo z *genetyczną selekcją cech* i genetyczną optymalizacją parametrów klasyfikatorów. W eksperymencie wykorzystano 1 rodzaj *normalizacji*: *przeskalowanie*, 1 rodzaj *walidacji*: *10-krotny sprawdzian*, 1 typ *ekstrakcji cech*: *okno o szerokości 512 próbek* oraz 1 typ klasyfikatora: *SVM*.

SZCZEGÓŁOWE INFORMACJE

W tej sekcji zostały zaprezentowane szczegółowe informacje na temat przeprowadzonego doświadczenia nr 5. Celem eksperymentu nr 5 było stworzenie genetycznego zespołu klasyfikatorów optymalizowanych po zestawach zbiorów.

Nazwa *genetyczny*, ponieważ w niniejszym eksperymencie ważną rolę odegrał algorytm genetyczny zastosowany w pierwszej warstwie do selekcji cech (składowych częstotliwościowych sygnałów EKG) oraz optymalizacji parametrów 10 klasyfikatorów. Natomiast w drugiej warstwie został wykorzystany do nowatorskiego genetycznego treningu bazującego na selekcji cech polegającej na eliminowaniu niepoprawnych odpowiedzi klasyfikatorów pierwszej warstwy.

Zespół, ponieważ zaprojektowany system składał się z 11 klasyfikatorów ułożonych w dwie-warstwy. Zespół był uczony warstwowo, tzn., że na początku zastosowano trening nadzorowany dla 10 klasyfikatorów z warstwy wejściowej. Następnie na podstawie uzyskanych odpowiedzi z 10 modeli klasyfikatorów stworzonych w pierwszej warstwie przeprowadzono trening jednego klasyfikatora z drugiej warstwy.

Pierwsza warstwa systemu składała się z zespołu 10 *ekspertów* (klasyfikatorów SVM typu *nu-SVC* z radialną funkcją jądra) specjalizujących się w rozpoznawaniu klas z poszczególnych 10 (priorytetowych) kombinacji zbiorów utworzonych na podstawie metody 10-krotnej walidacji krzyżowej. Należy nadmienić, że wszystkie klasyfikatory bezbłędnie rozpoznawały fragmenty sygnałów EKG ze zbiorów uczących, w związku z czym celem optymalizacji dla pierwszej warstwy była odpowiednia selekcja cech w wektorze wejściowym (selekcja składowych częstotliwościowych sygnału EKG) oraz dobranie takich wartości parametrów γ i ν dla 10 klasyfikatorów SVM aby zminimalizować liczbę błędów w poszczególnych (priorytetowych) zbiorach testowych (dla pierwszego klasyfikatora w pierwszym zbiorze

testowym itd.). Optymalizacja dla pierwszej warstwy była wykonana za pomocą algorytmu genetycznego który jednocześnie selekcjonował cechy wejściowe oraz optymalizował parametry klasyfikatora. Każdy klasyfikator (*ekspert*) posiadał 17 wyjść na których pojawiała się tylko jedna wartość „1” (zgodnie z zasadą WTA) oznaczająca rozpoznaną przez klasyfikator (*eksperta*) klasę, a na pozostałych 16 wyjściach pojawiały się wartości „0” oznaczające, że w podanym na wejścia fragmencie sygnału EKG nie rozpoznano pozostałych 16 klas. Na wejścia każdego z 10 klasyfikatorów z pierwszej warstwy wchodziły wyselekcjonowane fragmenty sygnałów EKG zawierające najbardziej charakterystyczne cechy dla fragmentów sygnału EKG z danego (priorytetowego) zbioru testowego - wyselekcjonowane przez algorytm genetyczny. Dla każdego z 10 klasyfikatorów warstwy wejściowej dobrano optymalny, inny, zestaw parametrów γ i ν . 10 klasyfikatorów pierwszej warstwy było optymalizowanych (uczonych) w celu zminimalizowania liczby błędów w priorytetowych zestawach zbiorów (uczącym i testowym, stworzonych za pomocą metody walidacji krzyżowej) i dla tego priorytetowego zestawu zbiorów każdy błąd był liczony z wagą równą 100.

Druga warstwa systemu składa się z jednego *sędziego* - klasyfikatora SVM (typu C-SVC z liniową funkcją jądra). Ten jeden klasyfikator miał za zadanie oceniać *głosy ekspertów* z pierwszej warstwy i wybrać tylko te najbardziej wiarygodne. Ponieważ wszyscy *eksperci* bezbłędnie rozpoznawali fragmenty sygnałów EKG ze zbiorów uczących, w wyniku klasycznego treningu, nie zwiększała się skuteczność działania całego systemu. W związku z faktem, że poszczególni *eksperci* byli dopasowani do swoich zbiorów testowych, popełniali więcej błędów w pozostałych 9 zestawach zbiorów, a co za tym idzie ogólna skuteczność całego dwu-warstwowego zespołu nie zwiększała się (w porównaniu z *najlepszym z ekspertów*). Natomiast przy zastosowaniu w drugiej warstwie klasycznego rozwiązania polegającego na głosowaniu większościowym ostateczny wynik również odpowiadał wynikowi uzyskanemu przez najskuteczniejszego *eksperta*. Z tego względu zastosowano trening genetyczny polegający na selekcji cech, która w tym przypadku obejmowała selekcję *głosów ekspertów* z pierwszej warstwy. Każdy z 10 klasyfikatorów warstwy wejściowej posiadał 17 wyjść więc wektor cech wejściowych do drugiej warstwy liczył 170 *głosów*. Zadaniem algorytmu genetycznego było odrzucenie błędnych *głosów* (odpowiedzi) klasyfikatorów z pierwszej warstwy na podstawie błędów w zbiorach testowych i pozostawienie jedynie wiarygodnych *głosów* (odpowiedzi), jednak przy założeniu, że błąd w zbiorach uczących pozostanie zerowy. Algorytm genetyczny był sprzężony z 10-krotną walidacją krzyżową co oznaczało, że każdy osobnik w populacji (wektor cech) był testowany na wszystkich 10 zbiorach uczących i testowych. Dzięki takiemu podejściu zminimalizowano efekt przeuczenia.

W niniejszym eksperymencie wykorzystano jeden typ klasyfikatora: *SVM*, jeden rodzaj przetwarzania wstępnego sygnału: *przeskalowanie*, jeden rodzaj ekstrakcji cech bazujący na oknie Hamminga o szerokości 512 próbek oraz jeden wariant walidacji krzyżowej: *sprawdzian 10-krotny*. Wymienione metody zostały dobrane na podstawie badań przeprowadzonych w ramach eksperymentów nr 1, 2 i 3. Kryterium doboru metod była sumaryczna liczba błędów w zbiorach uczących i testowych. Do analizy zostały dobrane metody dla których osiągnięto najmniejszą liczbę błędów.

Schemat treningu genetycznego polegający na selekcji cech (*głosów ekspertów*) na podstawie wzorcowych odpowiedzi dla zbiorów uczących i testowych został przedstawiony na rysunku nr 4.4 w sekcji

dotyczącej eksperymentu nr 4 (4.4).

Szczegółowe informacje na temat kolejnych kroków przeprowadzonego eksperymentu nr 5 zostały przedstawione w tabelach nr 4.10, 4.11 i 4.12. Informacje w nich zawarte obejmują m.in. podstawowe i optymalizowane parametry zaprojektowanych klasyfikatorów wraz z parametrami algorytmu genetycznego wykorzystanego do selekcji cech i optymalizacji parametrów dla klasyfikatorów z warstwy pierwszej i drugiej.

SCHEMAT DOŚWIADCZENIA

W tej sekcji na rysunkach nr 4.7 i 4.8 został przedstawiony schemat eksperymentu nr 5. Schemat przedstawia przepływ danych pomiędzy kolejnymi krokami eksperymentu.

PROCEDURY ALGORYTMU

W tej sekcji zostało przedstawione również pięć procedur wykorzystanych w rozpoznawania sygnałów EKG w eksperymencie nr 5 dla genetycznego zespołu klasyfikatorów.

Procedura nr 4.13 obejmuje algorytm optymalizacji parametrów 10 klasyfikatorów SVM (dwa optymalizowane parametry) sprzężony z algorytmem selekcji cech wykonany za pomocą *algorytmu genetycznego* z pierwszej warstwy genetycznego zespołu klasyfikatorów dla eksperymentu nr 5. Procedura nr 4.15 obejmuje algorytm selekcji cech wykonany za pomocą *algorytmu genetycznego* dla 1 klasyfikatora SVM z drugiej warstwy genetycznego zespołu klasyfikatorów dla eksperymentu nr 5.

Natomiast procedura nr 4.14 obejmuje wyznaczanie *funkcji przystosowania* osobników, obliczanej w ramach *algorytmu genetycznego*, przedstawionego w procedurze nr 4.13, dla 1 warstwy zespołu klasyfikatorów. Z kolei procedura nr 4.16 obejmuje wyznaczanie *funkcji przystosowania* osobników, obliczanej w ramach *algorytmu genetycznego*, przedstawionego w procedurze nr 4.15, dla 2 warstwy zespołu klasyfikatorów. Procedury nr: 4.14 i 4.15 zostały przedstawione dla 10-krotnej walidacji krzyżowej zgodnie z metodologią eksperymentu nr 5.

Procedura nr 4.12 obejmuje obliczanie odpowiedzi genetycznego zespołu klasyfikatorów, macierzy pomyłek *CF* oraz współczynników oceny klasyfikatorów zawartych w sekcji: 3.2.7 na podstawie modeli klasyfikatorów (stworzonych dla optymalnych wartości parametrów znalezionych za pomocą procedur nr: 4.13 i 4.15, odpowiednio dla 1 i 2 warstwy zespołu klasyfikatorów) oraz optymalnego wektora cech wejściowych (wyznaczonego za pomocą procedur nr: 4.13 i 4.15, odpowiednio dla 1 i 2 warstwy zespołu klasyfikatorów).

WYNIKI

Uzyskane na podstawie eksperymentu nr 5 wyniki zostały przedstawione w sekcji 5.6.5.

Tablica 4.10: Szczegółowe informacje na temat kolejnych etapów: *Eksperymentu nr 5* (4.5).

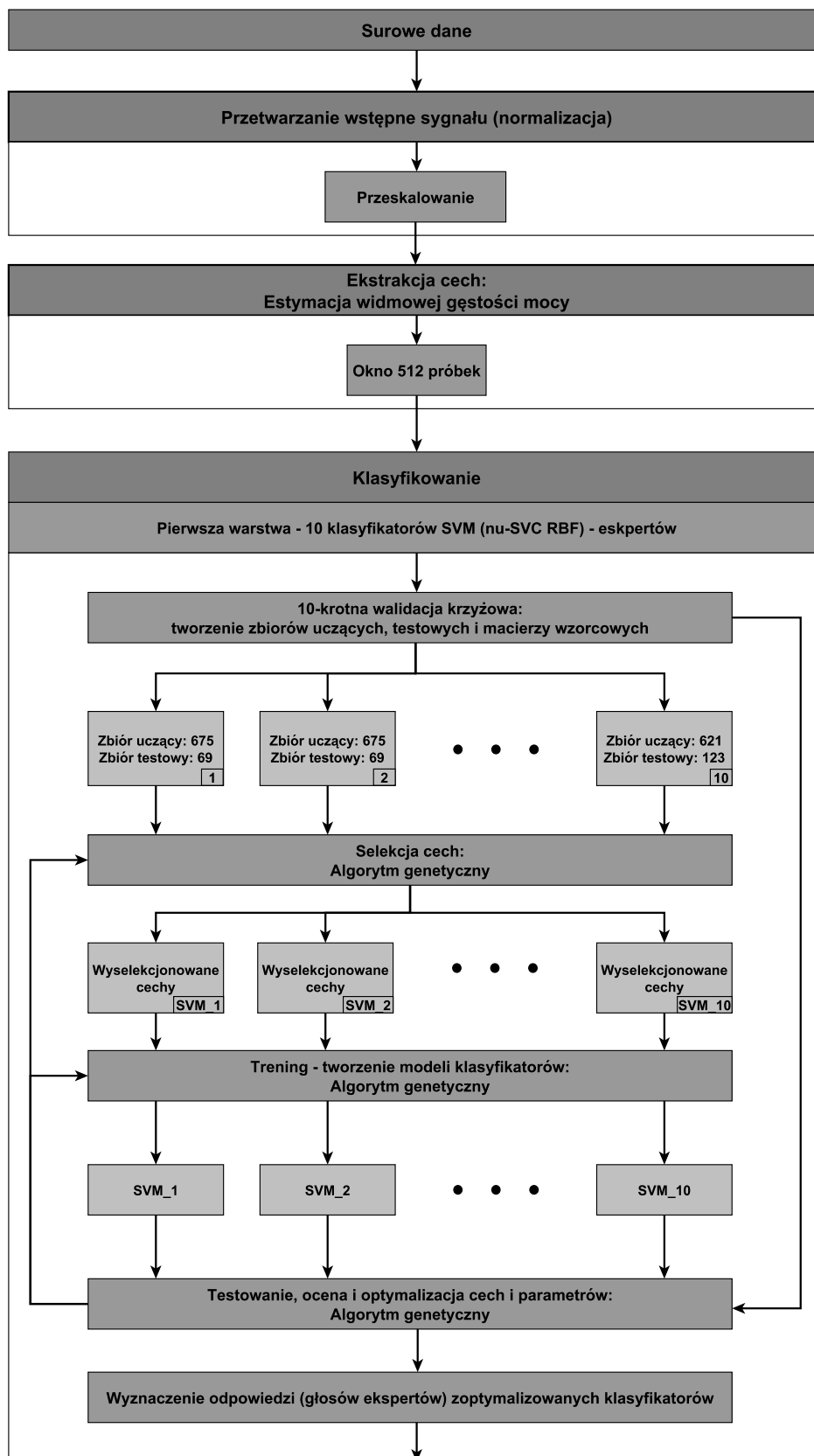
Nazwa	Teoria	Opis
Surowe dane		
BAZA DANYCH: MIT-BIH ARRHYTHMIA	Sekcja: 3.1.3	744, 10-sekundowe (3600 próbek), fragmenty sygnału EKG od 29 pacjentów; 17 klas: prawidłowy rytm zatokowy + 16 dysfunkcji serca;
Przetwarzanie wstępne sygnału		
NORMALIZACJA	Sekcja: 3.2.1	Przeskalowanie amplitudy sygnału do przedziału: $[-1, 1]$;
Ekstrakcja cech		
WIDMOWA GĘSTOŚĆ MOCY	Sekcja: 3.2.2	- Estymacja widmowej gęstości mocy sygnału EKG przy wykorzystaniu: metody Welsh'a oraz dyskretnej transformacji Fouriera; 1 rodzaj szerokości okna Hamminga: 512 próbek; - Normalizacja przetworzonego sygnału: logarytmowanie; - Długość wektora cech (liczba wejść): 4001 składowych częstotliwościowych;
KLASYFIKOWANIE		
Dwu-warstwowy zespół klasyfikatorów		
PIERWSZA WARSTWA		
10 klasyfikatorów SVM wyspecjalizowanych w minimalizowaniu błędów dla poszczególnych (priorytetowych) kombinacji zbiorów		
Selekcja cech		
ALGORYTM GENETYCZNY	Sekcja: 3.2.3	- Algorytm genetyczny został wykorzystany do selekcji cech sprzężonej z optymalizacją parametrów klasyfikatorów; - Liczba osobników w populacji: 50; - Typ reprezentacji genów: liczby zmiennoprzecinkowe; - Budowa chromosomu: wektory zmiennoprzecinkowe typu: $[g_1, g_2, c_1, \dots, c_{4001}]$, gdzie: g_1 – pierwszy gen determinujący wartość pierwszego parametru SVM: γ, g_2 – drugi gen determinujący wartość drugiego parametru SVM: ν, a $c_1, \dots, c_{4001}$ – 4001 genów, o wartościach z przedziału: $[0, 1]$ zaokrąglanych do wartości 1 – pozostawienie cechy lub 0 – odrzucenie cechy; - Początkowa populacja: losowa, jednolita; - Zakres wartości genów: lokalny zakres wartości genów, dla poszczególnych parametrów klasyfikatorów, zgodny z informacjami podanymi w tabeli nr 4.8, w wierszu: <i>Optymalizowane parametry</i>, dobrany doświadczalnie na podstawie globalnego (szerszego) zakresu; dla selekcji cech zakres: $[0, 1]$; - Docelowa wartość funkcji przystosowania: 0; - Maksymalna liczba pokoleń: 20; - Rodzaj krzyżowania: pośrednie; Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.7; - Rodzaj mutacji: jednolita; Prawdopodobieństwo mutacji: 0.3; - Liczba najlepiej przystosowanych osobników które przejdą niezmienione do następnego pokolenia: 3; - Metoda skalowania wartości funkcji przystosowania: rankingowa; - Metoda selekcji rodziców: turniejowa; - Funkcja przystosowania osobników obliczana na podstawie wzoru: $ERR = w_u \cdot (w_z \cdot err_{UZsum} + err_{Usum}) + w_t \cdot (w_z \cdot err_{TZsum} + err_{Tsum}) + w_c \cdot \frac{C_z}{C} \quad (4.6)$ gdzie: w_u = 1 – waga dla błędów ze zbiorów uczących; w_t = 1 – waga dla błędów ze zbiorów testowych; w_c = 1 – waga dla współczynnika pozostawionych cech; w_z = 100 – waga dla priorytetowej kombinacji zbiorów; err_{UZsum} – liczba błędnych klasyfikacji tylko w priorytetowym zbiorze uczącym Z dla danego klasyfikatora; err_{Usum} – sumaryczna liczba błędów w pozostałych 9 zbiorach uczących oprócz zbioru uczącego Z;

Tablica 4.11: Kontynuacja szczegółowych informacji na temat *Eksperymentu nr 5* (4.5).

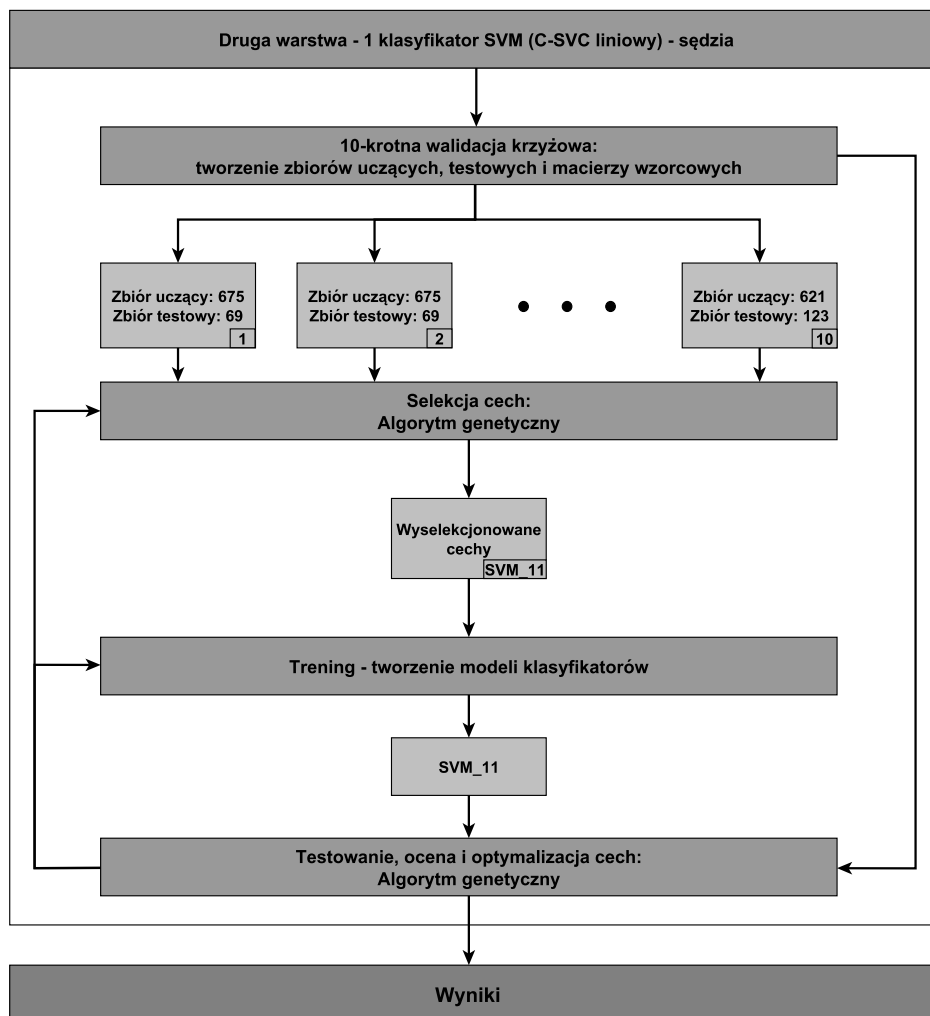
Nazwa	Teoria	Opis
Selekcja cech – kontynuacja		
ALGORYTM GENETYCZNY	Sekcja: 3.2.3	- Kontynuacja opisu wzoru 4.6 z tabeli nr 4.10: gdzie: err_{TZsum} – liczba błędnych klasyfikacji tylko w priorytetowym zbiorze testowym Z dla danego klasyfikatora; err_{Tsum} – sumaryczna liczba błędów w pozostałych 9 zbiorach testowych oprócz zbioru testowego Z; $\frac{C_z}{C}$ – współczynnik pozostawionych cech: stosunek liczby pozostawionych cech C_z do wszystkich cech C; - W wyniku selekcji cech została zredukowana, średnio dwukrotnie, długość wektora cech (liczba wejść) do wartości około 2000 cech (próbek sygnału EKG), szczegółowe informacje na ten temat można znaleźć w tabeli nr 5.6;
Walidacja krzyżowa		
10-KROTNY SPRAWDZIAN KRZYŻOWY	Sekcja: 3.2.4	10 modeli klasyfikatorów; - Proporcjonalna liczba fragmentów sygnału EKG dla każdej klasy: około 90% sygnałów w zbiorach uczących i 10% w zbiorach testowych; 10 zbiorów uczących (grupy 1-9: 675 elementów, grupa 4: 621 elementów); 10 zbiorów testowych (grupy 1-9: 69 elementów, grupa 4: 123 elementy);
Klasyfikatory		
10 trenowanych, testowanych i optymalizowanych klasyfikatorów:		
1 typ klasyfikatora · 1 szerokość okna Hamminga · 1 rodzaj przetwarzania wstępnego sygnału · 1 rodzaj walidacji krzyżowej		
Podstawowe parametry		
Wartości zmiennych parametrów zostały dobrane eksperymentalnie w eksperymencie nr 1, sekcja: 4.1		
SVM	Sekcja: 3.2.5	- Typ: nu-SVC; - Typ funkcji jądra: RBF (radialna, typu Gaussa); - Liczba wyjść = 17, ze zbioru $\{0, 1\}$;
Optymalizowane parametry		
Ostateczne zakresy parametrów zostały dobrane eksperymentalnie na podstawie szerszych zakresów		
SVM	Sekcja: 3.2.5	- Parametr γ ($-g$) determinujący rozpiętość funkcji radialnej (RBF) jądra, z zakresu: $[2 \cdot 10^{-6}; 2 \cdot 10^{-4}]$, z rozdzielczością: 10^{-14}, $50 \cdot 30 = 1500$ wartości; - Parametr nu ($-n$) determinujący szerokość marginesów, z zakresu: $[0.001; 0.05]$, z rozdzielczością: 10^{-14}, $50 \cdot 30 = 1500$ wartości;
Optymalizacja parametrów klasyfikatorów		
ALGORYTM GENETYCZNY	Sekcja: 3.2.6	Algorytm genetyczny zastosowany do optymalizacji parametrów klasyfikatorów został sprzężony z <i>selekcją cech</i>. Dokładny opis jego parametrów znajduje się w tabeli nr 4.7 w sekcji: <i>Selekcja cech</i>;
DRUGA WARSTWA		
1 klasyfikator SVM (<i>sędzia</i>) oceniający odpowiedzi klasyfikatorów (<i>głosy ekspertów</i>) z pierwszej warstwy		
Selekcja cech		
ALGORYTM GENETYCZNY	Sekcja: 3.2.3	- Liczba osobników w populacji: 200; - Typ reprezentacji genów: ciąg bitów; - Budowa chromosomu: wektor bitów postaci: $[c_1, \dots, c_{170}]$, składający się z 170 genów, o wartościach ze zbioru: $\{0, 1\}$, gdzie: 1 – oznacza pozostawienie cechy lub 0 – odrzucenie cechy; - Początkowa populacja: losowa, jednolita; - Zakres wartości genów: ze zbioru: $\{0, 1\}$ (dla selekcji cech); - Docelowa wartość funkcji przystosowania: 0;

Tablica 4.12: Kontynuacja szczegółowych informacji na temat *Eksperymentu nr 5* (4.5).

Nazwa	Teoria	Opis
Selekcja cech – kontynuacja		
ALGORYTM GENETYCZNY	Sekcja: 3.2.3	• Maksymalna liczba pokoleń: 100; • Rodzaj krzyżowania: rozsiane; Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.9; • Rodzaj mutacji: jednolita; Prawdopodobieństwo mutacji: 0.1; • Liczba najlepiej przystosowanych osobników które przejdą niezmienione do następnego pokolenia: 10; • Metoda skalowania wartości funkcji przystosowania: rankingowa; • Metoda selekcji rodziców: turniejowa; • Kierunek migracji: obustronny; • Wartość współczynnika migracji: 0.2; • Zakres migracji: 20; • Funkcja przystosowania osobników obliczana na podstawie wzoru: $ERR = w_u \cdot err_{Usum} + w_t \cdot err_{Tsum} + w_c \cdot \frac{C_z}{C} \quad (4.7)$ gdzie: w_u = 1 – waga dla błędów ze zbiorów uczących; w_t = 1 – waga dla błędów ze zbiorów testowych; w_c = 1 – waga dla współczynnika pozostawionych cech; err_{Usum} – sumaryczna liczba błędów w 10 zbiorach uczących; err_{Tsum} – sumaryczna liczba błędów w 10 zbiorach testowych; $\frac{C_z}{C}$ – współczynnik pozostawionych cech: stosunek liczby pozostawionych cech C_z do wszystkich cech C; • W wyniku selekcji cech została zredukowana, ponad 4-krotnie, długość wektora cech (liczba wejść) do wartości 38 z 170 cech, szczegółowe informacje na ten temat można znaleźć w tabeli nr 5.6;
Walidacja krzyżowa		
10-KROTNY SPRAWDZIAN KRZYŻOWY	Sekcja: 3.2.4	• 10 modeli klasyfikatorów; • Proporcjonalna liczba fragmentów sygnału EKG dla każdej klasy: około 90% sygnałów w zbiorach uczących i 10% w zbiorach testowych; • 10 zbiorów uczących (grupy 1-9: 675 elementów, grupa 4: 621 elementów); • 10 zbiorów testowych (grupy 1-9: 69 elementów, grupa 4: 123 elementy);
Klasyfikatory		
1 trenowany, testowany i optymalizowany klasyfikator: 1 typ klasyfikatora · 1 rodzaj walidacji krzyżowej		
Podstawowe parametry		
Wartości zmiennych parametrów zostały dobrane eksperymentalnie		
SVM	Sekcja: 3.2.5	• Typ: C-SVC; • Typ funkcji jądra: liniowa; • Liczba wyjść = 1, ze zbioru $\{1, \dots, 17\}$;
Optymalizowane parametry		
Brak		
Optymalizacja parametrów klasyfikatorów		
Brak		
Ocena uzyskanych wyników		
KRYTERIA	Sekcja: 3.2.7	• Macierz pomyłek (CF); • Skuteczność (ACC); Czułość (SEN); Specyficzność (SPE); • Suma błędów (ERR_{sum}); • Współczynnik κ; Współczynnik pozostawionych cech W_C; • Czas treningu (C_t); Czas klasyfikowania (C_k); Czas optymalizacji (C_o);



Rysunek 4.7: Schemat Eksperymentu nr 5 – Genetyczny zespół klasyfikatorów optymalizowanych po zestawach zbiorów.



Rysunek 4.8: Kontynuacja schematu *Eksperymentu nr 5 – Genetyczny zespół klasyfikatorów optymalizowanych po zestawach zbiorów*.

Algorytm 4.13: Procedura selekcji cech i optymalizacji parametrów 10 klasyfika. SVM pierwszej warstwy, wykonana za pomocą ALGORYTMU GENETYCZNEGO dla Eksperymentu nr 5.

Dane: X – macierz z surowymi danymi; W – macierz z wzorcowymi odpowiedziami; $n \leftarrow 10$ – liczba kombinacji zbiorów uczących i testowych dla 10-krotnej walidacji krzyżowej;**Wyniki:** B_{1w} – macierz z wartościami FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA: f_p wraz z wektorami x z wyznaczonymi, optymalnymi parametrami: γ i ν oraz wyselekcjonowanymi cechami dla 10 klasyfikatorów SVM z pierwszej warstwy; $O_{U1}, \dots, O_{U10}$ i $O_{T1}, \dots, O_{T10}$ – macierze z odpowiedziami 10 klasyfikatorów;

- 1 Wykonać przeskalowanie surowych danych według sekcji: 3.2.1 na podstawie: X w wyniku czego otrzymamy: X_P ;
 - 2 Wykonać ekstrakcję cech dla okna Hamminga = 512 próbek, według sekcji: 3.2.2 na podstawie: X_P w wyniku czego otrzymamy: X_E ;
 - 3 Utworzyć na podstawie X_E zbiory uczące: $U_1, \dots, U_{10}$ i testowe: $T_1, \dots, T_{10}$ oraz na podstawie W macierze wzorcowe: $W_{U1}, \dots, W_{U10}$; $W_{T1}, \dots, W_{T10}$ za pomocą metody n -krotnej walidacji krzyżowej opisanej w sekcji: 3.2.4;
 - 4 Ustawić parametry ALGORYTMU GENETYCZNEGO zgodnie z tabelą nr: 4.10, m.in.:
 - liczba osobników w populacji $\leftarrow o = 50$
 - zakończenie algorytmu $\leftarrow$ wartość funkcji dopasowania: $f_p = 0$ lub pokolenia: $p = 30$
- ```

5 for $z \leftarrow 1$ to n (liczba kombinacji zbiorów) do /* ALGORYTM GENETYCZNY */
6 Stworzyć początkową populację P , w której chromosomy osobników są wektorem postaci:
 $x = [g_1, g_2, c_1, \dots, c_{4001}]$, gdzie g_1 – pierwszy gen determinujący wartość pierwszego optymalizowanego
 parametru SVM: γ , a g_2 – drugi gen determinujący wartość drugiego parametru: ν , $c_1, \dots, c_{4001}$ geny
 odpowiedzialne za selekcję cech;
7 for $i \leftarrow 1$ to p (liczba pokoleń) do
8 for $j \leftarrow 1$ to o (liczba osobników) do
9 Wyznaczyć wektor r dla osobnika j z populacji P składający się z: wartości FUNKCJI
 PRZYSTOSOWANIA f_p wraz z odpowiadającym jej wektorem x_j z wartościami optymalizowanych
 parametrów i wyselekcjonowanymi cechami oraz wyznaczyć macierze z odpowiedziami klasyfikatora:
 O_U i O_T , według procedury: 4.14 i zapisać wyniki w macierzy $R(j)$ oraz w macierzach: O_{Uj} i O_{Tj} ;
10 end
11 if $f_p == 0$ w R then /* Zakończenie algorytmu */
12 Wyprowadzić „najlepszego” osobnika w postaci wektora B , na podstawie macierzy R wraz z
 odpowiadającymi mu macierzami odpowiedzi O_U i O_T dla klasyfikatora z oraz zapisać wartości
 wektora B do macierzy: $B_{1w}(z)$, a wartości macierzy odpowiedzi do macierzy O_{Uz} i O_{Tz} ;
13 break
14 else
15 Wykonać selekcję osobników;
16 Zastosować operatory genetyczne: krzyżowanie i mutację;
17 Utworzyć nową populację P ;
18 end
19 end
20 Wyprowadzić „najlepszego” osobnika w postaci wektora B , na podstawie macierzy R wraz z odpowiadającymi
 mu macierzami odpowiedzi O_U i O_T dla klasyfikatora z oraz zapisać wartości wektora B do macierzy: $B_{1w}(z)$,
 a wartości odpowiedzi do macierzy O_{Uz} i O_{Tz} ;
21 end

```
-

---

**Algorytm 4.14:** Procedura wyznaczania FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA  $f_p$  osobników, obliczana w ramach ALGORYTMU GENETYCZNEGO, przedstawionego w pro.: 4.13, dla Eksperymentu nr 5.

---

**Dane:**

$svm_{type} \leftarrow 1$  – zdefiniowanie typu SVM na  $\nu - SVC$ ;  
 $kernel_{type} \leftarrow 2$  – zdefiniowanie typu funkcji jądra na  $RBF$ ;  
 $n \leftarrow 10$  – liczba kombinacji zbiorów uczących i testowych dla 10-krotnej walidacji krzyżowej;  
 $U_1, \dots, U_{10}; T_1, \dots, T_{10}$  – zbiory uczące i testowe utworzone za pomocą metody  $n$ -krotnej walidacji krzyżowej, według procedury: 4.13;  
 $W_{U1}, \dots, W_{U10}; W_{T1}, \dots, W_{T10}$  – macierze wzorcowe utworzone za pomocą metody  $n$ -krotnej walidacji krzyżowej, według procedury: 4.13;  
 $x$  – chromosom danego osobnika w postaci wektora:  $[g_1, g_2, c_1, \dots, c_{4001}]$  składającego się z dwóch genów z wartościami optymalizowanych parametrów klasyfikatora SVM oraz genami odpowiedzialnymi za selekcję cech;  
 $w_u \leftarrow 1$  – waga dla błędów ze zbiorów uczących;  
 $w_t \leftarrow 1$  – waga dla błędów ze zbiorów testowych;  
 $w_c \leftarrow 1$  – waga dla współczynnika pozostawionych cech;  
 $z$  – zmienna determinująca priorytetową kombinację zbiorów dla danego klasyfikatora, przekazana z procedury: 4.13;  
 $w_z \leftarrow 100$  – waga dla priorytetowej kombinacji zbiorów  $z$  dla danego klasyfikatora  $z$ ;

**Wyniki:**

$r$  – wektor składający się z: wartości FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA  $f_p$  wraz z odpowiadającym jej wektorem  $x$ , z wartościami optymalizowanych parametrów klasyfikatora SVM oraz wyselekcjonowanymi cechami dla danego osobnika;  
 $O_U$  i  $O_T$  – macierze z odpowiedziami klasyfikatora;

- 1 Zaokrąglić wartości wektora  $x_{3:4003}$  do wartości:  $0 \vee 1$ ;
  - 2 Wykonać selekcję cech na zbiorach uczących:  $U_1, \dots, U_{10}$  i testowych:  $T_1, \dots, T_{10}$  na podstawie wektora  $x_{3:4003}$  poprzez usunięcie cech (składowych częstotliwościowych) odpowiadających wartościom 0 oraz zapisać ich wartości do macierzy:  $U_{c1}, \dots, U_{c10}$  i  $T_{c1}, \dots, T_{c10}$ ;
  - 3 Zapisać warto. parametrów klasyfikatora SVM  $M_z$ :  $svm_{type}$ ,  $kernel_{type}$  i  $x_{1:2}$  do wektora:  $opcje$ ;
  - 4 **for**  $k \leftarrow 1$  **to**  $n$  (liczba kombinacji zbiorów) **do**
    - 5 Utworzyć *model* klasyfikatora SVM $_z$  w wyniku treningu na podstawie:  $opcje$ ,  $U_{ck}$  i  $W_{Uk}$ ;
    - 6 Wyznaczyć odpowiedzi klasyfikatora SVM $_z$  na podstawie stworzonego *modelu* dla zbioru uczącego  $U_{ck}$  i testowego  $T_{ck}$  oraz zapisać ich wartości do wektorów:  $O_U(k)$  i  $O_T(k)$ ;
    - 7 Wyznaczyć liczbę błędów w zbiorze uczącym  $U_{ck}$  i testowym  $T_{ck}$  na podstawie odpowiedzi klasyfikatora:  $O_U(k)$  i  $O_T(k)$  oraz wzorcowych odpowiedzi:  $W_{Uk}$  i  $W_{Tk}$  oraz zapisać ich wartości dla priorytetowej klasy  $z$  do wektorów:  $err_{UZ}(k)$  i  $err_{TZ}(k)$  oraz dla pozostałych klas do wektorów:  $err_U(k)$  i  $err_T(k)$ ;
  - 8 **end**
  - 9 Obliczyć sumy błędów:  $err_{UZsum}$ ,  $err_{TZsum}$ ,  $err_{Usum}$  i  $err_{Tsum}$  dla zbiorów uczących  $U_{c1}, \dots, U_{c10}$  i testowych  $T_{c1}, \dots, T_{c10}$  na podstawie cząstkowych wartości błędów:  $err_{UZ}$ ,  $err_{TZ}$ ,  $err_U$  i  $err_T$ ;
  - 10 Wyznaczyć na podstawie:  $err_{UZsum}$ ,  $err_{TZsum}$ ,  $err_{Usum}$  i  $err_{Tsum}$  wartość FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA  $f_p$ , według wzoru:  $ERR = w_u \cdot (w_z \cdot err_{UZsum} + err_{Usum}) + w_t \cdot (w_z \cdot err_{TZsum} + err_{Tsum}) + w_c \cdot \frac{C_z}{C}$ , gdzie:  $C_z$  jest liczbą pozostawionych cech, a  $C$  jest liczbą wszystkich cech;
  - 11 Zapisać wartość FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA  $f_p$  wraz z odpowiadającym jej wektorem  $x$  z wartościami parametrów klasyfikatora i zaokrąglonymi wartościami wyselekcjonowanych cech do wektora  $r$  oraz zapisać macierze z odpowiedziami klasyfikatora:  $O_U$  i  $O_T$ ;
-

---

**Algorytm 4.15:** Procedura selekcji cech 1 klasyfikatora *SVM drugiej warstwy*, wykonana za pomocą ALGORYTMU GENETYCZNEGO dla *Eksperymentu nr 5*.

---

**Dane:**

$O_{U1}, \dots, O_{U10}$  i  $O_{T1}, \dots, O_{T10}$  – macierze z odpowiedziami 10 klasyfikatorów z pierwszej warstwy wyznaczone na podstawie procedury 4.13;

$W_{U1}, \dots, W_{U10}$ ;  $W_{T1}, \dots, W_{T10}$  – macierze wzorcowe utworzone za pomocą 10-krotnej metody walidacji krzyżowej, według procedury: 4.13;

$n \leftarrow 10$  – liczba kombinacji zbiorów uczących i testowych dla 10-krotnej walidacji krzyżowej;

**Wyniki:**

$B_{2w}$  – wektor z wartością FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA:  $f_p$  wraz z wektorem  $c$  z wyznaczonymi, optymalnie wyselekcjonowanymi, cechami dla 1 klasyfikatora *SVM* z drugiej warstwy;

- 1 Przetransformować 1-wyjsciove odpowiedzi 10 klasyfikatorów  $O_{U1}, \dots, O_{U10}$  i  $O_{T1}, \dots, O_{T10}$  na odpowiedzi 10-wyjsciove  $O_{U10}, \dots, O_{U10}$  i  $O_{T10}, \dots, O_{T10}$ ;
- 2 Ułożyć odpowiedzi 10 klasyfikatorów  $O_{U10}, \dots, O_{U10}$  i  $O_{T10}, \dots, O_{T10}$  zgodnie z metodą  $n$ -krotnej walidacji krzyżowej, w wyniku czego otrzymamy zbiory uczące:  $U_{O1}, \dots, U_{O10}$  i testowe:  $T_{O1}, \dots, T_{O10}$ ;
- 3 Ustawić parametry ALGORYTMU GENETYCZNEGO zgodnie z tabelami nr: 4.11 i 4.12, m.in.:
  - liczba osobników w populacji  $\leftarrow o = 200$
  - zakończenie algorytmu  $\leftarrow$  wartość funkcji dopasowania:  $f_p = 0$  lub pokolenia:  $p = 100$

**ALGORYTM GENETYCZNY** (sekcja: 3.2.6):

- 4 Stworzyć początkową populację  $P$ , w której chromosomy osobników są wektorem postaci:  $c = [c_1, \dots, c_{170}]$ , składającym się z 170 genów, odpowiedzialnych za selekcję cech, odpowiadających odpowiedziom 10 klasyfikatorów z pierwszej warstwy;

5 **for**  $i \leftarrow 1$  **to**  $p$  (liczba pokoleń) **do**

6     **for**  $j \leftarrow 1$  **to**  $o$  (liczba osobników) **do**

7         Wyznaczyć wektor  $r$  dla osobnika  $j$  z populacji  $P$  składający się z: wartości FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA  $f_p$  wraz z odpowiadającym jej wektorem  $c_j$  z wyselekcjonowanymi cechami, według procedury: 4.16 i zapisać wyniki w macierzy  $R(j)$ ;

8     **end**

9     **if**  $f_p == 0$  w  $R$  **then** /\* Zakończenie algorytmu \*/

10         Wyprowadzić „najlepszego” osobnika w postaci wektora  $B_{2w}$ , na podstawie macierzy  $R$ ;

11         **break**

12     **else**

13         Wykonać selekcję osobników;

14         Zastosować operatory genetyczne: krzyżowanie i mutację;

15         Utworzyć nową populację  $P$ ;

16     **end**

17 **end**

18 Wyprowadzić „najlepszego” osobnika w postaci wektora  $B_{2w}$ , na podstawie macierzy  $R$ ;

---

---

**Algorytm 4.16:** Procedura wyznaczania FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA  $f_p$  osobników, obliczana w ramach ALGORYTMU GENETYCZNEGO, przedstawionego w pro.: 4.15, dla Eksperymentu nr 5.

---

**Dane:**

$svm_{type} \leftarrow 0$  – zdefiniowanie typu *SVM* na *C – SVC*;  
 $kernel_{type} \leftarrow 0$  – zdefiniowanie typu funkcji jądra na *liniow*;  
 $n \leftarrow 10$  – liczba kombinacji zbiorów uczących i testowych dla 10-krotnej walidacji krzyżowej;  
 $U_{O1}, \dots, U_{O10}$  i  $T_{O1}, \dots, T_{O10}$  – zbiory uczące i testowe utworzone za pomocą  $n$ -krotnej walidacji krzyżowej, na podstawie odpowiedzi 10 klasyfikatorów z pierwszej warstwy, wyznaczone na podstawie procedury 4.13;  
 $W_{U1}, \dots, W_{U10}$  i  $W_{T1}, \dots, W_{T10}$  – macierze wzorcowe utworzone za pomocą  $n$ -krotnej metody walidacji krzyżowej, według procedury: 4.13;  
 $c$  – chromosom danego osobnika w postaci wektora:  $c = [c_1, \dots, c_{170}]$  składającego się z 170 genów z wartościami ze zbioru:  $\{0, 1\}$ , odpowiedzialnych za selekcję cech, odpowiadających odpowiedziom 10 klasyfikatorów z pierwszej warstwy;  
 $w_u \leftarrow 1$  – waga dla błędów ze zbiorów uczących;  
 $w_t \leftarrow 1$  – waga dla błędów ze zbiorów testowych;  
 $w_c \leftarrow 1$  – waga dla współczynnika pozostawionych cech;

**Wyniki:**

- $r$  – wektor składający się z: wartości FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA  $f_p$  wraz z odpowiadającym jej wektorem  $x$ , z wyselekcjonowanymi cechami dla danego osobnika;
- 1 Wykonać selekcję cech na zbiorach uczących:  $U_{O1}, \dots, U_{O10}$  i testowych:  $T_{O1}, \dots, T_{O10}$  na podstawie wektora  $c_{1:170}$  poprzez usunięcie cech (składowych częstotliwościowych) odpowiadających wartościom 0 oraz zapisać ich wartości do macierzy:  $U_{Oc1}, \dots, U_{Oc10}$  i  $T_{Oc1}, \dots, T_{Oc10}$ ;
  - 2 Zapisać wartości parametrów klasyfikatora *SVM*:  $svm_{type}$  i  $kernel_{type}$  do wektora:  $opcje$ ;
  - 3 **for**  $k \leftarrow 1$  **to**  $n$  (liczba kombinacji zbiorów) **do**
    - 4 | Utworzyć *model* klasyfikatora *SVM* w wyniku treningu na podstawie:  $opcje$ ,  $U_{Ock}$  i  $W_{Uk}$ ;
    - 5 | Wyznaczyć odpowiedzi klasyfikatora *SVM* na podstawie stworzonego *modelu* dla zbioru uczącego  $U_{Ock}$  i testowego  $T_{Ock}$  oraz zapisać ich wartości do wektorów:  $O_U(k)$  i  $O_T(k)$ ;
    - 6 | Wyznaczyć liczbę błędów w zbiorze uczącym  $U_{Ock}$  i testowym  $T_{Ock}$  na podstawie odpowiedzi klasyfikatora:  $O_U(k)$  i  $O_T(k)$  oraz wzorcowych odpowiedzi:  $W_{Uk}$  i  $W_{Tk}$  oraz zapisać ich wartości do wektorów:  $err_U(k)$  i  $err_T(k)$ ;
  - 7 **end**
  - 8 Obliczyć sumy błędów  $err_{Usum}$  i  $err_{Tsum}$  dla zbiorów uczących  $U_{Oc1}, \dots, U_{Oc10}$  i testowych  $T_{Oc1}, \dots, T_{Oc10}$  na podstawie cząstkowych wartości błędów:  $err_U$  i  $err_T$ ;
  - 9 Wyznaczyć na podstawie  $err_{Usum}$  i  $err_{Tsum}$  wartość FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA  $f_p$ , według wzoru:  $ERR = w_u \cdot err_{Usum} + w_t \cdot err_{Tsum} + w_c \cdot \frac{C_z}{C}$ , gdzie:  $C_z$  jest liczbą pozostawionych cech, a  $C$  jest liczbą wszystkich cech;;
  - 10 Zapisać wartość FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA  $f_p$  wraz z odpowiadającym jej wektorem  $c$  z wartościami wyselekcjonowanych cech do wektora  $r$ ;
-

**Algorytm 4.17:** Procedura obliczania macierzy pomyłek  $CF$  oraz współczynników oceny klasyfikatorów na podstawie procedur: 4.13 i 4.15, dla dwu-warstwowego genetycznego zespołu klasyfikatorów z *Eksperymentu nr 5*.

**Dane:**

$X$  – macierz z surowymi danymi;  
 $W$  – macierz z wzorcowymi odpowiedziami;  
 $svm_{type_{1w}} \leftarrow 1$  – zdefiniowanie typu  $SVM$  na  $\nu - SVC$ ;  
 $kernel_{type_{1w}} \leftarrow 2$  – zdefiniowanie typu funkcji jądra na  $RBF$ ;  
 $svm_{type_{2w}} \leftarrow 0$  – zdefiniowanie typu  $SVM$  na  $C - SVC$ ;  
 $kernel_{type_{2w}} \leftarrow 0$  – zdefiniowanie typu funkcji jądra na  $liniow$ ;  
 $n \leftarrow 10$  – liczba kombinacji zbiorów uczących i testowych dla 10-krotnej walidacji krzyżowej;  
 $B_{1w}$  – macierz z wynikami procedury 4.13;  
 $B_{2w}$  – macierz z wynikami procedury 4.15;

**Wyniki:**

$CF$  – macierz pomyłek z odpowiedziami dwu-warstwowego genetycznego zespołu klasyfikatorów;

- 1 Wykonać przeskalowanie surowych danych:  $X \rightarrow X_P$ ;
- 2 Wykonać ekstrakcję cech dla okna Hamminga = 512 próbek:  $X_P \rightarrow X_E$ ;
- 3 Utworzyć na podstawie metody  $n$ -krotnej walidacji krzyżowej zbiory uczące i testowe:  
 $X_E \rightarrow U_1, \dots, U_{10} \wedge T_1, \dots, T_{10}$  oraz macie. wzorcowe:  $W \rightarrow W_{U1}, \dots, W_{U10} \wedge W_{T1}, \dots, W_{T10}$ ;
- 4 **for**  $z \leftarrow 1$  **to**  $n$  (liczba kombinacji zbiorów) **do** /\* PIERWSZA WARSTWA \*/
- 5     Wykonać selekcję cech na podstawie wektora  $B_{1w4:4004}(z)$  na zbiorach uczących i testowych:  
 $(U_1, \dots, U_{10} \vee T_1, \dots, T_{10}) + B_{1w4:4004}(z) \rightarrow U_{c1}, \dots, U_{c10} \vee T_{c1}, \dots, T_{c10}$ ;
- 6     Zapisać wartości parametrów klasyfi.  $SVM_z$ :  $svm_{type} + kernel_{type} + B_{1w2:3}(z) \rightarrow opcje$ ;
- 7     **for**  $k \leftarrow 1$  **to**  $n$  (liczba kombinacji zbiorów) **do**
- 8         Utworzyć model klasyfikatora  $SVM_z$ :  $opcje + U_{ck} + W_{Uk} \rightarrow model$ ;
- 9         Wyznaczyć wektory odpowiedzi klasyfikatora  $SVM_z$  dla zbioru uczącego i testowego:  
 $model + (U_{ck} \vee T_{ck}) \rightarrow O_U(k) \vee O_T(k)$ ;
- 10     **end**
- 11     Zapisać macierze z odpowiedziami klasyfikatora  $SVM_z$ :  $O_U \vee O_T \rightarrow O_{Uz} \vee O_{Tz}$ ;
- 12 **end** /\* DRUGA WARSTWA \*/
- 13 Przetransformować 1-wyjściowe odpowiedzi 10 klasyfikatorów na odpowiedzi 10-wyjściowe:  
 $O_{U1}, \dots, O_{U10} \vee O_{T1}, \dots, O_{T10} \rightarrow O_{U10}, \dots, O_{U1010} \vee O_{T10}, \dots, O_{T1010}$ ;
- 14 Utworzyć zbiory uczące i testowe poprzez ułożenie odpowiedzi 10 klasyfikatorów zgodnie z metodą walidacji:  $O_{U10}, \dots, O_{U1010} \vee O_{T10}, \dots, O_{T1010} \rightarrow U_{O1}, \dots, U_{O10} \vee T_{O1}, \dots, T_{O10}$ ;
- 15 Wykonać selekcję cech na podstawie wektora:  $B_{2w2:290}$  na zbiorach uczących i testowych:  
 $(U_{O1}, \dots, U_{O10} \vee T_{O1}, \dots, T_{O10}) + B_{2w2:290} \rightarrow U_{Oc1}, \dots, U_{Oc10} \vee T_{Oc1}, \dots, T_{Oc10}$ ;
- 16 Zapisać wartości parametrów klasyfikatora  $SVM$ :  $svm_{type} + kernel_{type} \rightarrow opcje$ ;
- 17 **for**  $k \leftarrow 1$  **to**  $n$  (liczba kombinacji zbiorów) **do**
- 18     Utworzyć model klasyfikatora  $SVM$ :  $opcje + U_{Ock} + W_{Uk} \rightarrow model$ ;
- 19     Wyznaczyć wektory odpowiedzi klasyfikatora  $SVM$  dla zbioru uczącego i testowego:  
 $model + (U_{Ock} \vee T_{Ock}) \rightarrow O_U(k) + O_T(k)$ ;
- 20     Wyznaczyć liczbę błędów w zbiorze uczącym i testowym:  
 $(O_U(k) \wedge W_{Uk}) \vee (O_T(k) \wedge W_{Tk}) \rightarrow err_U(k) \vee err_T(k)$ ;
- 21 **end**
- 22 Utworzyć cząstkowe macierze pomyłek oraz całkowitą macierz pomyłek:  
 $O_T \wedge W_{T1}, \dots, W_{T10} \rightarrow CF_1, \dots, CF_{10} \wedge CF$ ;
- 23 Obliczyć współczynniki oceny klasyfikatorów według sekcji: 3.2.7, na podstawie:  $CF_1, \dots, CF_{10}, CF$  oraz  $err_U$  i  $err_T$ ;

## 4.6. Eksperyment nr 6 – Głęboki genetyczny zespół klasyfikatorów

### HIPOTEZA

Zastosowanie **głębokiego genetycznego trój-warstwowego zespołu** 48+4+1 różnych klasyfikatorów: SVM, kNN, PNN, RBFNN, uczonego w celu rozpoznawania zaburzeń serca na podstawie 3 rodzajów przetwarzania wstępnego sygnału i 4 rodzajów ekstrakcji cech (4 szerokości okna Hamminga), bazującego na metodzie warstwowego uczenia głębokiego oraz genetycznej selekcji cech, genetycznej optymalizacji parametrów klasyfikatorów i 10-krotnej walidacji krzyżowej, spowoduje zwiększenie czułości diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego.

### OPIS EKSPERYMENTU

Szósty eksperyment polegał na zaprojektowaniu **trzy-warstwowego zespołu**, składający się z: 48 klasyfikatorów: SVM (nu-SVC, RBF), kNN, PNN, RBFNN + 4 klasyfikatorów SVM (C-SVC, liniowy) + 1 klasyfikatora SVM (C-SVC, liniowy). W zespole każdy klasyfikator warstwy wejściowej optymalizowany jest w celu zmaksymalizowania czułości rozpoznawania zaburzeń serca. Poszczególne klasyfikatory warstwy wejściowej uczone są na podstawie 3 rodzajów przetwarzania wstępnego sygnału (normalizacji) i 4 rodzajów ekstrakcji cech (4 szerokości okna Hamminga). W dwóch warstwach wyjściowych, na podstawie odpowiedzi klasyfikatorów wejściowych oraz bazując na metodzie **głębokiego uczenia** oraz *genetycznej selekcji cech*, zachodzi proces wydobywania wiedzy prowadzący do podjęcia ostatecznej decyzji przez system. Zespół uczony warstwowo z *genetyczną selekcją cech* i *genetyczną optymalizacją parametrów* klasyfikatorów. W eksperymencie zastosowano 10-krotną walidację krzyżową.

### SZCZEGÓŁOWE INFORMACJE

W tej sekcji zostały zaprezentowane szczegółowe informacje na temat przeprowadzonego doświadczenia nr 6. Celem eksperymentu nr 6 było stworzenie głębokiego genetycznego zespołu klasyfikatorów. Inspiracją dla takiego rozwiązania była metoda głębokiego nauczania (ang. *deep learning*) bazująca na mechanizmach zachodzących w korze nowej mózgu. Do cech charakterystycznych zaprojektowanego systemu, będących podobieństwami do biologicznego odpowiednika oraz metody głębokiego nauczania możemy zaliczyć następujące aspekty:

- **klasyfikatory jako neurony** połączone w sieć;
- **uczenie warstwowe** - podobnie jak w *deep learning* nauka przebiega etapowo;
- **genetyczne uczenie**:
  - **optymalizacja połączeń** pomiędzy klasyfikatorami z sąsiednich warstw (selekcja cech) zrealizowana za pomocą algorytmu genetycznego analogicznie do eliminacji połączeń w mózgu między neuronami;
  - **sprzężenia zwrotne** występujące w trakcie treningu w postaci algorytmu genetycznego (optymalizacji genetycznej) oraz w postaci walidacji krzyżowej (douczenia) podobne do połączeń zwrotnych w mózgu;
- **różnorodność** - klasyfikatorów, przetwarzania wstępnego danych oraz połączeń jako analogia do różnych typów neuronów, przetwarzania sygnałów oraz nieregularnych połączeń pomiędzy komórkami nerwowymi wchodzącymi w skład kory nowej mózgu;

- różnorodność **klasyfikatorów** wchodzące w skład pierwszej warstwy;
- różnorodność **przetwarzania wstępnego danych** wejściowych do pierwszej warstwy (3 rodzaje normalizacji i 4 rodzaje szerokości okna Hamminga);
- różnorodność **połączeń** - pomiędzy pierwszą i drugą warstwą nie występują wszystkie możliwe połączenia pomiędzy klasyfikatorami;
- **bipolarność** - wartość przesyłanych sygnałów ze zbioru:  $\{0; 1\}$  podobna do wartości potencjału czynnościowego komórek nerwowych;
- **wielowarstwowość** (głębokość) - zgodnie z definicją głębokiego uczenia sieci posiadające w swojej strukturze powyżej 2 warstw uważa się za głębokie analogicznie do kory nowej która składa się z 7 warstw;
- **uczenie abstrakcyjne** - wewnętrzne wydobywanie cech, system przekształcając informacje w kolejnych warstwach swojej struktury generuje coraz bardziej złożone cechy będące pojęciami abstrakcyjnymi na wzór mózgu;

Zaprojektowany w ramach eksperymentu system został nazwany: głęboki genetyczny zespół klasyfikatorów (ang. *deep genetic ensemble classifiers*). Geneza jego powstania została wyjaśniona poniżej:

- **głęboki** - ponieważ struktura zaprojektowanego w niniejszym eksperymencie systemu (zespołu klasyfikatorów) składa się z 3 warstw, a zgodnie z definicją głębokiego uczenia (ang. *deep learning*, sekcja: 10), wszystkie sieci posiadające w swojej strukturze więcej niż dwie warstwy określa się mianem głębokich;
- **genetyczny**, ponieważ w niniejszym eksperymencie ważną rolę odegrał algorytm genetyczny zastosowany w pierwszej warstwie do selekcji cech (składowych częstotliwościowych sygnałów EKG) oraz optymalizacji parametrów 48 klasyfikatorów. Natomiast w drugiej i trzeciej warstwie został wykorzystany do nowatorskiego genetycznego treningu bazującego na selekcji cech polegającej na eliminowaniu niepoprawnych odpowiedzi klasyfikatorów warstw wcześniejszych.
- **zespół**, ponieważ zaprojektowany system składał się z 53 klasyfikatorów ułożonych w trzy warstwy. Zespół był uczony warstwowo, tzn., że na początku zastosowano trening nadzorowany dla 48 klasyfikatorów z warstwy wejściowej. Następnie na podstawie uzyskanych odpowiedzi z 48 modeli klasyfikatorów stworzonych w pierwszej warstwie przeprowadzono trening 4 klasyfikatorów z drugiej warstwy. Na koniec na podstawie odpowiedzi z 4 modeli klasyfikatorów z drugiej warstwy przeprowadzono trening 1 klasyfikatora z trzeciej warstwy.

**Pierwsza warstwa** systemu składała się z zespołu 48 *ekspertów*, po 12 klasyfikatorów SVM (typu nu-SVC z radialną funkcją jądra), kNN, PNN i RBFNN (dla 3 rodzajów normalizacji i 4 szerokości okna Hamminga) zoptymalizowanych w celu minimalizowania błędów w rozpoznawaniu klas sygnału EKG. Do niniejszego eksperymentu zostały wykorzystane modele klasyfikatorów zoptymalizowane i wytrenowane w ramach eksperymentu nr 3 (4.3). Modele zostały stworzone na podstawie 10-krotnej walidacji krzyżowej oraz za pomocą genetycznej selekcji cech połączonej z genetyczną optymalizacją parametrów. Każdy klasyfikator (*ekspert*), z pierwszej warstwy, posiadał 17 wyjść na których pojawiała się tylko jedna wartość „1” (zgodnie z zasadą WTA) oznaczająca rozpoznaną przez klasyfikator (*eksperta*) klasę, a na pozostałych 16 wyjściach pojawiały się wartości „0” oznaczające, że w podanym na wejścia



fragmencie sygnału EKG nie rozpoznano pozostałych 16 klas. Na wejścia każdego z 48 klasyfikatorów z pierwszej warstwy wchodziły wyselekcjonowane fragmenty sygnałów EKG zawierające najbardziej charakterystyczne cechy dla analizowanych klas (zaburzeń serca) - wyselekcjonowane przez algorytm genetyczny. Również dla każdego z 48 klasyfikatorów warstwy wejściowej dobrano optymalny, inny, zestaw parametrów, dla klasyfikatorów *SVM*:  $\gamma$ ,  $\nu$ , dla *kNN*: *exponent*, dla *PNN*: *spread* i dla *RBFNN*: *spread*.

**Druga warstwa** systemu składa się z czterech *sędziów* - klasyfikatorów *SVM* (typu C-SVC z liniową funkcją jądra). Te cztery klasyfikatory miały za zadanie oceniać *głosy ekspertów* z pierwszej warstwy i wybrać tylko te najbardziej wiarygodne. Każdy z *sędziów* był przyporządkowany do grupy 12 klasyfikatorów danego typu, co oznaczało, że pierwszy *sędzia* oceniał *głosy* od 12 klasyfikatorów *SVM*, drugi od 12 klasyfikatorów *kNN*, trzeci od 12 klasyfikatorów *PNN*, a czwarty od 12 klasyfikatorów *RBFNN*. Ponieważ wszyscy *eksperti* bezbłędnie rozpoznawali fragmenty sygnałów EKG ze zbiorów uczących, w wyniku klasycznego treningu, nie zwiększała się skuteczność działania całego systemu. Z tego względu zastosowano trening genetyczny polegający na selekcji cech, która w tym przypadku obejmowała selekcję *głosów ekspertów* z pierwszej warstwy. Każdy z 48 klasyfikatorów warstwy wejściowej posiadał 17 wyjść więc sumaryczny wektor cech wejściowych do drugiej warstwy liczył 816 *głosów*. Z czego na wejścia każdego z 4 *sędziów* - klasyfikatorów drugiej warstwy wchodziło 204 cechy. Zadaniem algorytmu genetycznego było odrzucenie błędnych *głosów* (odpowiedzi) klasyfikatorów z pierwszej warstwy na podstawie błędów w zbiorach testowych i pozostawienie jedynie wiarygodnych *głosów* (odpowiedzi), jednak przy założeniu, że błąd w zbiorach uczących pozostanie zerowy. Algorytm genetyczny był sprzężony z 10-krotną walidacją krzyżową co oznaczało, że każdy osobnik w populacji (wektor cech) był testowany na wszystkich 10 zbiorach uczących i testowych. Dzięki takiemu podejściu zminimalizowano efekt przeuczenia.

**Trzecia warstwa** systemu składa się z jednego *sędziego* - klasyfikatora *SVM* (typu C-SVC z liniową funkcją jądra). Ten jeden klasyfikator miał za zadanie oceniać odpowiedzi *sędziów* z drugiej warstwy i wybrać tylko te najbardziej wiarygodne. Ponieważ wszyscy *sędziowie* bezbłędnie rozpoznawali fragmenty sygnałów EKG ze zbiorów uczących, w wyniku klasycznego treningu, nie zwiększała się skuteczność działania całego systemu. Z tego względu zastosowano trening genetyczny polegający na selekcji cech, która w tym przypadku obejmowała selekcję *głosów sędziów* z drugiej warstwy. Każdy z 4 klasyfikatorów warstwy drugiej posiadał 17 wyjść więc wektor cech wejściowych do trzeciej warstwy liczył 68 *głosów*. Zadaniem algorytmu genetycznego było odrzucenie błędnych *głosów* (odpowiedzi) klasyfikatorów z drugiej warstwy na podstawie błędów w zbiorach testowych i pozostawienie jedynie wiarygodnych *głosów* (odpowiedzi), jednak przy założeniu, że błąd w zbiorach uczących pozostanie zerowy. Algorytm genetyczny był sprzężony z 10-krotną walidacją krzyżową co oznaczało, że każdy osobnik w populacji (wektor cech) był testowany na wszystkich 10 zbiorach uczących i testowych. Dzięki takiemu podejściu zminimalizowano efekt przeuczenia.

Należy nadmienić, że w ramach eksperymentu nr 12 przebadano również analogiczny system dwuwarstwowy (48 klasyfikatorów + 1 klasyfikator). Taki system charakteryzował się jednak dużo mniej

skutecznym treningiem co zaowocowało gorszą czułością rozpoznawania klas sygnału EKG. Z tego względu ten system nie został szerzej omówiony w rozprawie. Na tej podstawie możemy wnioskować, że kolejna warstwa w zdecydowany sposób zwiększyła skuteczność treningu zespołu.

W niniejszym eksperymencie wykorzystano cztery typ klasyfikatorów: *SVM*, *kNN*, *PNN* i *RBFFNN*, trzy rodzaje przetwarzania wstępnego sygnału: *brak*, *przeskalowanie* i *standaryzację*, cztery rodzaje ekstrakcji cech bazujące na oknie Hamminga o szerokości 128, 256, 512 i 1024 próbek oraz jeden wariant walidacji krzyżowej: *sprawdzian 10-krotny*. W niniejszym eksperymencie wykorzystano modele klasyfikatorów zoptymalizowane i wytrenowane w eksperymencie nr 3 (4.3).

Schemat treningu genetycznego polegający na selekcji cech (głosów ekspertów) na podstawie wzorcowych odpowiedzi dla zbiorów uczących i testowych został przedstawiony na rysunku nr 4.4 w sekcji dotyczącej eksperymentu nr 4 (4.4).

Szczegółowe informacje na temat kolejnych kroków przeprowadzonego eksperymentu nr 6 zostały przedstawione w tabelach nr 4.13, 4.14 i 4.15. Informacje w nich zawarte obejmują m.in. podstawowe i zoptymalizowane parametry zaprojektowanych klasyfikatorów wraz z parametrami algorytmu genetycznego wykorzystanego do selekcji cech i optymalizacji parametrów dla klasyfikatorów z warstwy pierwszej, drugiej i trzeciej.

#### **SCHEMAT DOŚWIADCZENIA**

W tej sekcji na rysunkach nr 4.9 i 4.10 został przedstawiony schemat eksperymentu nr 6. Schemat przedstawia przepływ danych pomiędzy kolejnymi krokami eksperymentu.

Tablica 4.13: Szczegółowe informacje na temat kolejnych etapów: *Eksperymentu nr 6* (4.6).

| Nazwa                                                                                                                                                                                                                                                                                                             | Teoria           | Opis                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>Surowe dane</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| BAZA DANYCH:<br>MIT-BIH ARRHYTHMIA                                                                                                                                                                                                                                                                                | Sekcja:<br>3.1.3 | <ul style="list-style-type: none"> <li>744, 10-sekundowe (3600 próbek), fragmenty sygnału EKG od 29 pacjentów;</li> <li>17 klas: prawidłowy rytm zatokowy + 16 dysfunkcji serca;</li> </ul>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| <b>Przetwarzanie wstępne sygnału</b>                                                                                                                                                                                                                                                                              |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| NORMALIZACJA                                                                                                                                                                                                                                                                                                      | Sekcja:<br>3.2.1 | <ul style="list-style-type: none"> <li>Brak;</li> <li>Przeskalowanie amplitudy sygnału do przedziału: <math>[-1, 1]</math>;</li> <li>Standaryzacja: wartość średnia = 0 i odchylenie standardowe = 1;</li> </ul>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| <b>Ekstrakcja cech</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                            |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| WIDMOWA<br>GĘSTOŚĆ MOCY                                                                                                                                                                                                                                                                                           | Sekcja:<br>3.2.2 | <ul style="list-style-type: none"> <li>Estymacja widmowej gęstości mocy sygnału EKG przy wykorzystaniu: metody Welch'a oraz dyskretnej transformacji Fouriera;</li> <li>4 rodzaje szerokości okna Hamming: 128, 256, 512 i 1024 próbek;</li> <li>Normalizacja przetworzonego sygnału: logarytmowanie;</li> <li>Długość wektora cech (liczba wejść): 4001 składowych częstotliwościowych;</li> </ul>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
| <b>KLASYFIKOWANIE</b><br>Trój-warstwowy zespół klasyfikatorów                                                                                                                                                                                                                                                     |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| <b>PIERWSZA WARSTWA</b><br>48 klasyfikatorów: po 12 SVM, kNN, PNN i RBFNN                                                                                                                                                                                                                                         |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| <b>Selekcja cech</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                              |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |
| ALGORYTM<br>GENETYCZNY                                                                                                                                                                                                                                                                                            | Sekcja:<br>3.2.3 | <ul style="list-style-type: none"> <li>Algorytm genetyczny został wykorzystany do selekcji cech sprzężonej z optymalizacją parametrów klasyfikatorów;</li> <li>Liczba osobników w populacji: 50;</li> <li>Typ reprezentacji genów: liczby zmiennoprzecinkowe;</li> <li>Budowa chromosomu: wektory zmiennoprzecinkowe typu: <math>[g_1, g_2, c_1, \dots, c_{4001}]</math>, dla SVM, gdzie: <math>g_1</math> – pierwszy gen determinujący wartość pierwszego parametru: <math>\gamma</math>, <math>g_2</math> – drugi gen determinujący wartość drugiego parametru: <math>\nu</math>, a <math>c_1, \dots, c_{4001}</math> – 4001 genów, o wartościach z przedziału: <math>[0, 1]</math> zaokrąglanych do wartości 1 – pozostawienie cechy lub 0 – odrzucenie cechy; w przypadku pozostałych klasyfikatorów (kNN, PNN, RBFNN) chromosom składa się z jednego genu <math>g</math>, determinującego wartość jednego optymalizowanego parametru;</li> <li>Początkowa populacja: losowa, jednolita;</li> <li>Zakres wartości genów: lokalny zakres wartości genów, dla poszczególnych parametrów klasyfikatorów, zgodny z informacjami podanymi w tabeli nr 4.14, w wierszu: <i>Optymalizowane parametry</i>, dobrany doświadczalnie na podstawie globalnego (szerszego) zakresu; dla selekcji cech zakres: <math>[0, 1]</math>;</li> <li>Docelowa wartość funkcji przystosowania: 0;</li> <li>Maksymalna liczba pokoleń: <math>20 \vee 30</math>;</li> <li>Rodzaj krzyżowania: pośrednie; Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.7;</li> <li>Rodzaj mutacji: jednolita; Prawdopodobieństwo mutacji: 0.3;</li> <li>Liczba najlepiej przystosowanych osobników które przejdą niezmienione do następnego pokolenia: 3;</li> <li>Metoda skalowania wartości funkcji przystosowania: rankingowa;</li> <li>Metoda selekcji rodziców: turniejowa;</li> <li>Funkcja przystosowania osobników obliczana na podstawie wzoru: <math display="block">ERR = w_u \cdot err_{Usum} + w_t \cdot err_{Tsum} + w_c \cdot \frac{C_z}{C} \quad (4.8)</math> </li> </ul> |
| gdzie:<br>$w_u$ = 1 – waga dla błędów ze zbiorów uczących;<br>$w_t$ = 1 – waga dla błędów ze zbiorów testowych;<br>$w_c$ = 1 – waga dla współczynnika pozostawionych cech;<br>$err_{Usum}$ – sumaryczna liczba błędów w 10 zbiorach uczących;<br>$err_{Tsum}$ – sumaryczna liczba błędów w 10 zbiorach testowych; |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          |

Tablica 4.14: Kontynuacja szczegółowych informacji na temat *Eksperymentu nr 6* (4.6).

| Nazwa                                                                                                                                                                                           | Teoria           | Opis                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>Selekcja cech – kontynuacja</b>                                                                                                                                                              |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
| ALGORYTM<br>GENETYCZNY                                                                                                                                                                          | Sekcja:<br>3.2.3 | <ul style="list-style-type: none"> <li>Kontynuacja opisu wzoru 4.8 z tabeli nr 4.13:<br/>gdzie:<br/><math>\frac{C_z}{C}</math> – współczynnik pozostawionych cech: stosunek liczby pozostawionych cech <math>C_z</math> do wszystkich cech <math>C</math>;</li> <li>W wyniku selekcji cech została zredukowana, średnio dwukrotnie, długość wektora cech (liczba wejść) do wartości około 2000 cech (próbek sygnału EKG), szczegółowe informacje na ten temat można znaleźć w tabeli nr 5.4;</li> </ul>                     |
| <b>Walidacja krzyżowa</b>                                                                                                                                                                       |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
| 10-KROTNY<br>SPRAWDZIAN<br>KRZYŻOWY                                                                                                                                                             | Sekcja:<br>3.2.4 | <ul style="list-style-type: none"> <li>10 modeli klasyfikatorów;</li> <li>Proporcjonalna liczba fragmentów sygnału EKG dla każdej klasy: około 90% sygnałów w zbiorach uczących i 10% w zbiorach testowych;</li> <li>10 zbiorów uczących (grupy 1-9: 675 elementów, grupa 4: 621 elementów);</li> <li>10 zbiorów testowych (grupy 1-9: 69 elementów, grupa 4: 123 elementy);</li> </ul>                                                                                                                                     |
| <b>Klasyfikatory</b>                                                                                                                                                                            |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
| 48 trenowanych, testowanych i optymalizowanych klasyfikatorów:<br>4 typy klasyfikatorów · 4 szerokości okna Hamminga · 3 rodzaje przetwarzania wstępnego sygnału · 1 rodzaj walidacji krzyżowej |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
| <b>Podstawowe parametry</b>                                                                                                                                                                     |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
| Wartości zmiennych parametrów zostały dobrane eksperymentalnie w eksperymencie nr 1, sekcja: 4.1                                                                                                |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
| SVM                                                                                                                                                                                             | Sekcja:<br>3.2.5 | <ul style="list-style-type: none"> <li>Typ: nu-SVC;</li> <li>Typ funkcji jądra: RBF (radialna, typu Gaussa);</li> <li>Liczba wyjść = 17, ze zbioru <math>\{0, 1\}</math>;</li> </ul>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
| KNN                                                                                                                                                                                             | Sekcja:<br>3.2.5 | <ul style="list-style-type: none"> <li>Liczba najbliższych sąsiadów = 1;</li> <li>Metryka obliczania dystansu: <i>Minkowski</i>;</li> <li>Liczba wyjść = 17, ze zbioru <math>\{0, 1\}</math>;</li> </ul>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    |
| PNN                                                                                                                                                                                             | Sekcja:<br>3.2.5 | <ul style="list-style-type: none"> <li>Funkcja aktywacji: radialna (typu Gaussa) - współzawodnictwa;</li> <li>Algorytm treningu: odwzorowanie zbioru uczącego na podstawie dystansu;</li> <li>Metoda obliczania funkcji celu: sse;</li> <li>Topologia (neurony): długość wektora cech – 675 ∨ 621 – 17; Progi: 1 – 0;</li> <li>Liczba wyjść = 17, ze zbioru <math>\{0, 1\}</math>;</li> </ul>                                                                                                                               |
| RBFNN                                                                                                                                                                                           | Sekcja:<br>3.2.5 | <ul style="list-style-type: none"> <li>Funkcja aktywacji: radialna (typu Gaussa) - liniowa;</li> <li>Algorytm treningu: odwzorowanie zbioru uczącego na podstawie dystansu;</li> <li>Metoda obliczania funkcji celu: sse;</li> <li>Topologia (neurony): długość wektora cech – 675 ∨ 621 – 17; Progi: 1 – 1;</li> <li>Liczba wyjść = 17, ze zbioru <math>\{0, 1\}</math>, wartość 1 przypisana do wyjścia (klasy) z największym pobudzeniem;</li> </ul>                                                                     |
| <b>Optymalizowane parametry</b>                                                                                                                                                                 |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
| Ostateczne zakresy parametrów zostały dobrane eksperymentalnie na podstawie szerszych zakresów                                                                                                  |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
| SVM                                                                                                                                                                                             | Sekcja:<br>3.2.5 | <ul style="list-style-type: none"> <li>Parametr <math>\gamma</math> (<math>-g</math>) determinujący rozpiętość funkcji radialnej (RBF) jądra, z zakresu: <math>[2 \cdot 10^{-6}; 2 \cdot 10^{-4}]</math>, z rozdzielczością: <math>10^{-14}</math>, <math>50 \cdot 30 = 1500</math> wartości;</li> <li>Parametr <math>nu</math> (<math>-n</math>) determinujący szerokość marginesów, z zakresu: <math>[0.001; 0.05]</math>, z rozdzielczością: <math>10^{-14}</math>, <math>50 \cdot 30 = 1500</math> wartości;</li> </ul> |
| KNN                                                                                                                                                                                             | Sekcja:<br>3.2.5 | <ul style="list-style-type: none"> <li>Parametr <i>exponent</i> wpływający na obliczaną odległość Minkowskiego, z zakresu: <math>[0.01; 100]</math>, z rozdzielczością: <math>10^{-14}</math>, <math>50 \cdot 20 = 1000</math> wartości;</li> </ul>                                                                                                                                                                                                                                                                         |
| PNN                                                                                                                                                                                             | Sekcja:<br>3.2.5 | <ul style="list-style-type: none"> <li>Parametr <i>spread</i> determinujący rozpiętość funkcji radialnej (RBF) jądra sieci, z zakresu: <math>[1; 100]</math>, z rozdzielczością: <math>10^{-14}</math>, <math>50 \cdot 20 = 1000</math> warto.;</li> </ul>                                                                                                                                                                                                                                                                  |
| RBFNN                                                                                                                                                                                           | Sekcja:<br>3.2.5 | <ul style="list-style-type: none"> <li>Parametr <i>spread</i> determinujący rozpiętość funkcji radialnej (RBF) jądra sieci, z zakresu: <math>[1; 300]</math>, z rozdzielczością: <math>10^{-14}</math>, <math>50 \cdot 20 = 1000</math> warto.;</li> </ul>                                                                                                                                                                                                                                                                  |

Tablica 4.15: Kontynuacja szczegółowych informacji na temat *Eksperymentu nr 6* (4.6).

| Nazwa                                                                                                                    | Teoria           | Opis                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>Optimalizacja parametrów klasyfikatorów</b>                                                                           |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| ALGORYTM<br>GENETYCZNY                                                                                                   | Sekcja:<br>3.2.6 | <ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Algorytm genetyczny</i> zastosowany do optymalizacji parametrów klasyfikatorów został sprzężony z <i>selekcją cech</i>. Dokładny opis jego parametrów znajduje się w tabeli nr 4.13 w sekcji: <i>Selekcja cech</i>;</li> </ul>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |
| <b>DRUGA WARSTWA</b>                                                                                                     |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| 4 klasyfikatory ( <i>sędziowie</i> ) oceniający odpowiedzi klasyfikatorów ( <i>głosy ekspertów</i> ) z pierwszej warstwy |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| <b>Selekcja cech</b>                                                                                                     |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| ALGORYTM<br>GENETYCZNY                                                                                                   | Sekcja:<br>3.2.3 | <ul style="list-style-type: none"> <li>• Liczba osobników w populacji: 200;</li> <li>• Typ reprezentacji genów: ciąg bitów;</li> <li>• Budowa chromosomu: wektor bitów postaci: <math>[c_1, \dots, c_{204}]</math>, składający się z 204 genów, o wartościach ze zbioru: <math>\{0, 1\}</math>, gdzie: 1 – oznacza pozostawienie cechy lub 0 – odrzucenie cechy;</li> <li>• Początkowa populacja: losowa, jednolita;</li> <li>• Zakres wartości genów: ze zbioru: <math>\{0, 1\}</math> (dla selekcji cech);</li> <li>• Docelowa wartość funkcji przystosowania: 0;</li> <li>• Maksymalna liczba pokoleń: 100;</li> <li>• Rodzaj krzyżowania: rozsiane; Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.9;</li> <li>• Rodzaj mutacji: jednolita; Prawdopodobieństwo mutacji: 0.1;</li> <li>• Liczba najlepiej przystosowanych osobników które przejdą niezmienione do następnego pokolenia: 10;</li> <li>• Metoda skalowania wartości funkcji przystosowania: rankingowa;</li> <li>• Metoda selekcji rodziców: turniejowa;</li> <li>• Kierunek migracji: obustronny;</li> <li>• Wartość współczynnika migracji: 0.2;</li> <li>• Zakres migracji: 20;</li> <li>• Funkcja przystosowania osobników obliczana na podstawie wzoru: <math display="block">ERR = w_u \cdot err_{Usum} + w_t \cdot err_{Tsum} + w_c \cdot \frac{C_z}{C} \quad (4.9)</math> </li> </ul> <p>gdzie:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li><math>w_u</math> = 1 – waga dla błędów ze zbiorów uczących;</li> <li><math>w_t</math> = 1 – waga dla błędów ze zbiorów testowych;</li> <li><math>w_c</math> = 1 – waga dla współczynnika pozostawionych cech;</li> <li><math>err_{Usum}</math> – sumaryczna liczba błędów w 10 zbiorach uczących;</li> <li><math>err_{Tsum}</math> – sumaryczna liczba błędów w 10 zbiorach testowych;</li> <li><math>\frac{C_z}{C}</math> – współczynnik pozostawionych cech: stosunek liczby pozostawionych cech <math>C_z</math> do wszystkich cech <math>C</math>;</li> </ul> <ul style="list-style-type: none"> <li>• W wyniku selekcji cech została zredukowana, średnio ponad 2-krotnie, długość wektora cech (liczba wejść) do wartości około 100 z 204 cech, szczegółowe informacje na ten temat można znaleźć w tabeli nr 5.7;</li> </ul> |
| <b>Walidacja krzyżowa</b>                                                                                                |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| 10-KROTNY<br>SPRAWDZIAN<br>KRZYŻOWY                                                                                      | Sekcja:<br>3.2.4 | <ul style="list-style-type: none"> <li>• 10 modeli klasyfikatorów;</li> <li>• Proporcjonalna liczba fragmentów sygnału EKG dla każdej klasy: około 90% sygnałów w zbiorach uczących i 10% w zbiorach testowych;</li> <li>• 10 zbiorów uczących (grupy 1-9: 675 elementów, grupa 4: 621 elementów);</li> <li>• 10 zbiorów testowych (grupy 1-9: 69 elementów, grupa 4: 123 elementy);</li> </ul>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |

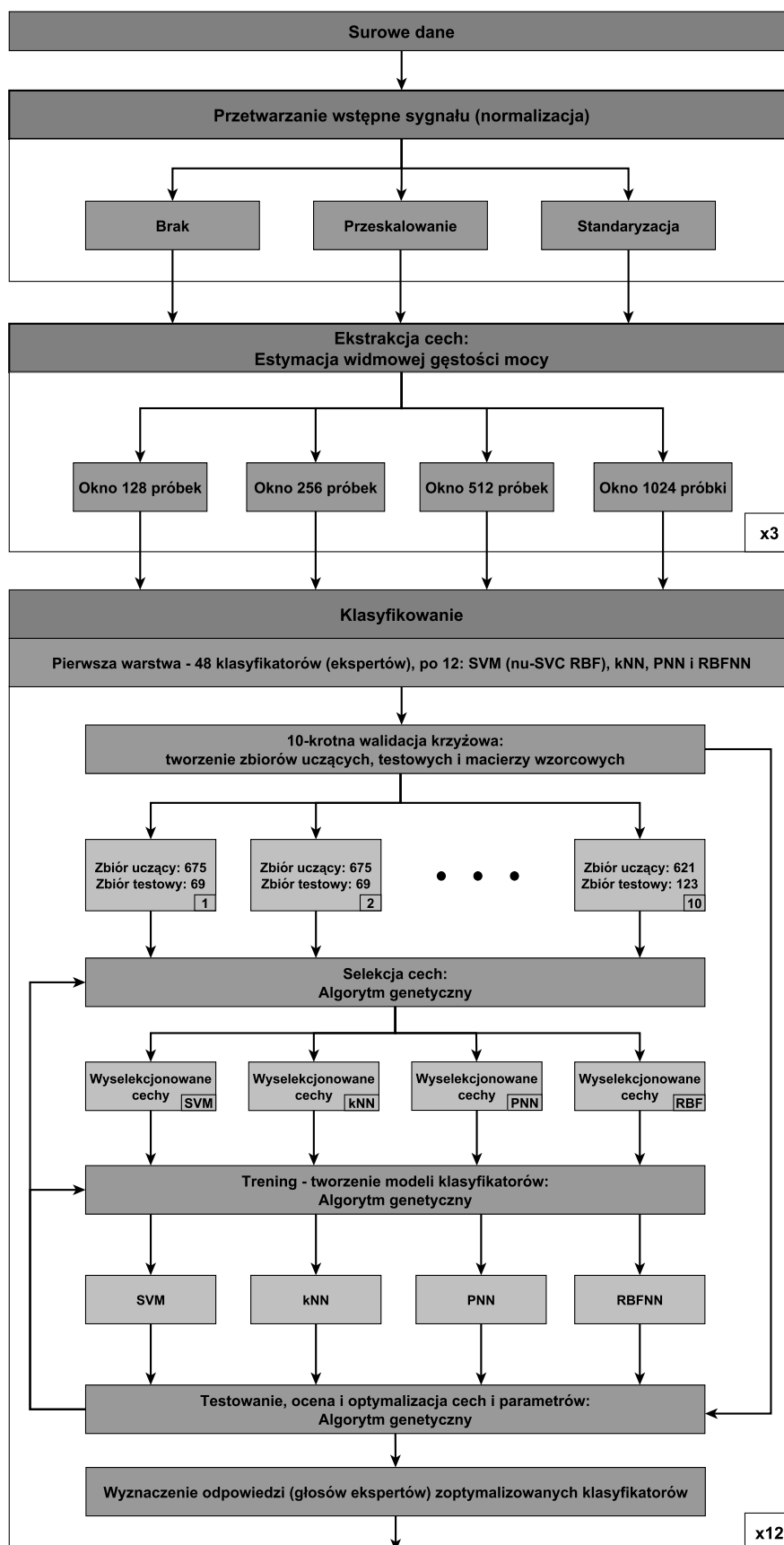
Tablica 4.16: Kontynuacja szczegółowych informacji na temat *Eksperymentu nr 6* (4.6).

| Nazwa                                                                                                              | Teoria           | Opis                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>Klasyfikatory</b>                                                                                               |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| 4 trenowane, testowane i optymalizowane klasyfikatory:<br>1 typ klasyfikatora · 1 rodzaj walidacji krzyżowej       |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| <b>Podstawowe parametry</b>                                                                                        |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| Wartości zmiennych parametrów zostały dobrane eksperymentalnie                                                     |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| SVM                                                                                                                | Sekcja:<br>3.2.5 | <ul style="list-style-type: none"> <li>• Typ: C-SVC;</li> <li>• Typ funkcji jądra: liniowa;</li> <li>• Liczba wyjść = 17, ze zbioru <math>\{0, 1\}</math>;</li> </ul>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
| <b>Optymalizowane parametry</b>                                                                                    |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| Brak                                                                                                               |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| <b>Optymalizacja parametrów klasyfikatorów</b>                                                                     |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| Brak                                                                                                               |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| <b>TRZECIA WARSTWA</b>                                                                                             |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| 1 klasyfikator ( <i>sędzia</i> ) oceniający odpowiedzi klasyfikatorów ( <i>głosy ekspertów</i> ) z drugiej warstwy |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| <b>Selekcja cech</b>                                                                                               |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
| ALGORYTM<br>GENETYCZNY                                                                                             | Sekcja:<br>3.2.3 | <ul style="list-style-type: none"> <li>• Liczba osobników w populacji: 100;</li> <li>• Typ reprezentacji genów: ciąg bitów;</li> <li>• Budowa chromosomu: wektor bitów postaci: <math>[c_1, \dots, c_{68}]</math>, składający się z 68 genów, o wartościach ze zbioru: <math>\{0, 1\}</math>, gdzie: 1 – oznacza pozostawienie cechy lub 0 – odrzucenie cechy;</li> <li>• Początkowa populacja: losowa, jednolita;</li> <li>• Zakres wartości genów: ze zbioru: <math>\{0, 1\}</math> (dla selekcji cech);</li> <li>• Docelowa wartość funkcji przystosowania: 0;</li> <li>• Maksymalna liczba pokoleń: 100;</li> <li>• Rodzaj krzyżowania: rozsiane; Prawdopodobieństwo krzyżowania: 0.9;</li> <li>• Rodzaj mutacji: jednolita; Prawdopodobieństwo mutacji: 0.1;</li> <li>• Liczba najlepiej przystosowanych osobników które przejdą niezmienione do następnego pokolenia: 10;</li> <li>• Metoda skalowania wartości funkcji przystosowania: rankingowa;</li> <li>• Metoda selekcji rodziców: turniejowa;</li> <li>• Kierunek migracji: obustronny;</li> <li>• Wartość współczynnika migracji: 0.2;</li> <li>• Zakres migracji: 20;</li> <li>• Funkcja przystosowania osobników obliczana na podstawie wzoru: <math display="block">ERR = w_u \cdot err_{Usum} + w_t \cdot err_{Tsum} + w_c \cdot \frac{C_z}{C} \quad (4.10)</math> </li> </ul> <p>gdzie:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li><math>w_u</math> = 1 – waga dla błędów ze zbiorów uczących;</li> <li><math>w_t</math> = 1 – waga dla błędów ze zbiorów testowych;</li> <li><math>w_c</math> = 1 – waga dla współczynnika pozostawionych cech;</li> <li><math>err_{Usum}</math> – sumaryczna liczba błędów w 10 zbiorach uczących;</li> <li><math>err_{Tsum}</math> – sumaryczna liczba błędów w 10 zbiorach testowych;</li> <li><math>\frac{C_z}{C}</math> – współczynnik pozostawionych cech: stosunek liczby pozostawionych cech <math>C_z</math> do wszystkich cech <math>C</math>;</li> </ul> <ul style="list-style-type: none"> <li>• W wyniku selekcji cech została zredukowana, prawie 3-krotnie, długość wektora cech (liczba wejść) do wartości 25 z 68 cech, szczegółowe informacje na ten temat można znaleźć w tabeli nr 5.7;</li> </ul> |

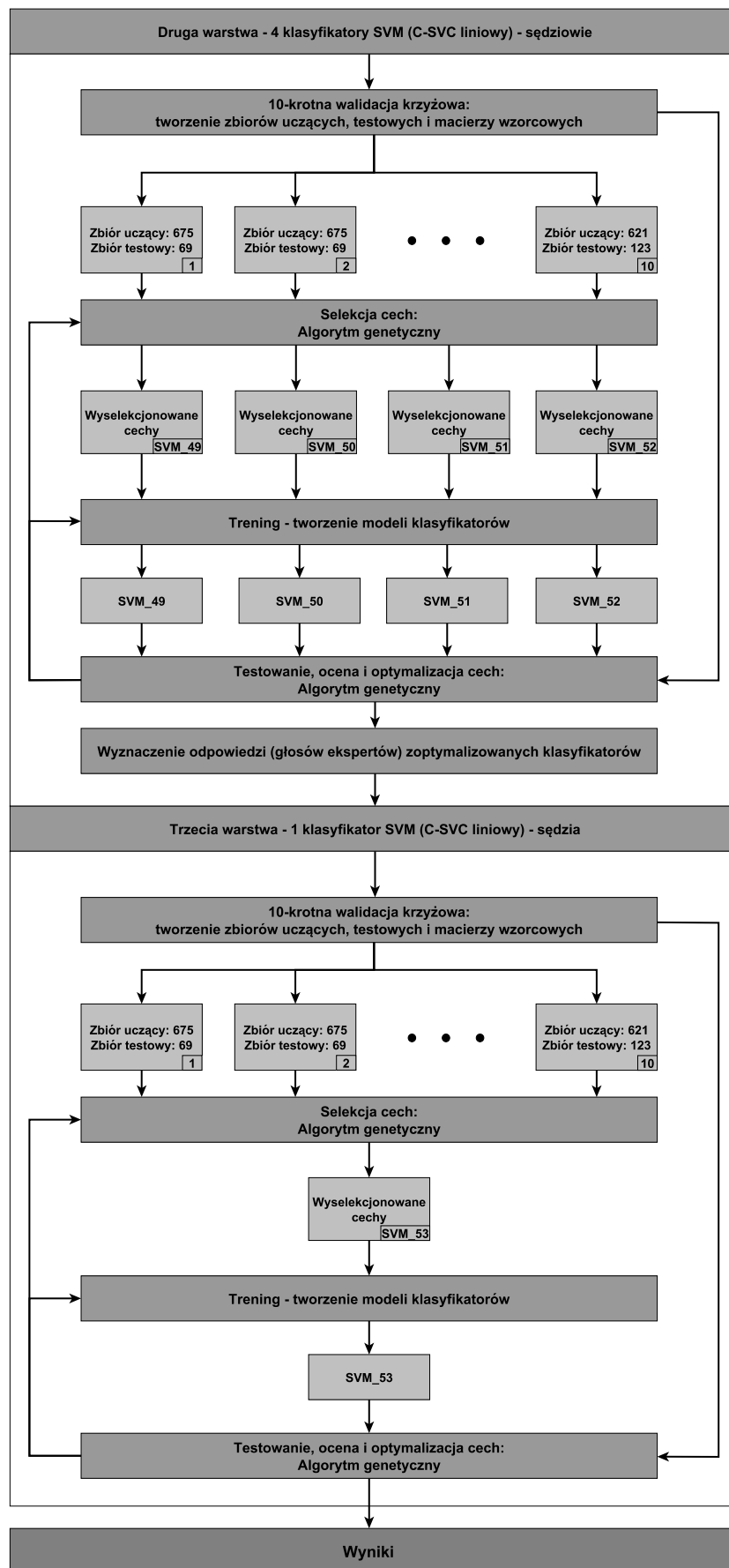
Tablica 4.17: Kontynuacja szczegółowych informacji na temat *Eksperymentu nr 6* (4.6).

| Nazwa                                                                                                       | Teoria           | Opis                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>Walidacja krzyżowa</b>                                                                                   |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| 10-KROTNY<br>SPRAWDZIAN<br>KRZYŻOWY                                                                         | Sekcja:<br>3.2.4 | <ul style="list-style-type: none"> <li>• 10 modeli klasyfikatorów;</li> <li>• Proporcjonalna liczba fragmentów sygnału EKG dla każdej klasy: około 90% sygnałów w zbiorach uczących i 10% w zbiorach testowych;</li> <li>• 10 zbiorów uczących (grupy 1-9: 675 elementów, grupa 4: 621 elementów);</li> <li>• 10 zbiorów testowych (grupy 1-9: 69 elementów, grupa 4: 123 elementy);</li> </ul>                                                                              |
| <b>Klasyfikatory</b>                                                                                        |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| 1 trenowany, testowany i optymalizowany klasyfikator:<br>1 typ klasyfikatora · 1 rodzaj walidacji krzyżowej |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| <b>Podstawowe parametry</b>                                                                                 |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| Wartości zmiennych parametrów zostały dobrane eksperymentalnie                                              |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| SVM                                                                                                         | Sekcja:<br>3.2.5 | <ul style="list-style-type: none"> <li>• Typ: C-SVC;</li> <li>• Typ funkcji jądra: liniowa;</li> <li>• Liczba wyjść = 1, ze zbioru <math>\{1, \dots, 17\}</math>;</li> </ul>                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |
| <b>Optymalizowane parametry</b>                                                                             |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| Brak                                                                                                        |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| <b>Optymalizacja parametrów klasyfikatorów</b>                                                              |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| Brak                                                                                                        |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| <b>Ocena uzyskanych wyników</b>                                                                             |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
| KRYTERIA                                                                                                    | Sekcja:<br>3.2.7 | <ul style="list-style-type: none"> <li>• Macierz pomyłek (<math>CF</math>);</li> <li>• Skuteczność (<math>ACC</math>); Czułość (<math>SEN</math>); Specyficzność (<math>SPE</math>);</li> <li>• Suma błędów (<math>ERR_{sum}</math>);</li> <li>• Współczynnik <math>\kappa</math>; Współczynnik pozostawionych cech <math>W_C</math>;</li> <li>• Czas treningu (<math>C_t</math>); Czas klasyfikowania (<math>C_k</math>); Czas optymalizacji (<math>C_o</math>);</li> </ul> |





Rysunek 4.9: Schemat Eksperymentu nr 6 – Głęboki genetyczny zespół klasyfikatorów.

Rysunek 4.10: Kontynuacja schematu *Eksperymentu nr 6*.

### PROCEDURY ALGORYTMU

W tej sekcji zostały przedstawione również 4 procedury wykorzystane w rozpoznawaniu sygnałów EKG w eksperymencie nr 6 dla głębokiego genetycznego zespołu klasyfikatorów.

#### Pierwsza warstwa

Procedura obejmująca algorytm optymalizacji parametrów 48 klasyfikatorów (po 12 SVM, kNN, PNN i RBFNN) sprzężony z selekcją cech wykonany za pomocą *algorytmu genetycznego* z pierwszej warstwy głębokiego genetycznego zespołu klasyfikatorów dla eksperymentu nr 6 jest analogiczna do procedury nr 4.5 przedstawionej w sekcji 4.3 dotyczącej eksperymentu nr 3. Jedyna różnica polega na tym, że w procedurze nr 4.5 został przedstawiony algorytm optymalizacji pojedynczego klasyfikatora *SVM*, natomiast w pierwszej warstwie głębokiego genetycznego zespołu klasyfikatorów należy zoptymalizować 48 klasyfikatorów 4 typów (SVM, kNN, PNN i RBFNN) w taki sam sposób jak w procedurze nr 4.5. Podobnie, procedura obejmująca wyznaczenie *funkcji przystosowania* osobników obliczanej w ramach *algorytmu genetycznego*, przedstawionego w procedurze nr 4.5, dla 1 warstwy zespołu klasyfikatorów, została przedstawiona w sekcji 4.3 dotyczącej eksperymentu nr 3.

#### Druga warstwa

Procedura nr 4.18 obejmuje algorytm selekcji cech wykonany za pomocą *algorytmu genetycznego* dla 4 klasyfikatorów SVM z drugiej warstwy głębokiego genetycznego zespołu klasyfikatorów dla eksperymentu nr 6. Z kolei procedura nr 4.19 obejmuje wyznaczenie *funkcji przystosowania* osobników, obliczanej w ramach *algorytmu genetycznego*, przedstawionego w procedurze nr 4.18, dla 2 warstwy zespołu klasyfikatorów. Procedura nr 4.19 została przedstawiona dla 10-krotnej walidacji krzyżowej zgodnie z metodologią eksperymentu nr 6.

#### Trzecia warstwa

Procedura obejmująca algorytm selekcji cech wykonany za pomocą *algorytmu genetycznego* dla 1 klasyfikatora SVM z trzeciej warstwy głębokiego genetycznego zespołu klasyfikatorów dla eksperymentu nr 6 jest analogiczna do procedury nr 4.18 z drugiej warstwy eksperymentu nr 6, różni się jedynie liczbą optymalizowanych klasyfikatorów 1 zamiast 4 oraz długością chromosomów, które liczą 68 zamiast 204 cech. Procedura obejmująca wyznaczenie *funkcji przystosowania* osobników, obliczanej w ramach *algorytmu genetycznego*, przedstawionego w procedurze nr 4.18, dla 3 warstwy zespołu klasyfikatorów, jest analogiczna do procedury nr 4.19 z drugiej warstwy eksperymentu nr 6 i różni się jedynie długością chromosomów, które liczą 68 zamiast 204 cech.

#### Odpowiedzi całego zespołu

Procedura nr 4.20 obejmuje obliczanie odpowiedzi głębokiego genetycznego zespołu klasyfikatorów, macierzy pomyłek *CF* oraz współczynników oceny klasyfikatorów zawartych w sekcji: 3.2.7 na podstawie modeli klasyfikatorów stworzonych dla optymalnych wartości parametrów oraz optymalnego wektora cech wejściowych wyznaczonego za pomocą procedur nr: 4.5 (1 warstwa) i 4.18 (2 i 3 warstwa).

### WYNIKI

Uzyskane na podstawie eksperymentu nr 6 wyniki zostały przedstawione w sekcji 5.6.6.

**Algorytm 4.18:** Procedura selekcji cech 4 klasyfikatorów *SVM drugiej warstwy*, wykonana za pomocą ALGORYTMU GENETYCZNEGO dla *Eksperymentu nr 6*.

**Dane:**

$O_{U_{SVM1}}, \dots, O_{U_{SVM12}}$  i  $O_{T_{SVM1}}, \dots, O_{T_{SVM12}}$  – odpowiedzi 12 klasyfikatorów SVM z 1 warstwy, wg. procedury 4.5;  
 $O_{U_{kNN1}}, \dots, O_{U_{kNN12}}$  i  $O_{T_{kNN1}}, \dots, O_{T_{kNN12}}$  – odpowiedzi 12 klasyfikatorów kNN z 1 warstwy, wg. procedury 4.5;  
 $O_{U_{PNN1}}, \dots, O_{U_{PNN12}}$  i  $O_{T_{PNN1}}, \dots, O_{T_{PNN12}}$  – odpowiedzi 12 klasyfikatorów PNN z 1 warstwy, wg. procedury 4.5;  
 $O_{U_{RBF1}}, \dots, O_{U_{RBF12}}$  i  $O_{T_{RBF1}}, \dots, O_{T_{RBF12}}$  – odpowiedzi 12 klasyfikatorów RBF z 1 warstwy, wg. procedury 4.5;  
 $n \leftarrow 10$  – liczba kombinacji zbiorów uczących i testowych dla 10-krotnej walidacji krzyżowej;  
 $t \leftarrow 4$  – liczba optymalizowanych klasyfikatorów;

**Wyniki:**

$B_{2w}$  – macierz z wynikami optymalizacji 4 klasyfikatorów *SVM*;

$O_{U1}, \dots, O_{U4}$  i  $O_{T1}, \dots, O_{T4}$  – macierze z odpowiedziami 4 klasyfikatorów;

```

1 Przetransformować 1-wyjściowe odpowiedzi 48 klasyfikatorów: $O_{U_{SVM1}}, \dots, O_{U_{RBFNN12}}$ i $O_{T_{SVM1}}, \dots, O_{T_{RBFNN12}}$ na
 odpowiedzi 17-wyjściowe: $O_{U_{SVM17}}, \dots, O_{U_{RBFNN17}}$ i $O_{T_{SVM17}}, \dots, O_{T_{RBFNN17}}$;
2 Ułożyć odpowiedzi 48 klasyfikatorów: $O_{U_{SVM17}}, \dots, O_{U_{RBFNN17}}$ i $O_{T_{SVM17}}, \dots, O_{T_{RBFNN17}}$ zgodnie z metodą
 n -krotnej walidacji krzyżowej, w wyniku czego otrzymamy zbiory uczące: $U_{O1SVM}, \dots, U_{O10SVM}, U_{O1kNN}, \dots, U_{O10kNN},$
 $U_{O1PNN}, \dots, U_{O10PNN}, U_{O1RBF}, \dots, U_{O10RBF}$ i testowe: $T_{O1SVM}, \dots, T_{O10SVM}, T_{O1kNN}, \dots, T_{O10kNN},$
 $T_{O1PNN}, \dots, T_{O10PNN}, T_{O1RBF}, \dots, T_{O10RBF}$;
3 Ustawić parametry ALGORYTMU GENETYCZNEGO zgodnie z tabelą nr: 4.15, m.in.:
 • liczba osobników w populacji $\leftarrow o = 100$
 • zakończenie algorytmu $\leftarrow$ wartość funkcji dopasowania: $f_p = 0$ lub pokolenia: $p = 100$
for $s \leftarrow 4$ to t (liczba klasyfikatorów) do
 /* ALGORYTM GENETYCZNY */
4 switch s do
5 case 1 do
6 $U_{O1}, \dots, U_{O10} \leftarrow U_{O1SVM}, \dots, U_{O10SVM}$ i $T_{O1}, \dots, T_{O10} \leftarrow T_{O1SVM}, \dots, T_{O10SVM}$
7 end
8 case 2 do
9 $U_{O1}, \dots, U_{O10} \leftarrow U_{O1kNN}, \dots, U_{O10kNN}$ i $T_{O1}, \dots, T_{O10} \leftarrow T_{O1kNN}, \dots, T_{O10kNN}$
10 end
11 case 3 do
12 $U_{O1}, \dots, U_{O10} \leftarrow U_{O1PNN}, \dots, U_{O10PNN}$ i $T_{O1}, \dots, T_{O10} \leftarrow T_{O1PNN}, \dots, T_{O10PNN}$
13 end
14 case 4 do
15 $U_{O1}, \dots, U_{O10} \leftarrow U_{O1RBF}, \dots, U_{O10RBF}$ i $T_{O1}, \dots, T_{O10} \leftarrow T_{O1RBF}, \dots, T_{O10RBF}$
16 end
17 end
18 Stworzyć początkową populację P , w której chromosomy osobników są wektorem postaci: $c = [c_1, \dots, c_{204}]$, składającym się
 z 204 genów, odpowiedzialnych za selekcję cech, odpowiadających odpowiedziom 12 klasyfikatorom z pierwszej warstwy;
19 for $i \leftarrow 1$ to p (liczba pokoleń) do
20 for $j \leftarrow 1$ to o (liczba osobników) do
21 Wyznaczyć wektor r dla osobnika j z populacji P składający się z: wartości FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA f_p wraz z
 odpowiadającym jej wektorem c_j z wyselekcjonowanymi cechami oraz wyznaczyć macierze z odpowiedziami
 klasyfikatora: O_U i O_T , według procedury: 4.19 i zapisać wyniki w macierzy $R(j)$ oraz w macierzach: O_{Uj} i
 O_{Tj} ;
22 end
23 if $f_p == 0$ w R then
24 Wyprowadzić „najlepszego” osobnika w postaci wektora B , na podstawie macierzy R wraz z odpowiadającymi mu
 odpowiedziami: O_U i O_T dla klasyfikatora s oraz zapisać wartości wektora B do macierzy: $B_{2w}(s)$, a wartości
 macierzy odpowiedzi do macierzy: O_{Us} i O_{Ts} ;
25 break
26 else
27 Wykonać selekcję osobników;
28 Zastosować operatory genetyczne: krzyżowanie i mutację;
29 Utworzyć nową populację P ;
30 end
31 end
32 Wyprowadzić „najlepszego” osobnika w postaci wektora B , na podstawie macierzy R wraz z odpowiadającymi mu
 odpowiedziami: O_U i O_T dla klasyfikatora s oraz zapisać wartości wektora B do macierzy: $B_{2w}(s)$, a wartości macierzy
 odpowiedzi do macierzy: O_{Us} i O_{Ts} ;
33 end

```

---

**Algorytm 4.19:** Procedura wyznaczania FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA  $f_p$  osobników, obliczana w ramach ALGORYTMU GENETYCZNEGO, przedstawionego w pro.: 4.18, dla Eksperymentu nr 6.

---

**Dane:**

$svm_{type} \leftarrow 0$  – zdefiniowanie typu *SVM* na  $C - SVC$ ;  
 $kernel_{type} \leftarrow 0$  – zdefiniowanie typu funkcji jądra na *liniow*;  
 $n \leftarrow 10$  – liczba kombinacji zbiorów uczących i testowych dla 10-krotnej walidacji krzyżowej;  
 $U_{O1}, \dots, U_{O10}$  i  $T_{O1}, \dots, T_{O10}$  – zbiory uczące i testowe utworzone za pomocą  $n$ -krotnej walidacji krzyżowej, na podstawie odpowiedzi 12 klasyfikatorów z pierwszej warstwy, wyznaczone na podstawie procedury 4.18;  
 $W_{U1}, \dots, W_{U10}$  i  $W_{T1}, \dots, W_{T10}$  – macierze wzorcowe utworzone za pomocą  $n$ -krotnej metody walidacji krzyżowej, według procedury: 4.5;  
 $c$  – chromosom danego osobnika w postaci wektora:  $c = [c_1, \dots, c_{204}]$  składającego się z 204 genów z wartościami ze zbioru:  $\{0, 1\}$ , odpowiedzialnych za selekcję cech, odpowiadających odpowiedziom 12 klasyfikatorów z pierwszej warstwy;  
 $w_u \leftarrow 1$  – waga dla błędów ze zbiorów uczących;  
 $w_t \leftarrow 1$  – waga dla błędów ze zbiorów testowych;  
 $w_c \leftarrow 1$  – waga dla współczynnika pozostawionych cech;

**Wyniki:**

$r$  – wektor składający się z: wartości FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA  $f_p$  wraz z odpowiadającym jej wektorem  $x$ , z wyselekcjonowanymi cechami dla danego osobnika;  
 $O_U$  i  $O_T$  – macierze z odpowiedziami klasyfikatora;

- 1 Wykonać selekcję cech na zbiorach uczących:  $U_{O1}, \dots, U_{O10}$  i testowych:  $T_{O1}, \dots, T_{O10}$  na podstawie wektora  $c_{1:204}$  poprzez usunięcie cech (*głosów*) odpowiadających wartościom 0 oraz zapisać ich wartości do macierzy:  $U_{Oc1}, \dots, U_{Oc10}$  i  $T_{Oc1}, \dots, T_{Oc10}$ ;
  - 2 Zapisać wartości parametrów klasyfikatora  $SVM_s$ :  $svm_{type}$  i  $kernel_{type}$  do wektora: *opcje*;
  - 3 **for**  $k \leftarrow 1$  **to**  $n$  (*liczba kombinacji zbiorów*) **do**
    - 4 | Utworzyć *model* klasyfikatora  $SVM_s$  w wyniku treningu na podstawie: *opcje*,  $U_{Ock}$  i  $W_{Uk}$ ;
    - 5 | Wyznaczyć odpowiedzi klasyfikatora  $SVM_s$  na podstawie stworzonego *modelu* dla zbioru uczącego  $U_{Ock}$  i testowego  $T_{Ock}$  oraz zapisać ich wartości do wektorów:  $O_U(k)$  i  $O_T(k)$ ;
    - 6 | Wyznaczyć liczbę błędów w zbiorze uczącym  $U_{Ock}$  i testowym  $T_{Ock}$  na podstawie odpowiedzi klasyfikatora:  $O_U(k)$  i  $O_T(k)$  oraz wzorcowych odpowiedzi:  $W_{Uk}$  i  $W_{Tk}$  oraz zapisać ich wartości do wektorów:  $err_U(k)$  i  $err_T(k)$ ;
  - 7 **end**
  - 8 Obliczyć sumy błędów  $err_{Usum}$  i  $err_{Tsum}$  dla zbiorów uczących  $U_{Oc1}, \dots, U_{Oc10}$  i testowych  $T_{Oc1}, \dots, T_{Oc10}$  na podstawie cząstkowych wartości błędów:  $err_U$  i  $err_T$ ;
  - 9 Wyznaczyć na podstawie  $err_{Usum}$  i  $err_{Tsum}$  wartość FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA  $f_p$ , według wzoru:  $ERR = w_u \cdot err_{Usum} + w_t \cdot err_{Tsum} + w_c \cdot \frac{C_z}{C}$ , gdzie:  $C_z$  jest liczbą pozostawionych cech, a  $C$  jest liczbą wszystkich cech;;
  - 10 Zapisać wartość FUNKCJI PRZYSTOSOWANIA  $f_p$  wraz z odpowiadającym jej wektorem  $c$  z wartościami wyselekcjonowanych cech do wektora  $r$  oraz zapisać macierze z odpowiedziami klasyfikatora:  $O_U$  i  $O_T$ ;
-

**Algorytm 4.20:** Procedura obliczania macierzy pomyłek  $CF$  na podstawie procedur: 4.5 i 4.18, dla trój-warstwowego głębokiego genetycznego zespołu klasyfikatorów z Eksperymentu nr 6.

**Dane:**

$X$  – macierz z surowymi danymi;  
 $W$  – macierz z wzorcowymi odpowiedziami;  
 $param_{1w}$  – macierz ze stałymi parametrami 48 klasyfikatorów 1 warstwy;  
 $svmtype_{2-3w} \leftarrow 0$  – zdefiniowanie typu  $SVM$  na  $C - SVC$  dla klasyfikatorów  $SVM$  z 2 i 3 warstwy zespołu;  
 $kerneltype_{2-3w} \leftarrow 0$  – zdefiniowanie typu funkcji jądra na  $liniow$  dla klasyfikatorów  $SVM$  z 2 i 3 warstwy zespołu;  
 $n \leftarrow 10$  – liczba kombinacji zbiorów uczących i testowych dla 10-krotnej walidacji krzyżowej;  
 $B_{1w}$  – macierz z parametrami i wyselekcjonowanymi cechami wyznaczonymi wg. procedury 4.5 dla 48 klasyfikatorów 1 warstwy;  
 $B_{2w}$  – macierz z parametrami i wyselekcjonowanymi cechami wyznaczonymi wg. procedury 4.18 dla 4 klasyfikatorów 2 warstwy;  
 $B_{3w}$  – macierz z parametrami i wyselekcjonowanymi cechami wyzn. wg. pro. analogicznej do 4.18 dla 1 klasyfikatora 3 warstwy;

**Wyniki:**

$CF$  – macierz pomyłek z odpowiedziami trój-warstwowego głębokiego genetycznego zespołu klasyfikatorów;

```

1 for a ← 1 to b = 3 (liczba rodzajów normalizacji) do /* NORMALIZACJA */
2 Wykonać jeden z 3 rodzajów przetwarzania wstępnego sygnału: $X \rightarrow X_P$;
3 for c ← 1 to d = 4 (liczba długości okna Hamminga) do /* EKSTRAKCCJA CECH */
4 Wykonać ekstrakcję cech dla jednej z szerokości okna Hamminga: $X_P \rightarrow X_E$;
5 Utworzyć na podstawie metody n -krotnej walidacji krzyżowej zbiory uczące i testowe: $X_E \rightarrow U_1, \dots, U_{10} \wedge T_1, \dots, T_{10}$
 oraz macie. wzorcowe: $W \rightarrow W_{U1}, \dots, W_{U10} \wedge W_{T1}, \dots, W_{T10}$;
6 for z ← 1 to m = 4 (liczba klasyfikatorów) do /* PIERWSZA WARSTWA */
7 Wykonać selekcję cech na podstawie wektora $B_{1w}(a, c, z)$ na zbiorach uczących i testowych:
 $(U_1, \dots, U_{10} \vee T_1, \dots, T_{10}) + B_{1w}(a, c, z) \rightarrow U_{c1}, \dots, U_{c10} \vee T_{c1}, \dots, T_{c10}$;
8 Zapisać wartości parametrów klasyfikatora $K_{a,c,z}$: $param_{1w}(a, c, z) + B_{1w}(a, c, z) \rightarrow opcje$;
9 for k ← 1 to n = 10 (liczba kombinacji zbiorów) do
10 Utworzyć model klasyfikatora $K_{a,c,z}$: $opcje + U_{ck} + W_{Uk} \rightarrow model$;
11 Wyznaczyć wektory odpowiedzi klasyfikatora $K_{a,c,z}$ dla zbioru uczącego i testowego:
 $model + (U_{ck} \vee T_{ck}) \rightarrow O_U(k) \vee O_T(k)$;
12 end
13 Zapisać macierze z odpowiedziami klasyfikatora $K_{a,c,z}$: $O_U \vee O_T \rightarrow O_{U_{a,c,z}} \vee O_{T_{a,c,z}}$;
14 end
15 end
16 end /* DRUGA WARSTWA */
17 Przetransformować 1-wyściowe odpowiedzi 48 klasyfikatorów na odpowiedzi 17-wyściowe:
 $O_{USVM1}(a, c, z = 1), \dots, O_{URBF12}(a, c, z = 48) \vee O_{TSVM1}(a, c, z = 1), \dots, O_{TRBF12}(a, c, z = 48) \rightarrow$
 $O_{USVM17}, \dots, O_{URBF127} \vee O_{TSVM17}, \dots, O_{TRBF127}$;
18 Utworzyć zbiory uczące i testowe poprzez ułożenie odpowiedzi 48 klasyfikatorów zgodnie z metodą n -krotnej walidacji:
 $O_{USVM17}, \dots, O_{URBF127} \vee O_{TSVM17}, \dots, O_{TRBF127} \rightarrow O_{O1SVM}, \dots, O_{O10RBF} \vee T_{O1SVM}, \dots, T_{O10RBF}$;
19 for s ← 1 to t (liczba klasyfikatorów) do /* Zbiory uczące i testowe */
20 switch s do
21 case 1 (12SVM) do
22 $U_{O1}, \dots, U_{O10} \leftarrow O_{O1SVM}, \dots, O_{O10SVM}$ i $T_{O1}, \dots, T_{O10} \leftarrow T_{O1SVM}, \dots, T_{O10SVM}$
23 end
24 case 2 (12kNN) do
25 $U_{O1}, \dots, U_{O10} \leftarrow U_{O1kNN}, \dots, U_{O10kNN}$ i $T_{O1}, \dots, T_{O10} \leftarrow T_{O1kNN}, \dots, T_{O10kNN}$
26 end
27 case 3 (12PNN) do
28 $U_{O1}, \dots, U_{O10} \leftarrow U_{O1PNN}, \dots, U_{O10PNN}$ i $T_{O1}, \dots, T_{O10} \leftarrow T_{O1PNN}, \dots, T_{O10PNN}$
29 end
30 case 4 (12RBF) do
31 $U_{O1}, \dots, U_{O10} \leftarrow U_{O1RBF}, \dots, U_{O10RBF}$ i $T_{O1}, \dots, T_{O10} \leftarrow T_{O1RBF}, \dots, T_{O10RBF}$
32 end
33 Wykonać selekcję cech na podstawie macierzy: $B_{2w2:290}(s)$ na zbiorach uczących i testowych:
 $(U_{O1}, \dots, U_{O10} \vee T_{O1}, \dots, T_{O10}) + B_{2w2:290}(s) \rightarrow U_{Oc1}, \dots, U_{Oc10} \vee T_{Oc1}, \dots, T_{Oc10}$;
34 Zapisać wartości parametrów klasyfikatora SVM_s : $svmtype_{2-3w} + kerneltype_{2-3w} \rightarrow opcje$;
35 for k ← 1 to n = 10 (liczba kombinacji zbiorów) do
36 Utworzyć model klasyfikatora SVM_s : $opcje + U_{Ock} + W_{Uk} \rightarrow model_s$;
37 Wyznaczyć wektory odpowiedzi klasyfikatora SVM_s dla zbioru uczącego i testowego:
 $model_s + (U_{Ock} \vee T_{Ock}) \rightarrow O_U(k) + O_T(k)$;
38 end
39 Zapisać macierze z odpowiedziami klasyfikatora SVM_s : $O_U \vee O_T \rightarrow O_{Us} \vee O_{Ts}$;
40 end
41 end /* TRZECIA WARSTWA */
42 Przetransformować 1-wyściowe odpowiedzi 4 klasyfikatorów na odpowiedzi 17-wyściowe:
 $O_{U1}, \dots, O_{U4} \vee O_{T1}, \dots, O_{T4} \rightarrow O_{U17}, \dots, O_{U47} \vee O_{T17}, \dots, O_{T47}$;
43 Utworzyć zbiory uczące i testowe poprzez ułożenie odpowiedzi 4 klasyfikatorów zgodnie z metodą walidacji:
 $O_{U17}, \dots, O_{U47} \vee O_{T17}, \dots, O_{T47} \rightarrow U_{O1}, \dots, U_{O10} \vee T_{O1}, \dots, T_{O10}$;
44 Wykonać selekcję cech na podstawie wektora: $B_{2w2:290}$ na zbiorach uczących i testowych:
 $(U_{O1}, \dots, U_{O10} \vee T_{O1}, \dots, T_{O10}) + B_{2w2:290} \rightarrow U_{Oc1}, \dots, U_{Oc10} \vee T_{Oc1}, \dots, T_{Oc10}$;
45 Zapisać wartości parametrów klasyfikatora SVM : $svmtype_{2-3w} + kerneltype_{2-3w} \rightarrow opcje$;
46 for k ← 1 to n (liczba kombinacji zbiorów) do
47 Utworzyć model klasyfikatora SVM : $opcje + U_{Ock} + W_{Uk} \rightarrow model$;
48 Wyznaczyć wektory odpowiedzi klasyfikatora SVM dla zbioru uczącego i testowego:
 $model + (U_{Ock} \vee T_{Ock}) \rightarrow O_U(k) + O_T(k)$;
49 Wyznaczyć liczbę błędów w zbiorze uczącym i testowym: $(O_U(k) \wedge W_{Uk}) \vee (O_T(k) \wedge W_{Tk}) \rightarrow err_U(k) \vee err_T(k)$;
50 end
51 Utworzyć cząstkowe macierze pomyłek oraz całkowitą macierz pomyłek: $O_T \wedge W_{T1}, \dots, W_{T10} \rightarrow CF_1, \dots, CF_{10} \wedge CF$;
52 Obliczyć współczynniki oceny klasyfikatorów według sekcji: 3.2.7, na podstawie: $CF_1, \dots, CF_{10}$, CF oraz err_U i err_T ;

```

## 4.7. Pozostałe eksperymenty

W tej sekcji zostały przedstawione eksperymenty, przeprowadzone w ramach badań zmierzających do utworzenia tej dysertacji, które według autora nie zakończyły się pełnym sukcesem, a uzyskane na ich podstawie wyniki są mniej wartościowe. Jednak z powodów, które zostały wskazane we wstępie do rozdziału nr 4 zostały one uznane za godne przedstawienia w niniejszej rozprawie chociaż w mniej szczegółowej formie.

**Eksperyment nr 7 - System ewolucyjno-rozmyty** – Zastosowanie systemu rozmytego do diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego. W badaniach zaprojektowano system rozmyty typu Sugeno dla którego optymalizowano za pomocą algorytmu genetycznego parametr odpowiadający za zasięg oddziaływania centrów klastrów z przedziału:  $[0.1; 10]$  dla 4-krotnej walidacji krzyżowej.

**Eksperyment nr 8 - Genetycznie dobrany klasyczny zespół klasyfikatorów** – Zespół klasyfikatorów konstruowany i optymalizowany przez algorytm genetyczny. Optymalizowanymi parametrami były: typ „słabego” klasyfikatora: kNN, drzewa decyzyjne lub analiza dyskryminacyjna; metoda tworzenia zespołu klasyfikatorów: *Bagging*, *AdaBoostM2*, *LPBoost*, *TotalBoost*, *RUSBoost* i *Subspace* oraz liczba cykli uczenia zespołu.

**Eksperyment nr 9 - Głęboki zespół klasyfikatorów z systemem ewolucyjno-neuronowym** – Wielowarstwowy głęboki zespół składający się w pierwszej warstwie z 48 klasyfikatorów: SVM (nu-SVC), PNN, RBF i kNN oraz w kolejnych warstwach z systemu ewolucyjno-neuronowego w postaci wielowarstwowej sieci neuronowej jednokierunkowej (FF) lub rekurencyjnej (RNN) tworzonej i optymalizowanej za pomocą algorytmu genetycznego. Optymalizowanymi parametrami były: struktura sieci: liczba warstw ukrytych sieci neuronowej (0-2), liczba neuronów w każdej warstwie ukrytej (1-30), rodzaj funkcji aktywacji w każdej warstwie (1-3) oraz wartość progu decyzyjnego (0.3 - 0.7). Dodatkowo zastosowano genetyczną selekcję cech, 10-krotną walidację krzyżową, dwa algorytmy treningu sieci: genetyczny i Levenberga-Marquardta oraz zagnieżdżony algorytm genetyczny wykorzystany do treningu i optymalizacji sieci neuronowych.

**Eksperyment nr 10 - Klasyczny zespół klasyfikatorów** – Dwu warstwowy zespół klasyfikatorów typu bagging: w skład którego w pierwszej warstwie wchodzi 10 klasyfikatorów SVM (nu-SVC), każdy ze zoptymalizowanymi parametrami pod jeden z dziesięciu zestawów zbiorów: uczący i testowy, z 10-krotnej walidacji krzyżowej połączonych, w drugiej warstwie, za pomocą metody głosowania większościowego.

**Eksperyment nr 11 - Genetyczny zespół klasyfikatorów optymalizowanych po klasach** – Dwu warstwowy zespół: 17 klasyfikatorów SVM (epsilon-SVR) + 1 klasyfikator SVM (nu-SVC lub epsilon-SVR) lub PNN lub RBFNN, w którym każdy klasyfikator warstwy wejściowej uczony jest rozpoznawania danego zaburzenia od pozostałych. Klasyfikator warstwy wyjściowej na podstawie odpowiedzi klasyfikatorów wejściowych (prawdopodobieństwa wystąpienia wyuczonej klasy) oraz progu decyzyjnego podejmuje ostateczną decyzję. Zespół z genetyczną optymalizacją para-



metrów klasyfikatorów oraz progu decyzyjnego. Zastosowano dwie metody walidacji: 4-krotny i 10-krotny sprawdzian krzyżowy.

**Eksperyment nr 12 - Genetyczny zespół klasyfikatorów** – Dwu warstwowy zespół 48 klasyfikatorów z eksperymentu nr 3 (4.3) (SVM, kNN, PNN i RBFNN) + 1 klasyfikator SVM (nu-SVC). Klasyfikator warstwy wyjściowej na podstawie odpowiedzi klasyfikatorów wejściowych podejmuje ostateczną decyzję. Zespół z genetyczną selekcją cech połączoną z genetyczną optymalizacją parametrów. Zastosowano 10-krotną walidację krzyżową.

**Eksperyment nr 13 - Głęboki zespół klasyfikatorów z systemem ewolucyjno-neuronowym**

**optymalizowany po klasach** – Wielowarstwowy głęboki zespół składający się w pierwszej warstwie z 17 klasyfikatorów SVM (epsilon-SVR) oraz w kolejnych warstwach z systemu ewolucyjno-neuronowego w postaci wielowarstwowej sieci neuronowej jednokierunkowej (FF) lub rekurencyjnej (RNN) tworzonej i optymalizowanej za pomocą algorytmu genetycznego. Optymalizowanymi parametrami były: struktura sieci: liczba warstw ukrytych sieci neuronowej (1-4), liczba neuronów w każdej warstwie ukrytej (1-50), rodzaj funkcji aktywacji w każdej warstwie (1-6), typ algorytmu treningu (1-12) oraz wartość progu decyzyjnego (0.0 - 1.0). Dodatkowo zastosowano 4-krotną walidację krzyżową oraz wstępny trening genetyczny (celem ustalenia początkowych wartości wag i progów).

## 5. Wyniki

W niniejszym rozdziale zostały przedstawione wyniki uzyskane w ramach przeprowadzonych badań opisanych w rozdziale nr 4. W początkowej części tego rozdziału zostały przedstawione wizualizacje sygnałów EKG w kolejnych etapach przetwarzania danych oraz porównane zastosowane techniki. Następnie zostały zaprezentowane wyniki dotyczące 6 głównych eksperymentów. Na końcu rozdziału zostały omówione wyniki uzyskane na podstawie pozostałych eksperymentów oraz zostało przedstawione zestawienie porównawcze wyników z poszczególnych eksperymentów.

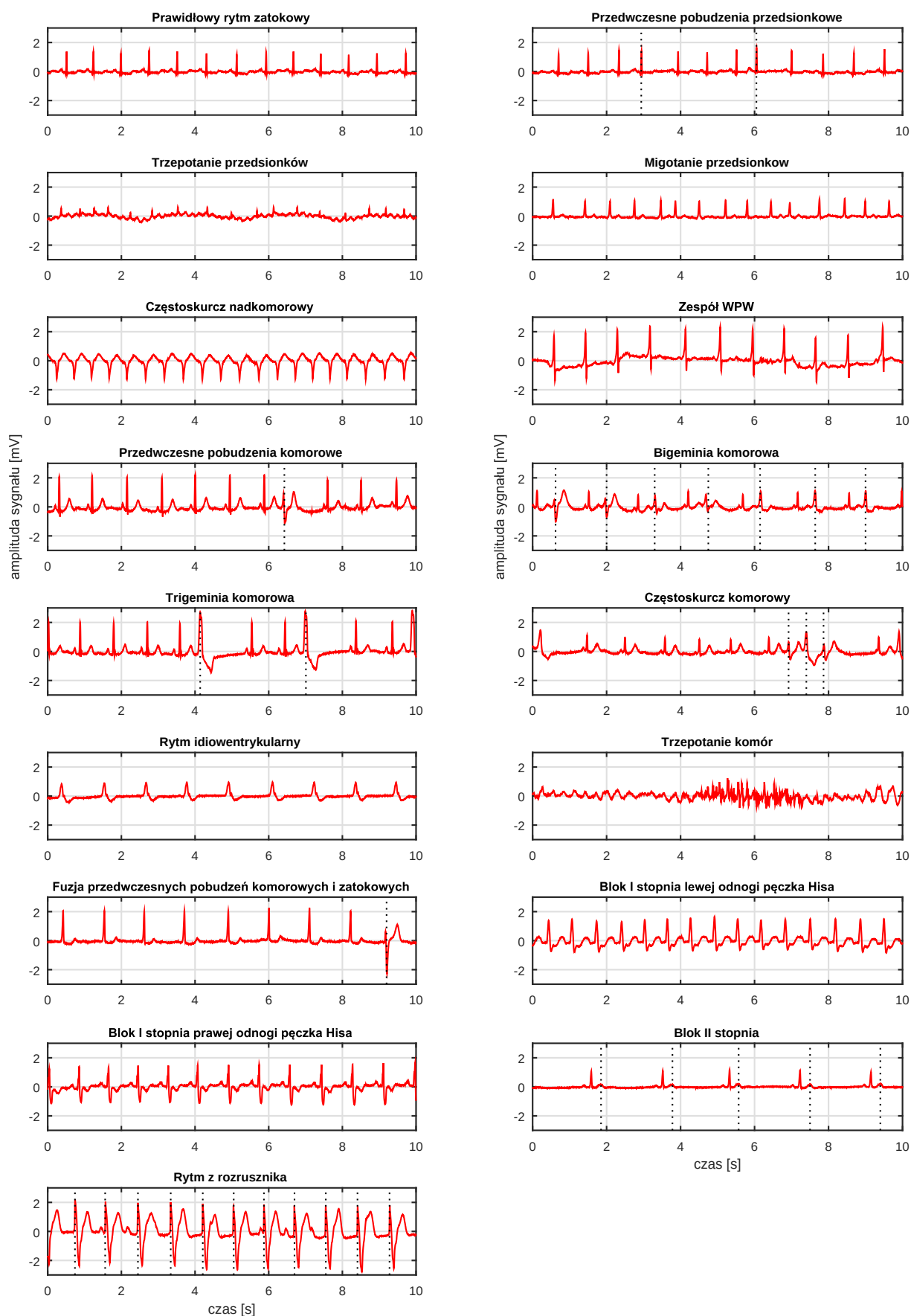
W ramach badań wykorzystano środowisko MATLAB R2014b wraz z biblioteką LIBSVM [82]. Obliczenia przeprowadzono na komputerze o następujących parametrach: 4.0 [GHz] Core i7-6700K, 32 GB RAM. Do obliczeń używano jedynie pojedynczego rdzenia procesora. Całkowite czasy obliczeń składające się z fazy uczenia, testowania oraz optymalizacji parametrów klasyfikatorów zostały przedstawione w tabelach: 5.1 - 5.11 w niniejszym rozdziale.

### 5.1. Wizualizacje surowych danych

W niniejszej sekcji na rysunku nr 5.1 zostały zaprezentowane przykładowe, pojedyncze, 10 sekundowe, fragmenty surowego sygnału EKG odpowiadające wszystkim 17 analizowanym klasom. Surowe fragmenty sygnału EKG zostały przed wizualizacją poddane jedynie redukcji wzmocnienia oraz redukcji składowej stałej według sekcji: 3.2.1. Dla niektórych zaburzeń na rysunku nr 5.1 zaznaczono ich charakterystyczne fragmenty (cechy) za pomocą czarnej przerywanej linii.

### 5.2. Wizualizacje odseparowania danych po przetworzeniu wstępnym sygnału - normalizacji

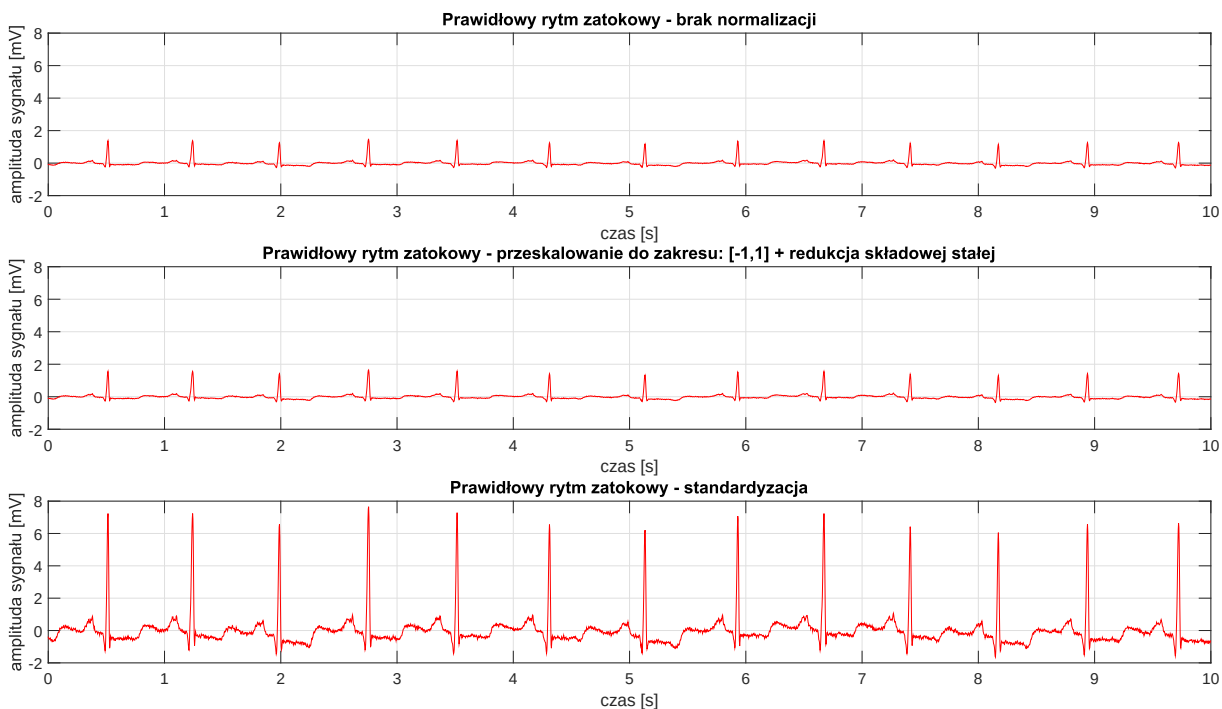
W tej sekcji zostały przedstawione wizualizacje odseparowania danych po przetwarzaniu wstępnym sygnałów EKG według sekcji: 3.2.1. Na rysunkach nr 5.3 i nr 5.4 zostały przedstawione sygnały EKG po normalizacji polegającej na przeskalowaniu sygnałów EKG do przedziału:  $[-1, 1]$  oraz redukcji składowej stałej. Autor zdecydował się na szersze przedstawienie akurat tego rodzaju przetwarzania wstępnego ponieważ zastosowanie tej metody pozwoliło klasyfikatorom osiągnąć najlepsze wyniki w rozpoznawaniu zaburzeń serca na podstawie tabeli 5.11.



Rysunek 5.1: Wizualizacje surowych danych dla każdej analizowanej klasy. Dla każdej klasy został zaprezentowany przykładowy, pojedynczy, 10-sekundowy fragment sygnału EKG.

### 5.2.1. Porównanie rodzajów normalizacji

Na rysunku nr 5.2 zostało przedstawione porównanie sygnałów EKG dla trzech rodzajów normalizacji (kolejno od góry): brak normalizacji, przeskalowanie + redukcja składowej stałej, standaryzacja. Przedstawione wizualizacje zawierają przykładowy, pojedynczy sygnał EKG dla każdej z wymienionych metod. Przykładowy, pojedynczy, 10-sekundowy fragment sygnału EKG pochodzi od pacjenta o nr. 100 i przedstawia prawidłowy rytm zatokowy.



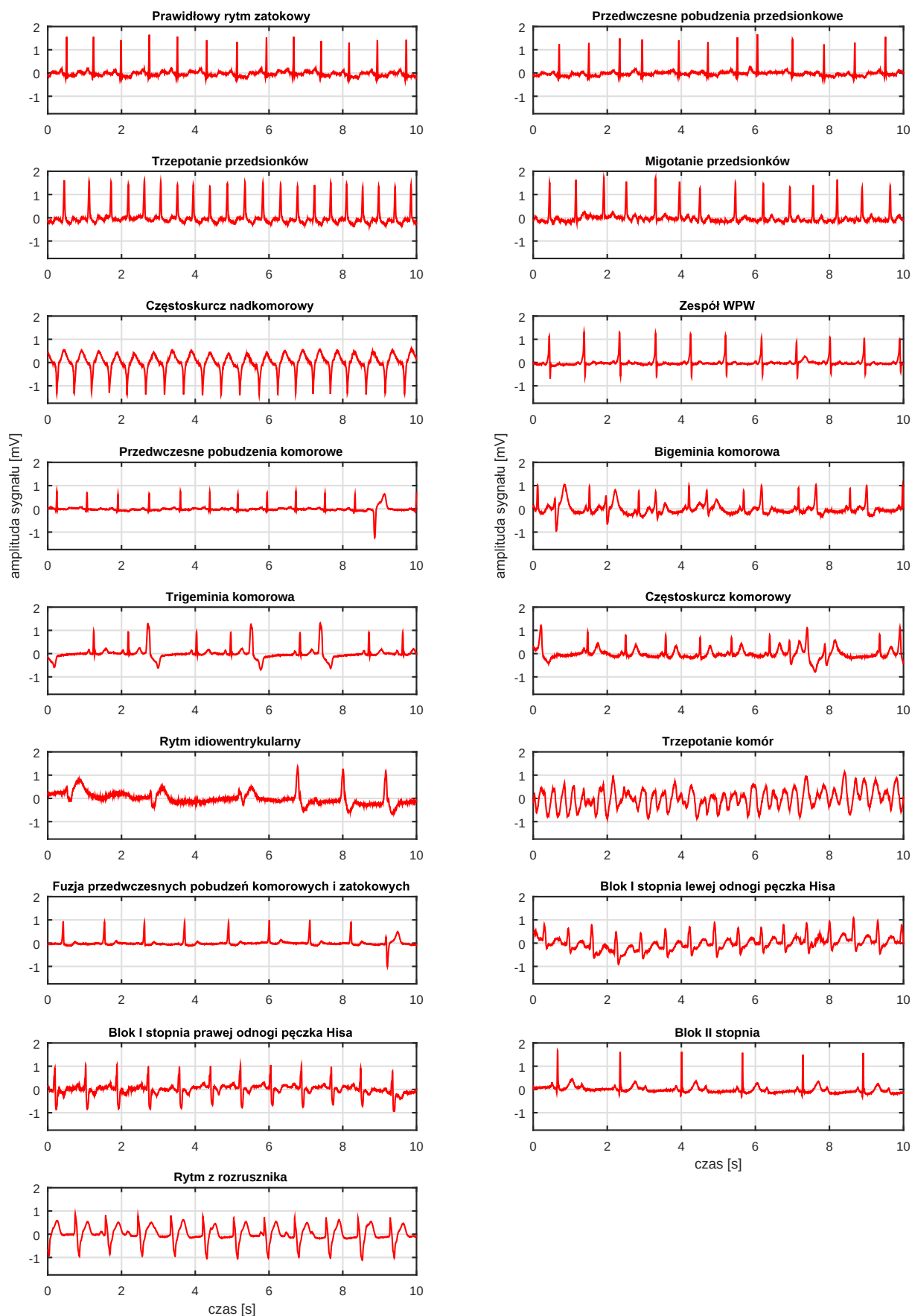
Rysunek 5.2: Porównanie rodzajów normalizacji. Przykładowy, pojedynczy, 10-sekundowy sygnał EKG - pacjent o nr. 100, prawidłowy rytm zatokowy.

### 5.2.2. Porównanie analizowanych klas

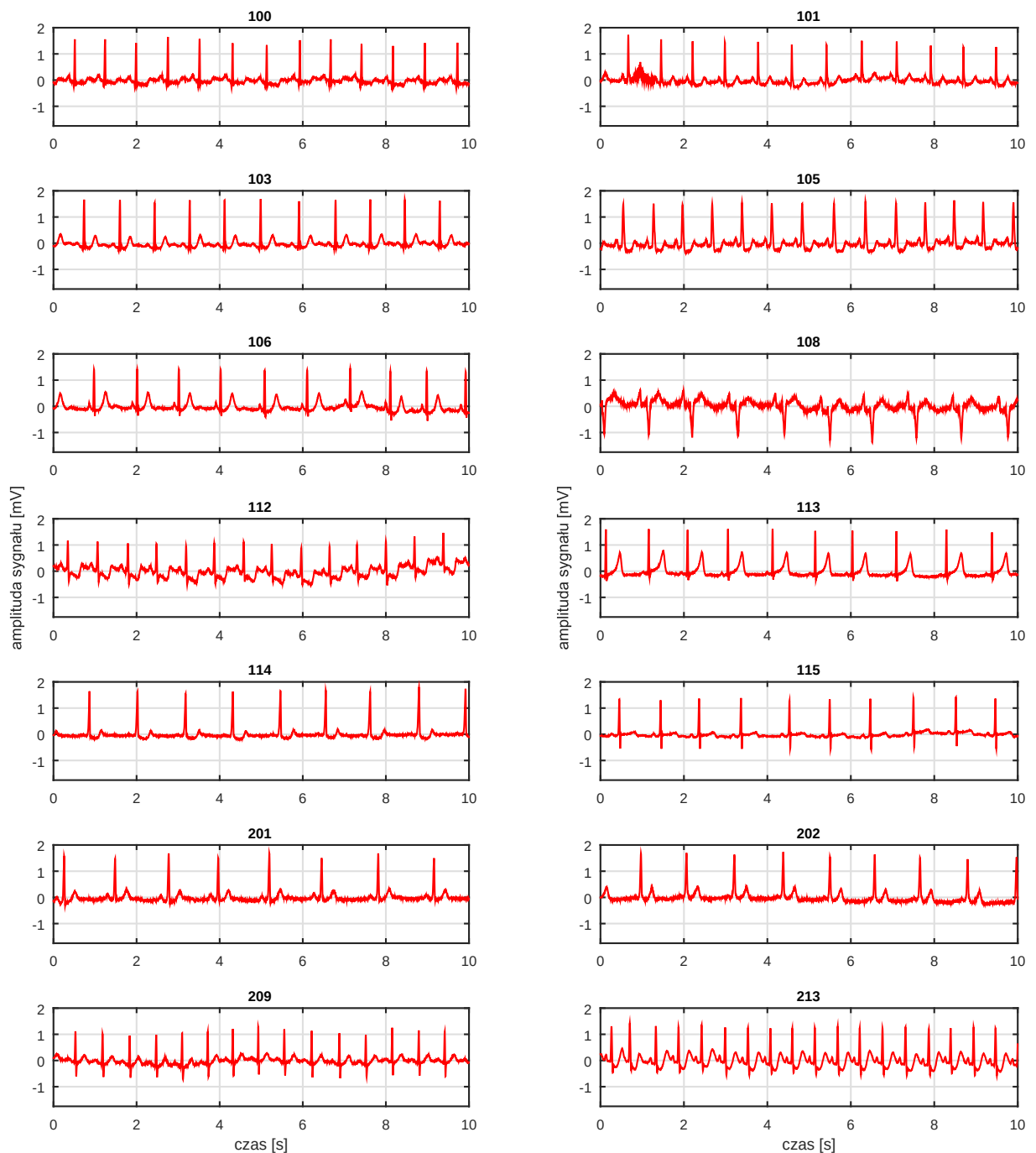
Na rysunku nr 5.3 zostało przedstawione porównanie sygnałów EKG dla poszczególnych klas po przetwarzaniu wstępnym sygnału (normalizacji) polegającym na przeskalowaniu sygnału do przedziału:  $[-1, 1]$  oraz redukcji składowej stałej. Dla każdej klasy został zaprezentowany przykładowy, pojedynczy, 10-sekundowy fragment sygnału EKG.

### 5.2.3. Porównanie sygnałów z tej samej klasy dla różnych pacjentów

Na rysunku nr 5.4 zostało przedstawione porównanie sygnałów EKG dla tej samej klasy - *prawidłowego rytmu zatokowego* pomiędzy czternastoma pacjentami. Przedstawione wizualizacje zawierają przykładowy, pojedynczy sygnał EKG dla każdego pacjenta. Sygnał EKG został wcześniej poddany normalizacji polegającej na: przeskalowaniu do przedziału:  $[-1, 1]$  oraz redukcji składowej stałej.



Rysunek 5.3: Porównanie analizowanych klas. Dla każdej klasy został zaprezentowany przykładowy, pojedynczy, 10-sekundowy sygnał EKG po przeskalowaniu i redukcji składowej stałej.



Rysunek 5.4: Porównanie sygnałów EKG z tej samej klasy (*prawidłowy rytm zatokowy*) dla różnych pacjentów. Dla każdego pacjenta został zaprezentowany przykładowy, pojedynczy, 10-sekundowy fragment sygnału EKG po normalizacji polegającej na przeskalowaniu i redukcji składowej stałej

### 5.3. Wizualizacje przetworzonych danych po DFT

W tej sekcji zostały przedstawione wizualizacje odseparowania danych po ekstrakcji cech polegającej na estymowaniu widmowej gęstości mocy sygnału EKG za pomocą metody Welsh'a oraz dyskretnej transformacji Fouriera według sekcji 3.2.2. Na rysunkach nr 5.7, 5.8 i 5.9 zostały przedstawione sygnały EKG po normalizacji polegającej na przeskalowaniu sygnałów EKG do przedziału:  $[-1, 1]$  i redukcji składowej stałej według sekcji: 3.2.1 oraz po ekstrakcji cech polegającej na zastosowaniu DFT z oknem Hamminga o szerokości 512 próbek według sekcji: 3.2.2. Autor zdecydował się na przedstawienie akurat tej kombinacji normalizacji i ekstrakcji cech ponieważ dzięki jej zastosowaniu klasyfikatory osiągnęły najlepsze wyniki w rozpoznawaniu zaburzeń serca na podstawie tabel: 5.10 i 5.11.

Na przedstawionych w tej sekcji rysunkach widać charakterystyczne piki amplitudy dla wartości: 60, 120 i 180 [Hz], które są spowodowane przeniesieniem składowej napięcia sieciowego na rejestrowane sygnały EKG. Wykorzystane w rozprawie dane (baza: MIT-BIH), zostały zarejestrowane w amerykańskich szpitalach, gdzie częstotliwość napięcia sieciowego wynosi 60 [Hz].

#### 5.3.1. Porównanie szerokości okna Hamminga wraz z rodzajami normalizacji

Na rysunkach nr 5.5 i nr 5.6 zostało przedstawione porównanie sygnałów EKG dla 3 rodzajów normalizacji: brak normalizacji, przeskalowanie + redukcja składowej stałej, standaryzacja oraz 4 rodzajów ekstrakcji cech (4 szerokości okna Hamminga: 128, 256, 512 i 1024 próbek) Dla rysunku nr 5.5 porównanie zostało przedstawione na przykładzie *prawidłowego rytmu zatokowego* natomiast na rysunku nr 5.6 na przykładzie *pobudzeń przedwczesnych przedsionkowych*. Przedstawione wizualizacje zawierają wszystkie, 10-sekundowe, fragmenty sygnałów EKG dla każdej z wymienionych metod.

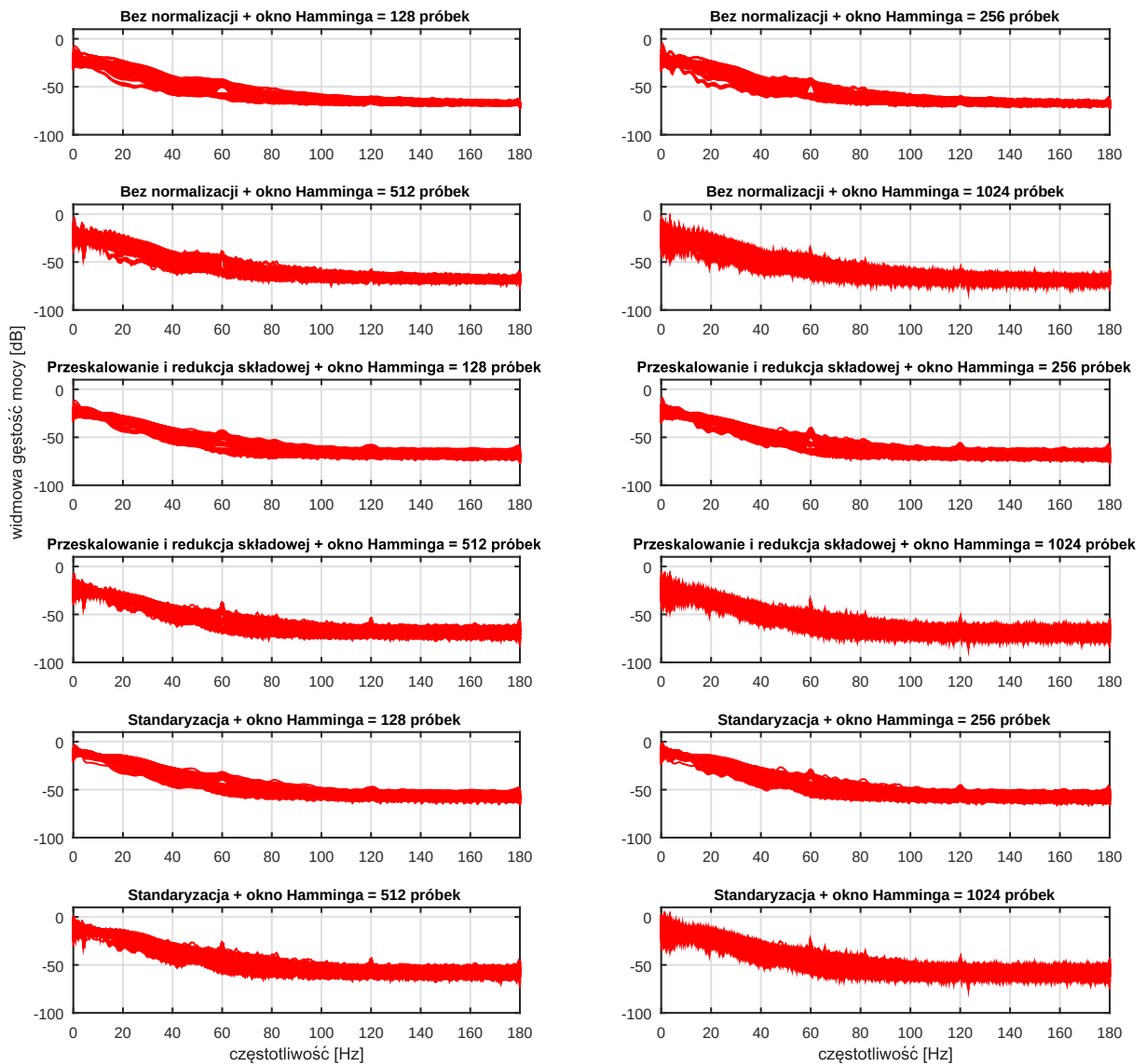
#### 5.3.2. Porównanie analizowanych klas

Na rysunku nr 5.7 zostało przedstawione porównanie sygnałów EKG dla poszczególnych klas po normalizacji polegającej na przeskalowaniu sygnału do przedziału:  $[-1, 1]$  i redukcji składowej stałej oraz po ekstrakcji cech polegającej na zastosowaniu DFT z oknem Hamminga o szerokości 512 próbek. Przedstawione wizualizacje, dla każdej klasy, zawierają wszystkie, 10-sekundowe, fragmenty sygnałów EKG. Innymi kolorami zaznaczono sygnały pochodzące od innych pacjentów.

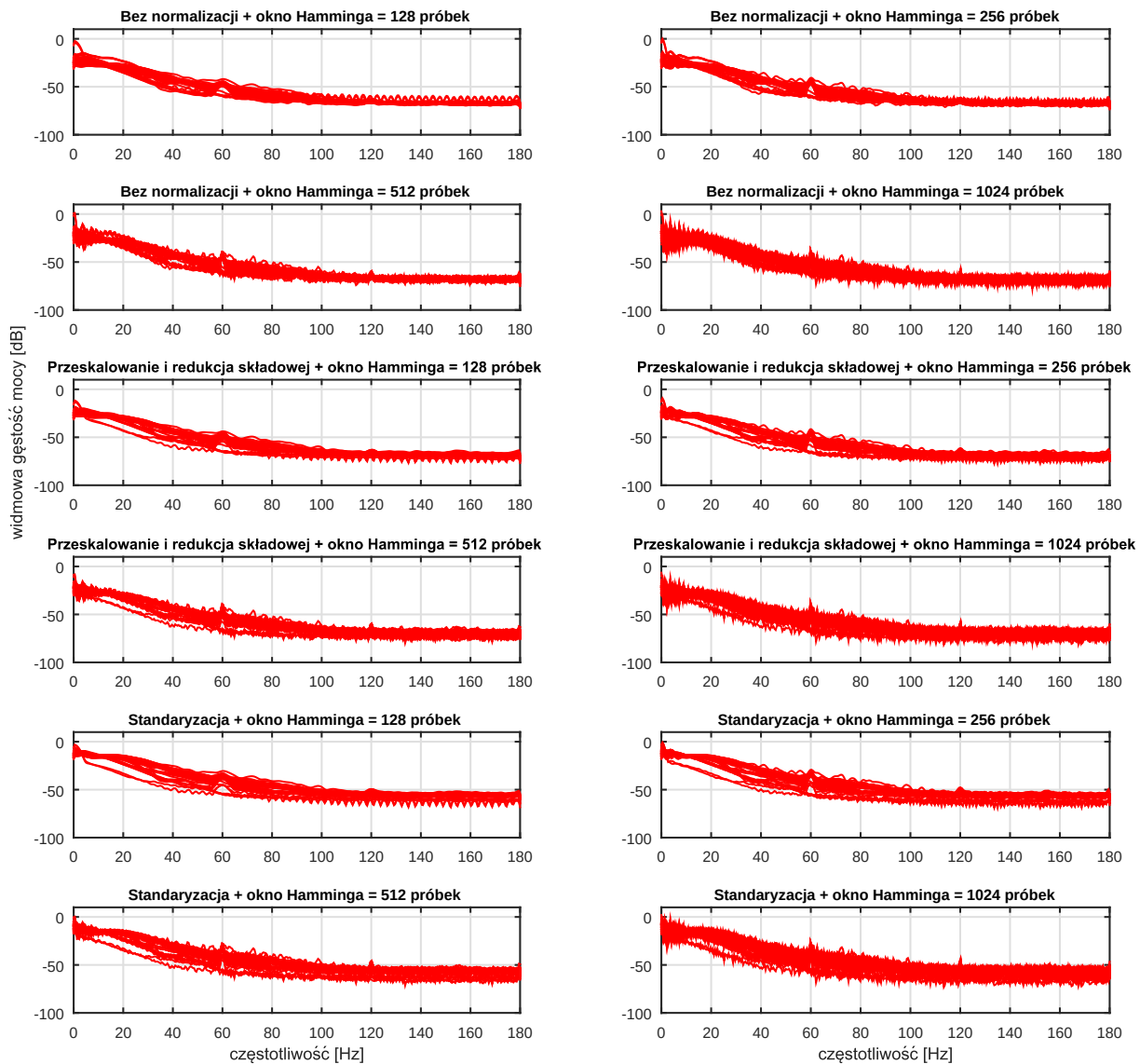
#### 5.3.3. Porównanie sygnałów z tej samej klasy dla różnych pacjentów

Na rysunkach nr 5.8 i nr 5.9 zostało przedstawione porównanie sygnałów EKG dla tej samej klasy - *prawidłowy rytm zatokowy* pomiędzy czternastoma pacjentami. Sygnał EKG, przedstawiony na wspomnianych rysunkach, został wcześniej poddany normalizacji polegającej na: przeskalowaniu sygnału do przedziału:  $[-1, 1]$  i redukcji składowej stałej oraz po ekstrakcji cech polegającej na zastosowaniu DFT z oknem Hamminga o szerokości 512 próbek. Na rysunku nr 5.8 została przedstawiona jedna wizualizacja na której innymi kolorami zostały oznaczone sygnały EKG pochodzące od innych pacjentów, natomiast na rysunku nr 5.9 zostało przedstawionych 14 wizualizacji odpowiadających sygnałom EKG od 14 pacjentów. Każda wizualizacja przedstawia wszystkie, 10-sekundowe, fragmenty sygnałów EKG.

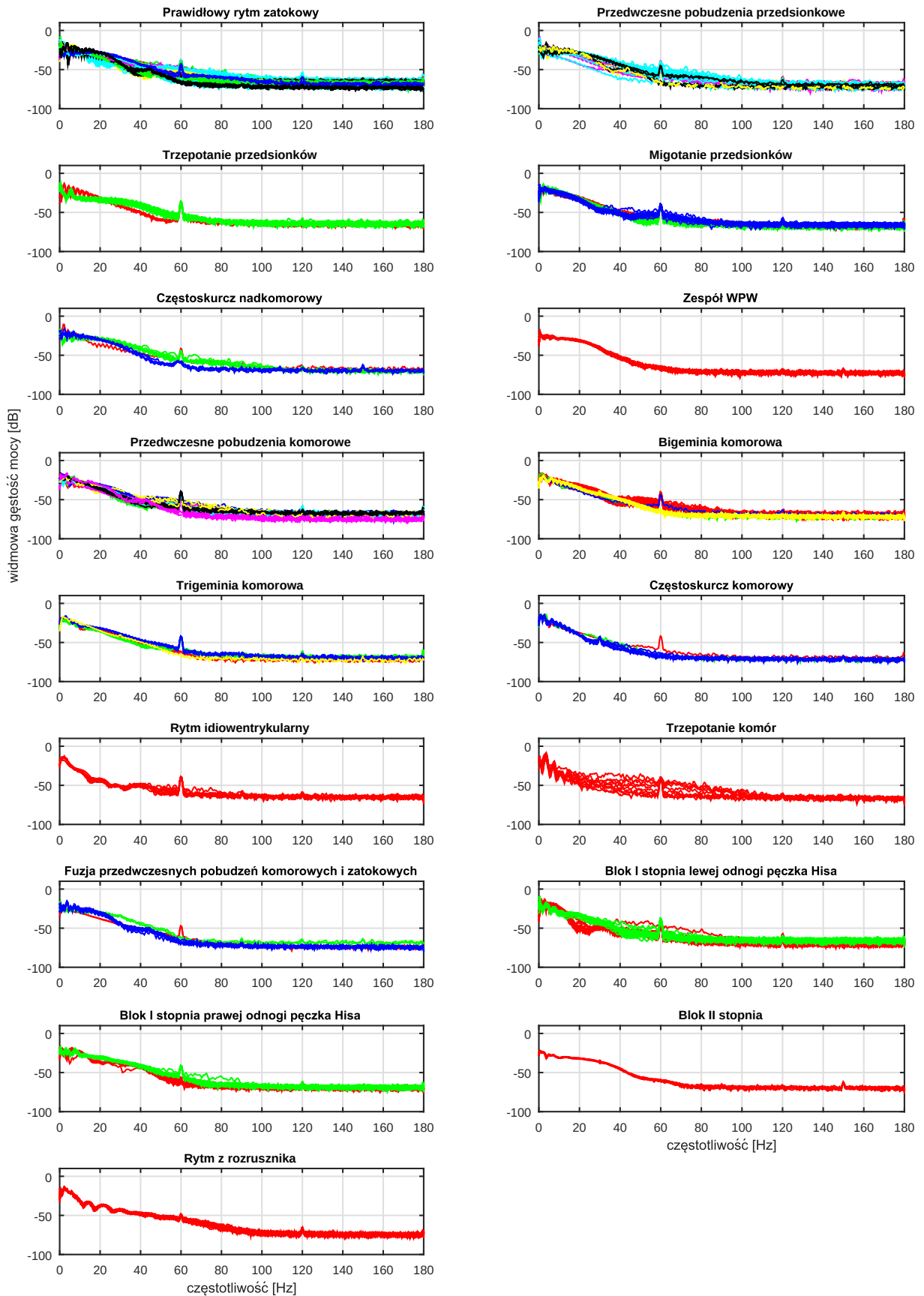




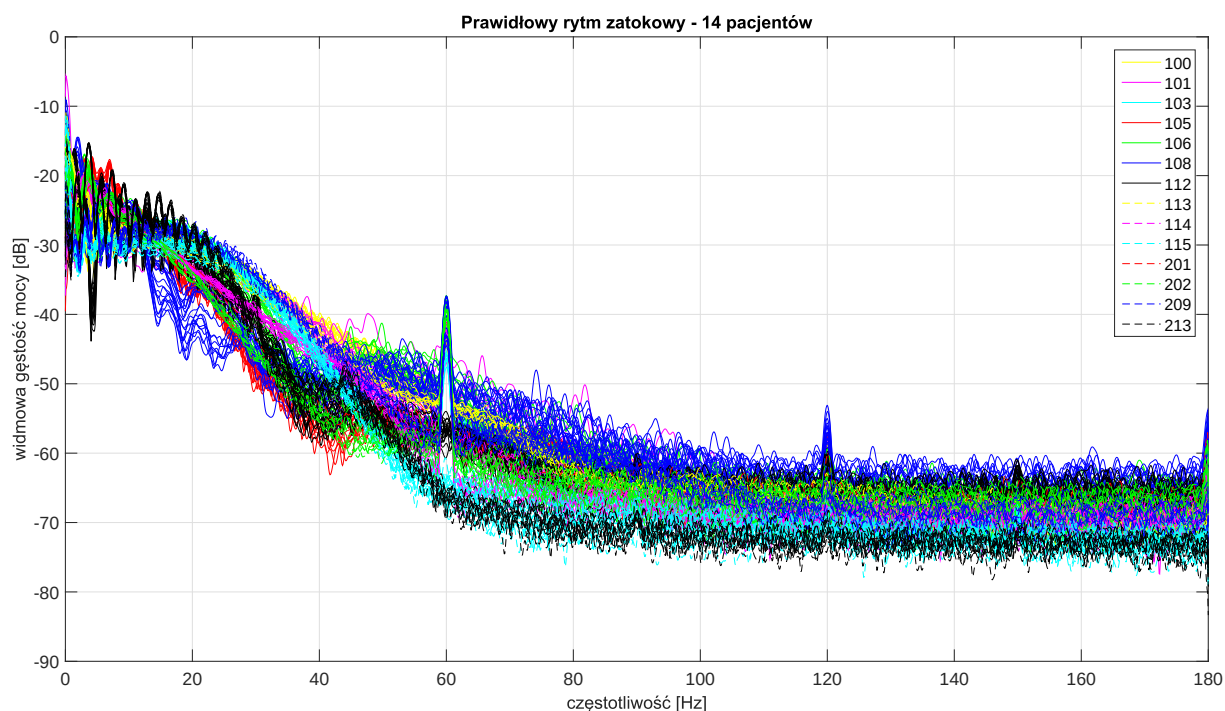
Rysunek 5.5: Porównanie rodzajów normalizacji i ekstrakcji cech (szerokości okna Hamminga) dla *prawidłowego rytmu zatokowego*. Dla każdej wizualizacji przedstawiono wszystkie, 10-sekundowe, fragmenty sygnałów EKG.



Rysunek 5.6: Porównanie rodzajów normalizacji i ekstrakcji cech (szerokości okna Hamminga) dla pobudzeń przedwczesnych przedsionkowych. Dla każdej wizualizacji przedstawiono wszystkie, 10-sekundowe, fragmenty sygnałów EKG.



Rysunek 5.7: Porównanie analizowanych klas po zastosowaniu DFT. Przedstawione wizualizacje, dla każdej klasy, zawierają wszystkie, 10-sekundowe, fragmenty sygnałów EKG. Innymi kolorami zaznaczono sygnały pochodzące od innych pacjentów.



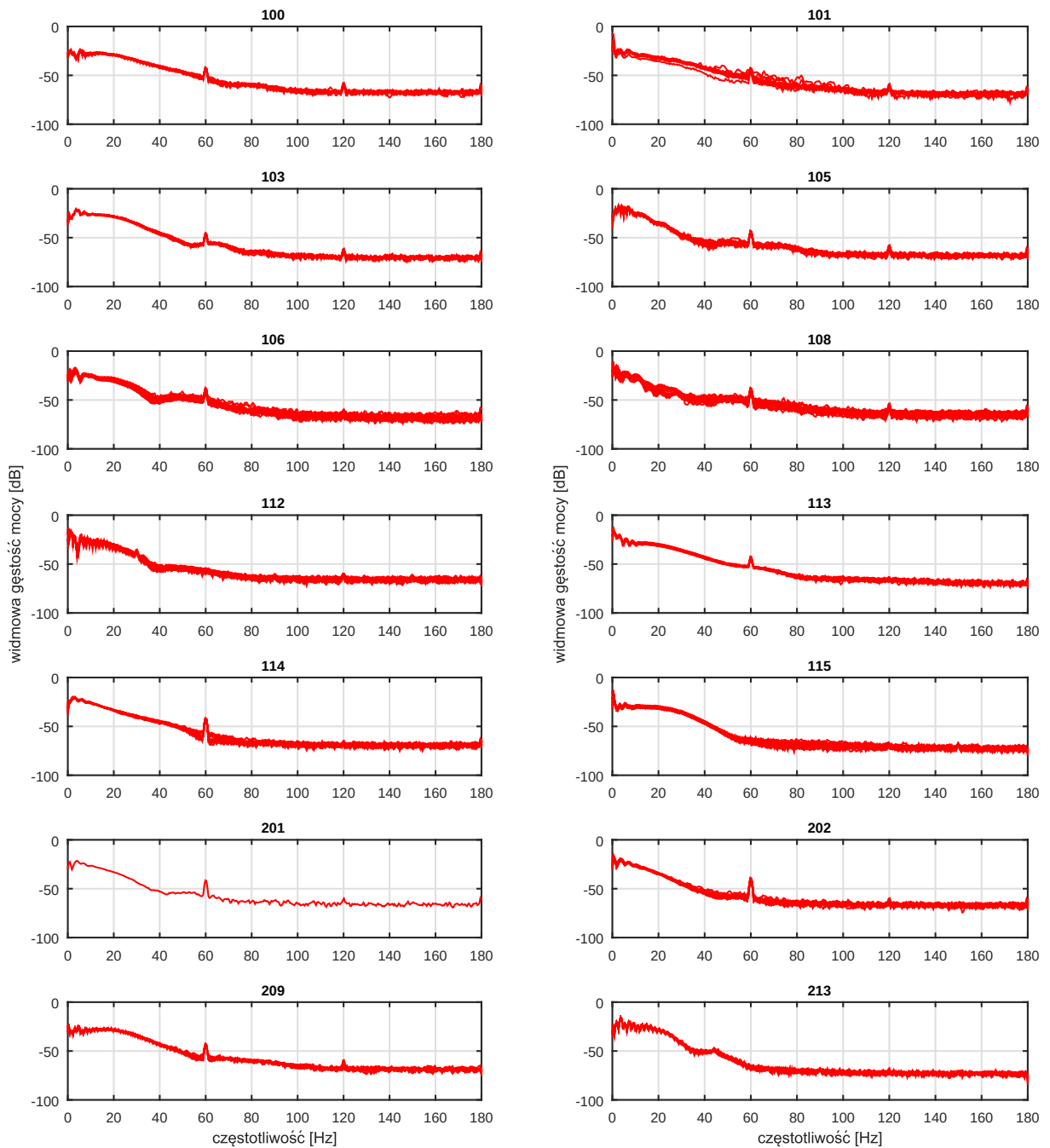
Rysunek 5.8: Porównanie sygnałów EKG z tej samej klasy (*prawidłowy rytm zatokowy*) dla różnych pacjentów. Dla każdego pacjenta zostały zaprezentowane wszystkie, 10-sekundowe, fragmenty sygnału EKG po normalizacji i ekstrakcji cech. Innymi kolorami zaznaczono sygnały pochodzące od innych pacjentów.

## 5.4. Wizualizacje efektów selekcji cech

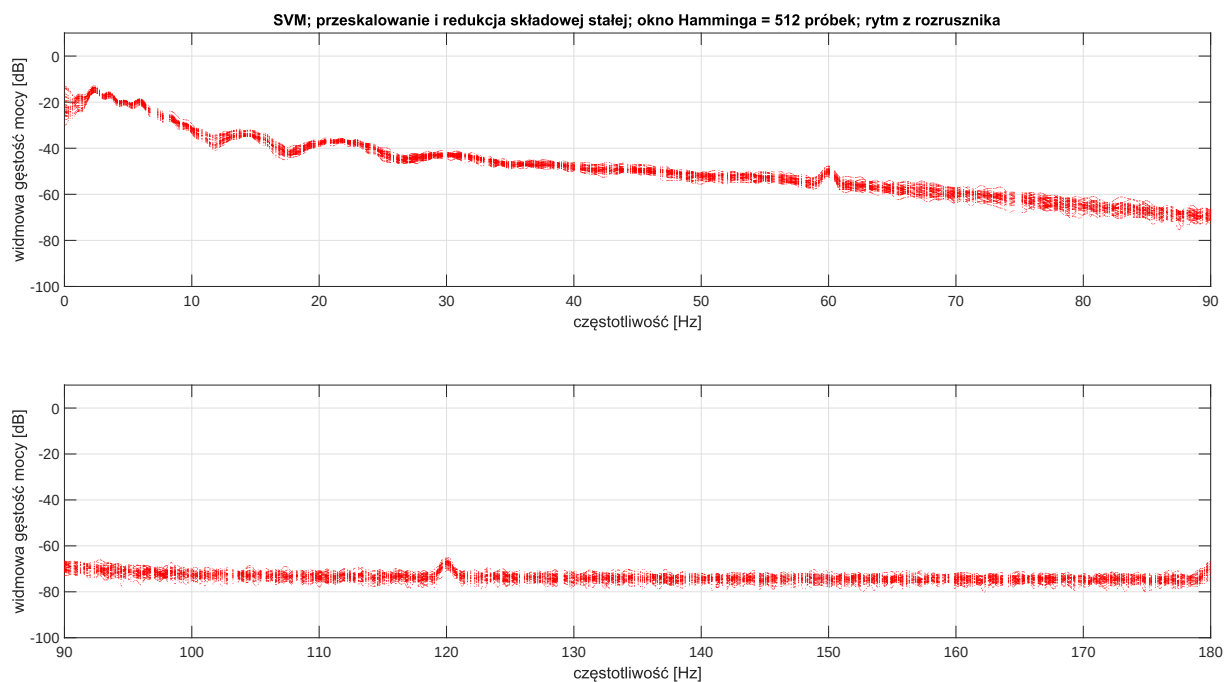
W tej sekcji znajdują się wizualizacje przedstawiające efekty selekcji cech wykonanej za pomocą algorytmu genetycznego na podstawie sekcji: 3.2.3. Na rysunkach nr 5.10, 5.11, 5.12 i 5.13 zostały przedstawione efekty selekcji cech dla optymalnej kombinacji normalizacji i ekstrakcji cech dla 4 klasyfikatorów: SVM, kNN, PNN i RBFNN (tabela nr 5.4), uzyskane na podstawie obliczeń przeprowadzonych w ramach *Eksperymentu nr 3*.

Na rysunku nr 5.10 zostały przedstawione wizualizacje sygnałów EKG dla klasyfikatora SVM dla optymalnej selekcji cech. Na rysunku zostały przedstawione wszystkie, 10-sekundowe, sygnały EKG dla klasy: *rytm z rozruszniaka*, po normalizacji polegającej na: przeskalowaniu sygnału do przedziału:  $[-1, 1]$  i redukcji składowej stałej, po ekstrakcji cech polegającej na zastosowaniu DFT z oknem Hamminga o szerokości 512 próbek oraz po optymalnej selekcji cech. Górna wizualizacja przedstawia zakres częstotliwości od 0 do 90 [Hz], a dolna zakres częstotliwości od 90 do 180 [Hz].

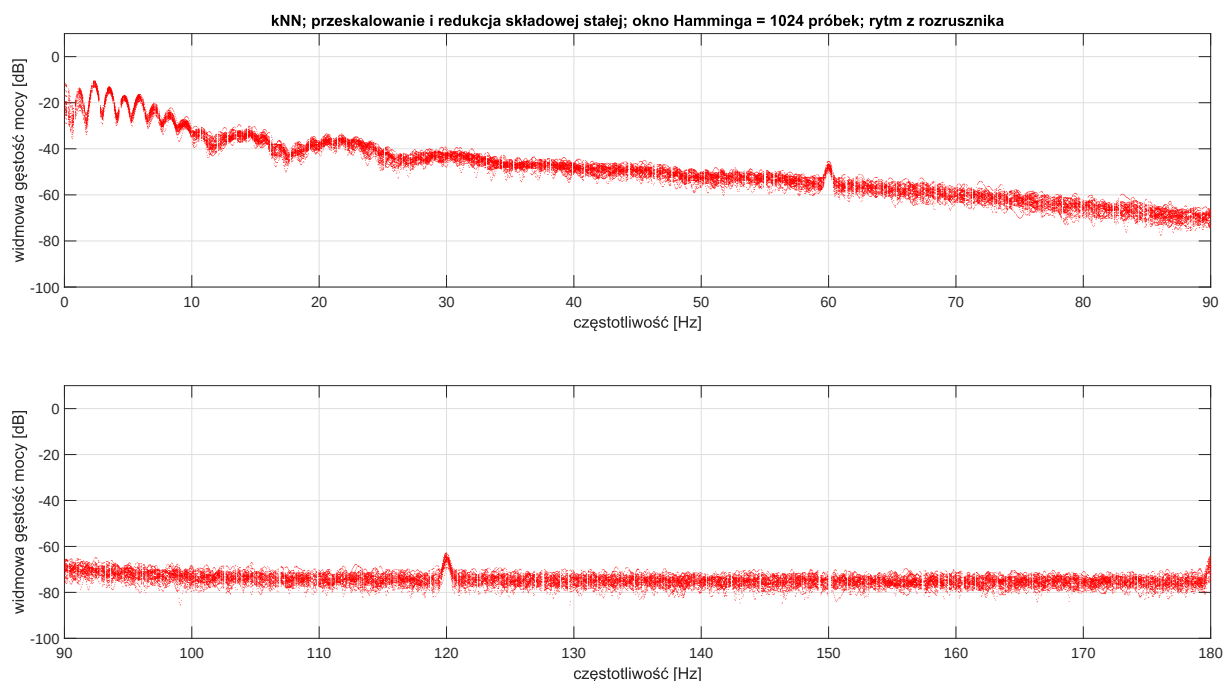
Na rysunku nr 5.11 zostały przedstawione wizualizacje sygnałów EKG dla klasyfikatora kNN dla optymalnej selekcji cech. Na rysunku zostały przedstawione wszystkie, 10-sekundowe, sygnały EKG dla klasy: *rytm z rozruszniaka*, po normalizacji polegającej na: przeskalowaniu sygnału do przedziału:  $[-1, 1]$  i redukcji składowej stałej, po ekstrakcji cech polegającej na zastosowaniu DFT z oknem Hamminga o szerokości 1024 próbek oraz po optymalnej selekcji cech. Górna wizualizacja przedstawia zakres częstotliwości od 0 do 90 [Hz], a dolna zakres częstotliwości od 90 do 180 [Hz].



Rysunek 5.9: Porównanie sygnałów EKG z tej samej klasy (*prawidłowy rytm zatokowy*) dla różnych pacjentów. Dla każdego pacjenta zostały zaprezentowane wszystkie, 10-sekundowe, fragmenty sygnału EKG po normalizacji i ekstrakcji cech.

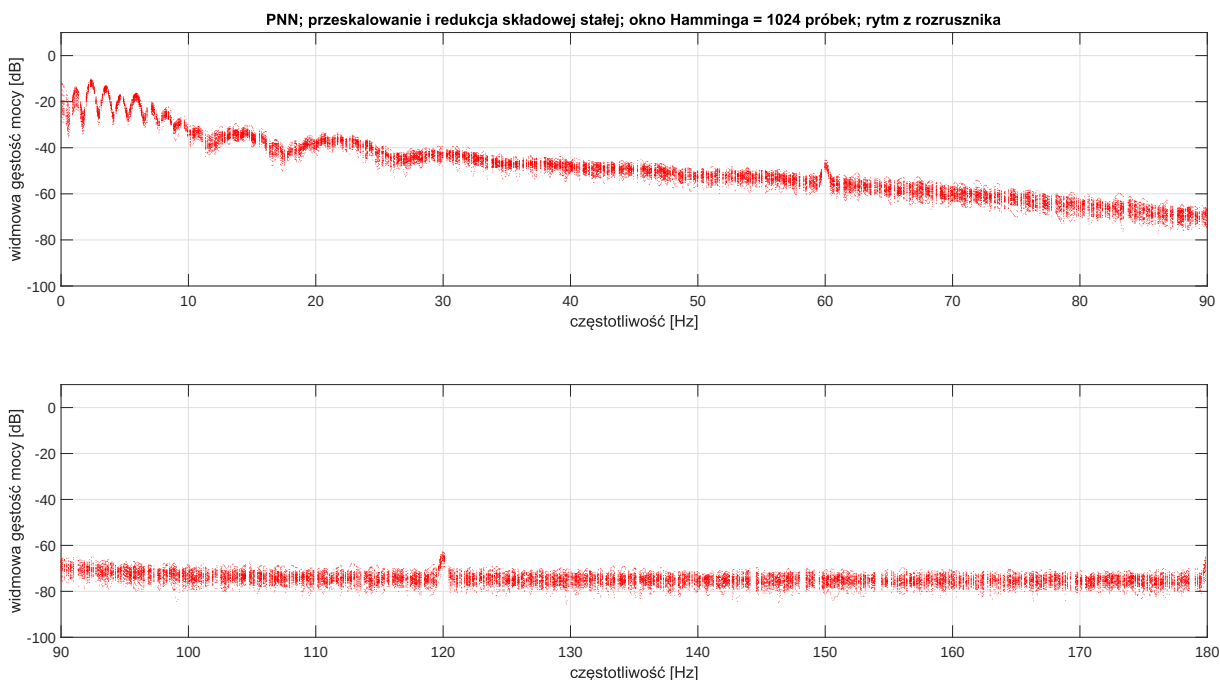


Rysunek 5.10: Wizualizacja optymalnej selekcji cech dla klasyfikatora *SVM*, po przeskalowaniu i redukcji składowej stałej i zastosowaniu DFT z oknem Hamminga o szerokości 512 próbek. Górna wizualizacja przedstawia zakres częstotliwości od 0 do 90 [Hz], a dolna zakres częstotliwości od 90 do 180 [Hz].



Rysunek 5.11: Wizualizacja optymalnej selekcji cech dla klasyfikatora *kNN*, po przeskalowaniu i redukcji składowej stałej i zastosowaniu DFT z oknem Hamminga o szerokości 1024 próbek. Górna wizualizacja przedstawia zakres częstotliwości od 0 do 90 [Hz], a dolna zakres częstotliwości od 90 do 180 [Hz].

Na rysunku nr 5.12 zostały przedstawione wizualizacje sygnałów EKG dla klasyfikatora *PNN* dla optymalnej selekcji cech. Na rysunku zostały przedstawione wszystkie, 10-sekundowe, sygnały EKG dla klasy: *rytm z rozrusznika*, po normalizacji polegającej na: przeskalowaniu sygnału do przedziału:  $[-1, 1]$  i redukcji składowej stałej, po ekstrakcji cech polegającej na zastosowaniu DFT z oknem Hamminga o szerokości 1024 próbek oraz po optymalnej selekcji cech. Górna wizualizacja przedstawia zakres częstotliwości od 0 do 90 [Hz], a dolna zakres częstotliwości od 90 do 180 [Hz].



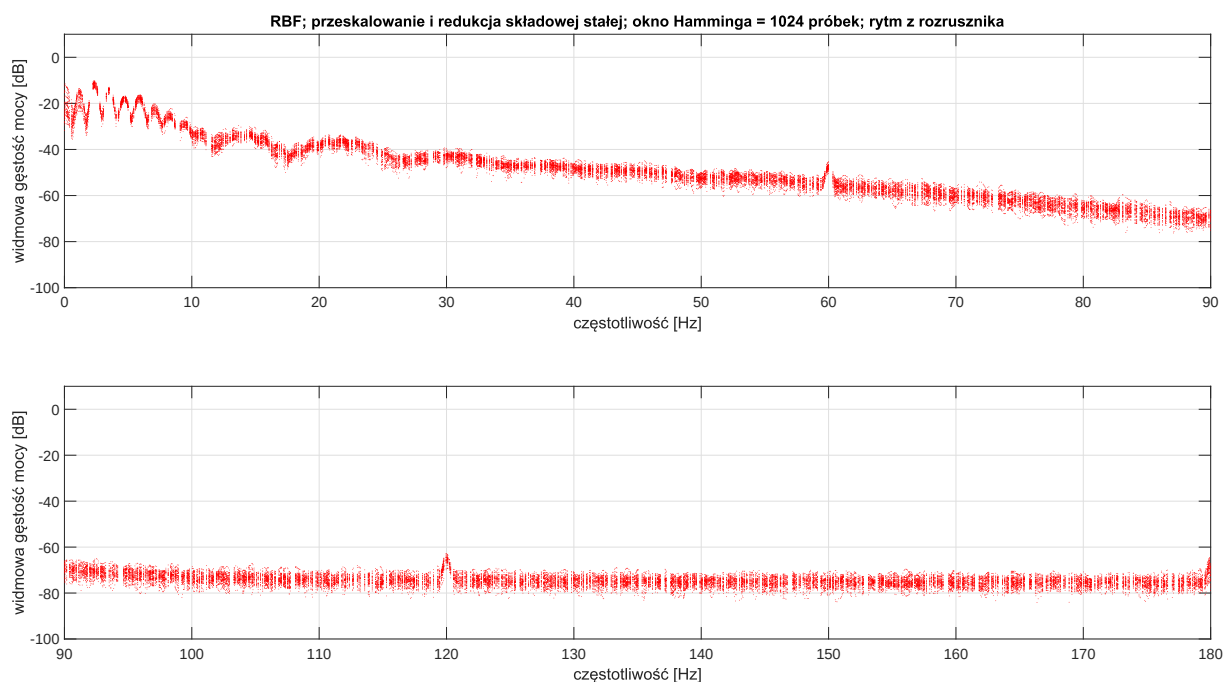
Rysunek 5.12: Wizualizacja optymalnej selekcji cech dla klasyfikatora *PNN*, po przeskalowaniu i redukcji składowej stałej i zastosowaniu DFT z oknem Hamminga o szerokości 1024 próbek. Górna wizualizacja przedstawia zakres częstotliwości od 0 do 90 [Hz], a dolna zakres częstotliwości od 90 do 180 [Hz].

Na rysunku nr 5.13 zostały przedstawione wizualizacje sygnałów EKG dla klasyfikatora *RBF* dla optymalnej selekcji cech. Na rysunku zostały przedstawione wszystkie, 10-sekundowe, sygnały EKG dla klasy: *rytm z rozrusznika*, po normalizacji polegającej na: przeskalowaniu sygnału do przedziału:  $[-1, 1]$  i redukcji składowej stałej, po ekstrakcji cech polegającej na zastosowaniu DFT z oknem Hamminga o szerokości 1024 próbek oraz po optymalnej selekcji cech. Górna wizualizacja przedstawia zakres częstotliwości od 0 do 90 [Hz], a dolna zakres częstotliwości od 90 do 180 [Hz].

## 5.5. Wizualizacje wszystkich etapów przetwarzania sygnału

W tej sekcji, na rysunku nr 5.14, została przedstawiona wizualizacja kolejnych etapów przetwarzania sygnału EKG (rozdział 3) dla optymalnej (legitymującej się największą skutecznością w rozpoznawaniu sygnałów EKG) kombinacji: klasyfikatora (*SVM*), przetwarzania wstępnego danych (*przeskalowanie*), ekstrakcji (512 próbek) i selekcji cech według tabeli nr 5.4 z *Eksperymentu nr 3*. Rysunek przedstawia przykładowy, pojedynczy, 10-sekundowy, fragment sygnału EKG dla prawidłowego rytmu zatokowego

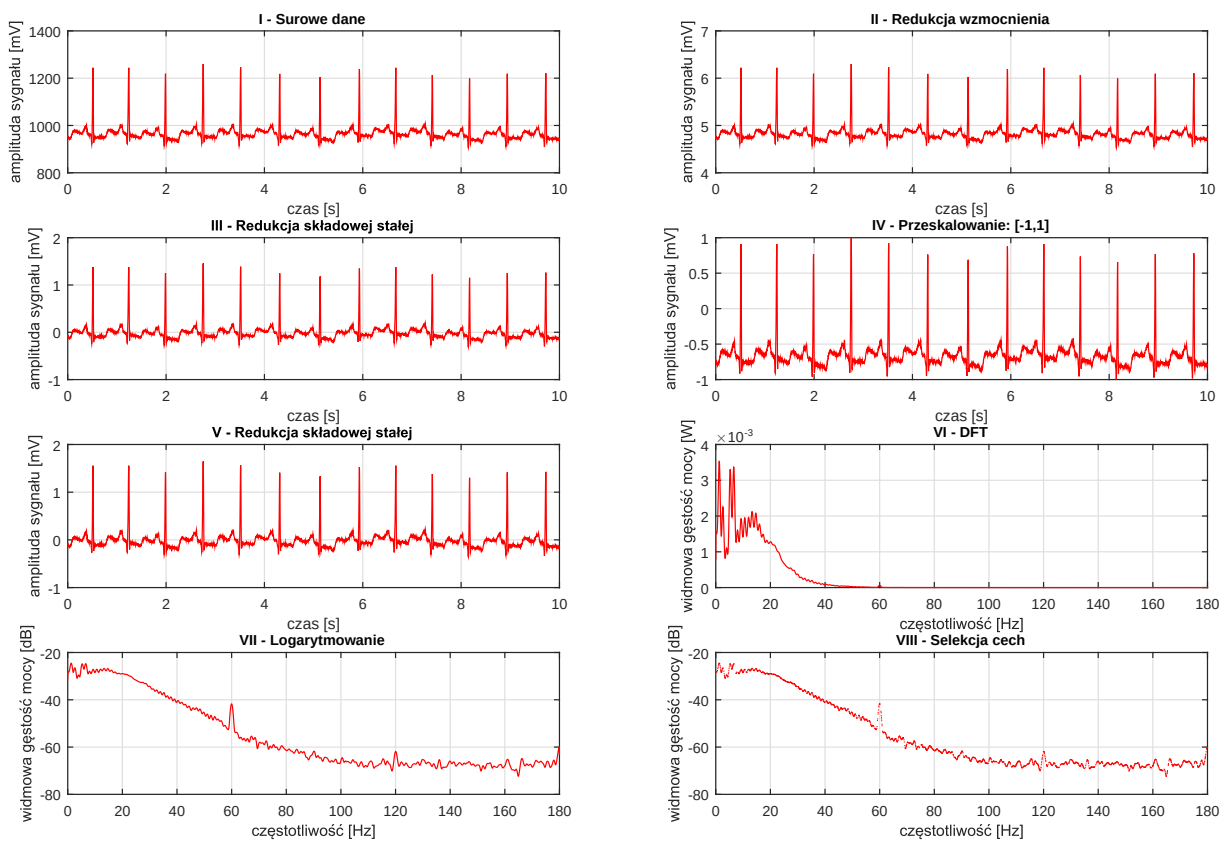




Rysunek 5.13: Wizualizacja optymalnej selekcji cech dla klasyfikatora *RBF*, po przeskalowaniu i redukcji składowej stałej i zastosowaniu DFT z oknem Hamminga o szerokości 1024 próbek. Górna wizualizacja przedstawia zakres częstotliwości od 0 do 90 [Hz], a dolna zakres częstotliwości od 90 do 180 [Hz].

od pacjenta nr 100. Na rysunku nr 5.14 zaprezentowano następujące etapy przetwarzania sygnału EKG (optymalna kombinacja):

- I Surowe dane;
- II Redukcja wzmocnienia;
- III Redukcja składowej stałej;
- IV Przeskalowanie sygnału do zakresu:  $[-1, 1]$ ;
- V Redukcja składowej stałej;
- VI Estymacja widmowej gęstości mocy za pomocą metody Welsh'a i dyskretnej transformacji Fouriera (DFT) dla okna Hamminga o szerokości równej 512 próbek;
- VII Zlogarytmowanie sygnału;
- VIII Selekcja cech (SVM, Eksperyment nr 3);



Rysunek 5.14: Wizualizacja przedstawiająca kolejne etapy przetwarzania sygnału EKG dla optymalnej kombinacji metod. Wszystkie wykresy przedstawiają przykładowy, pojedynczy, 10-sekundowy, fragment sygnału EKG dla prawidłowego rytmu zatokowego od pacjenta nr 100.

## 5.6. Przedstawienie uzyskanych wyników

W niniejszej sekcji zostaną zaprezentowane szczegółowe wyniki dotyczące poszczególnych przeprowadzonych eksperymentów. Dla każdego eksperymentu zostanie przedstawiona tabela z wynikami wraz z wykresami prezentującymi ich porównanie oraz macierzą pomyłek i wykresami z obliczonymi współczynnikami dla najlepszego rozwiązania. Na końcu rozdziału przedstawiono tabele zbiorcze z porównaniem wyników i zastosowanych metod dla wszystkich eksperymentów.

We wszystkich tabelach, najważniejsze współczynniki, zaznaczono pogrubionym tekstem, natomiast najlepsze wartości poszczególnych współczynników zaznaczono kolorem zielonym, a najgorsze czerwonym.

### 5.6.1. Eksperyment nr 1 - Podstawowa analiza sygnału EKG

W niniejszej sekcji zostały przedstawione wyniki uzyskane w ramach eksperymentu nr 1, opisanego w sekcji: 4.1. W tabeli nr 5.1 przedstawiono szczegółowe wyniki dotyczące: 4 klasyfikatorów (SVM, kNN, PNN i RBFNN), 3 rodzajów przetwarzania wstępnego sygnału (brak normalizacji, przeskalowanie + redukcja składowej stałej, standaryzacja) oraz 3 rodzajów ekstrakcji cech (3 szerokości okna Hamminga = 128, 256 i 512 próbek). Przedstawione wyniki dotyczą jednego wariantu walidacji krzyżowej - 4-krotnego sprawdzianu.

Dla wszystkich przypadków z tabeli nr 5.1, dla zbiorów uczących, uzyskano 100% czułość rozpoznawania dysfunkcji mięśnia sercowego (zero błędów). Współczynnik  $ERR_{sum}$  odnosi się do sumy błędów we wszystkich zbiorach testowych na 744 klasyfikacje (w zbiorach uczących, we wszystkich przypadkach, suma błędów wynosi zero).

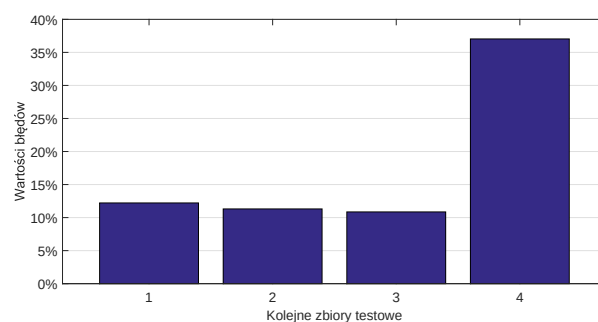
Na rysunkach nr 5.15, 5.16, 5.17 i 5.18 zostały przedstawione szczegółowe wyniki dla najlepszego klasyfikatora (przypadku) z tabeli nr 5.1 dla 4-krotnej walidacji krzyżowej. Na rysunku nr 5.15 została przedstawiona macierz pomyłek, na rysunku nr 5.16 zostały przedstawione wartości błędu procentowego dla poszczególnych zbiorów testowych z walidacji krzyżowej, na rysunku nr 5.17 zostały przedstawione wartości: sumy błędów ( $ERR$ ), skuteczności ( $ACC$ ), czułości ( $SEN$ ), specyficzności ( $SPE$ ) dla poszczególnych klas, natomiast na rysunku nr 5.18 zostało przedstawione porównanie wartości: sumy błędów ( $ERR$ ), skuteczności ( $ACC$ ), czułości ( $SEN$ ), specyficzności ( $SPE$ ) oraz współczynnika  $\kappa$  dla wariantów rozpoznawania: 17, 15 i 12 klas.

Tablica 5.1: Wyniki eksperymentu nr 1 dla 4-krotnej walidacji krzyżowej. Wszystkie współczynniki dotyczą tylko zbiorów testowych ponieważ dla zbiorów uczących suma błędów wynosi zawsze zero.

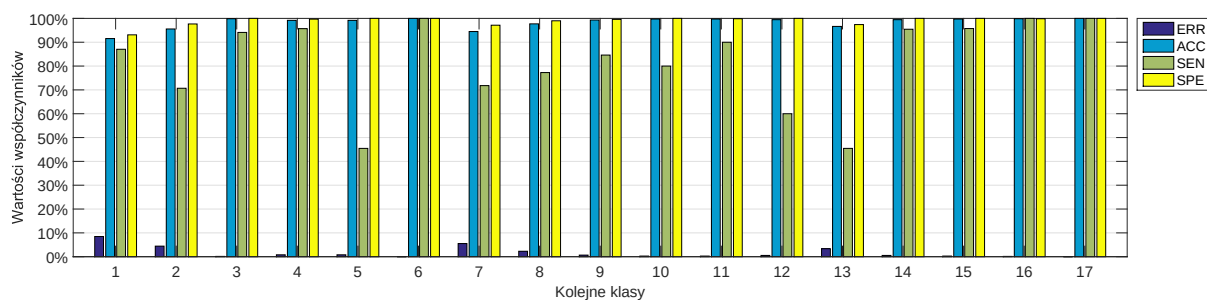
| NORMALIZACJA:                                       | SZEROKOŚĆ OKNA: | KLASYFIKATORY                                                                                                                                                                                                                             |                                                                                                                                                                                                                         |                                                                                                                                                                                                                        |                                                                                                                                                                                                                        |
|-----------------------------------------------------|-----------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|                                                     |                 | SVM                                                                                                                                                                                                                                       | kNN                                                                                                                                                                                                                     | PNN                                                                                                                                                                                                                    | RBFNN                                                                                                                                                                                                                  |
| BRAK                                                | 128 PRÓBEK      | $-g = 0.000080$<br>$-n = 0.00080$<br><b><math>ERR_{sum} = 127</math></b><br>$ACC = 97,99\%$<br><b><math>SEN = 82,93\%</math></b><br>$SPE = 98,93\%$<br>$C_t = 5.5646 [s]$<br>$C_k = 0.0020 [s]$<br>$C_o = okolo 15 [h]$                   | $exponent = 1.4$<br><b><math>ERR_{sum} = 156</math></b><br>$ACC = 97,53\%$<br><b><math>SEN = 79,03\%</math></b><br>$SPE = 98,69\%$<br>$C_t = 0.0358 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0837 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 5 [h]$ | $spread = 25$<br><b><math>ERR_{sum} = 141</math></b><br>$ACC = 97,77\%$<br><b><math>SEN = 81,05\%</math></b><br>$SPE = 98,82\%$<br>$C_t = 0.2041 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0102 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 0.5 [h]$ | $spread = 106$<br><b><math>ERR_{sum} = 128</math></b><br>$ACC = 97,98\%$<br><b><math>SEN = 82,80\%</math></b><br>$SPE = 98,92\%$<br>$C_t = 23.9851 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0088 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 1 [h]$ |
|                                                     |                 | $-g = 0.000062$<br>$-n = 0.00062$<br><b><math>ERR_{sum} = 126</math></b><br>$ACC = 98,01\%$<br><b><math>SEN = 83,06\%</math></b><br>$SPE = 98,94\%$<br>$C_t = 6.2273 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0024 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 15 [h]$ | $exponent = 1.2$<br><b><math>ERR_{sum} = 144</math></b><br>$ACC = 97,72\%$<br><b><math>SEN = 80,65\%</math></b><br>$SPE = 98,79\%$<br>$C_t = 0.0410 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0841 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 5 [h]$ | $spread = 25$<br><b><math>ERR_{sum} = 135</math></b><br>$ACC = 97,87\%$<br><b><math>SEN = 81,85\%</math></b><br>$SPE = 98,87\%$<br>$C_t = 0.1585 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0082 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 0.5 [h]$ | $spread = 95$<br><b><math>ERR_{sum} = 150</math></b><br>$ACC = 97,63\%$<br><b><math>SEN = 79,84\%</math></b><br>$SPE = 98,74\%$<br>$C_t = 23.5689 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0085 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 1 [h]$  |
|                                                     | 256 PRÓBEK      | $-g = 0.000040$<br>$-n = 0.00060$<br><b><math>ERR_{sum} = 118</math></b><br>$ACC = 98,13\%$<br><b><math>SEN = 84,14\%</math></b><br>$SPE = 99,01\%$<br>$C_t = 6.5022 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0026 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 15 [h]$ | $exponent = 1.4$<br><b><math>ERR_{sum} = 133</math></b><br>$ACC = 97,90\%$<br><b><math>SEN = 82,12\%</math></b><br>$SPE = 98,88\%$<br>$C_t = 0.0367 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0843 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 5 [h]$ | $spread = 25$<br><b><math>ERR_{sum} = 125</math></b><br>$ACC = 98,02\%$<br><b><math>SEN = 83,20\%</math></b><br>$SPE = 98,95\%$<br>$C_t = 0.1589 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0082 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 0.5 [h]$ | $spread = 106$<br><b><math>ERR_{sum} = 135</math></b><br>$ACC = 97,87\%$<br><b><math>SEN = 81,85\%</math></b><br>$SPE = 98,87\%$<br>$C_t = 24.0032 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0088 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 1 [h]$ |
|                                                     |                 | $-g = 0.000076$<br>$-n = 0.00110$<br><b><math>ERR_{sum} = 106</math></b><br>$ACC = 98,32\%$<br><b><math>SEN = 85,75\%</math></b><br>$SPE = 99,11\%$<br>$C_t = 8.2920 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0029 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 15 [h]$ | $exponent = 1.2$<br><b><math>ERR_{sum} = 124</math></b><br>$ACC = 98,04\%$<br><b><math>SEN = 83,33\%</math></b><br>$SPE = 98,96\%$<br>$C_t = 0.0352 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0835 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 5 [h]$ | $spread = 20$<br><b><math>ERR_{sum} = 123</math></b><br>$ACC = 98,06\%$<br><b><math>SEN = 83,47\%</math></b><br>$SPE = 98,97\%$<br>$C_t = 0.1525 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0083 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 0.5 [h]$ | $spread = 90$<br><b><math>ERR_{sum} = 141</math></b><br>$ACC = 97,77\%$<br><b><math>SEN = 81,05\%</math></b><br>$SPE = 98,82\%$<br>$C_t = 25.3990 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0094 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 1 [h]$  |
|                                                     | 512 PRÓBEK      | $-g = 0.000053$<br>$-n = 0.00078$<br><b><math>ERR_{sum} = 112</math></b><br>$ACC = 98,23\%$<br><b><math>SEN = 84,95\%</math></b><br>$SPE = 99,06\%$<br>$C_t = 5.7198 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0021 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 15 [h]$ | $exponent = 1.3$<br><b><math>ERR_{sum} = 126</math></b><br>$ACC = 98,01\%$<br><b><math>SEN = 83,06\%</math></b><br>$SPE = 98,94\%$<br>$C_t = 0.0348 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0833 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 5 [h]$ | $spread = 20$<br><b><math>ERR_{sum} = 118</math></b><br>$ACC = 98,13\%$<br><b><math>SEN = 84,14\%</math></b><br>$SPE = 99,01\%$<br>$C_t = 0.2060 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0096 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 0.5 [h]$ | $spread = 90$<br><b><math>ERR_{sum} = 120</math></b><br>$ACC = 98,10\%$<br><b><math>SEN = 83,87\%</math></b><br>$SPE = 98,99\%$<br>$C_t = 25.0262 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0090 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 1 [h]$  |
|                                                     |                 | $-g = 0.000039$<br>$-n = 0.00061$<br><b><math>ERR_{sum} = 111</math></b><br>$ACC = 98,24\%$<br><b><math>SEN = 85,08\%</math></b><br>$SPE = 99,07\%$<br>$C_t = 5.7402 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0022 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 15 [h]$ | $exponent = 1.2$<br><b><math>ERR_{sum} = 122</math></b><br>$ACC = 98,07\%$<br><b><math>SEN = 83,60\%</math></b><br>$SPE = 98,98\%$<br>$C_t = 0.0368 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0844 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 5 [h]$ | $spread = 30$<br><b><math>ERR_{sum} = 107</math></b><br>$ACC = 98,31\%$<br><b><math>SEN = 85,62\%</math></b><br>$SPE = 99,10\%$<br>$C_t = 0.1597 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0082 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 0.5 [h]$ | $spread = 95$<br><b><math>ERR_{sum} = 128</math></b><br>$ACC = 97,98\%$<br><b><math>SEN = 82,80\%</math></b><br>$SPE = 98,92\%$<br>$C_t = 26.5498 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0099 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 1 [h]$  |
| PRZESKALOWANIE<br>+ REDUKCJA<br>SKŁADOWEJ<br>STALEJ | 128 PRÓBEK      | $-g = 0.000075$<br>$-n = 0.00105$<br><b><math>ERR_{sum} = 128</math></b><br>$ACC = 97,98\%$<br><b><math>SEN = 82,80\%</math></b><br>$SPE = 98,92\%$<br>$C_t = 6.2786 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0023 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 15 [h]$ | $exponent = 1.1$<br><b><math>ERR_{sum} = 155</math></b><br>$ACC = 97,55\%$<br><b><math>SEN = 79,17\%</math></b><br>$SPE = 98,70\%$<br>$C_t = 0.0341 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0833 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 5 [h]$ | $spread = 26$<br><b><math>ERR_{sum} = 141</math></b><br>$ACC = 97,77\%$<br><b><math>SEN = 81,05\%</math></b><br>$SPE = 98,82\%$<br>$C_t = 0.1678 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0087 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 0.5 [h]$ | $spread = 90$<br><b><math>ERR_{sum} = 140</math></b><br>$ACC = 97,79\%$<br><b><math>SEN = 81,18\%</math></b><br>$SPE = 98,82\%$<br>$C_t = 22.9099 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0084 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 1 [h]$  |
|                                                     |                 | $-g = 0.000060$<br>$-n = 0.00080$<br><b><math>ERR_{sum} = 143</math></b><br>$ACC = 97,74\%$<br><b><math>SEN = 80,78\%</math></b><br>$SPE = 98,80\%$<br>$C_t = 6.6007 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0025 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 15 [h]$ | $exponent = 1.3$<br><b><math>ERR_{sum} = 148</math></b><br>$ACC = 97,66\%$<br><b><math>SEN = 80,11\%</math></b><br>$SPE = 98,76\%$<br>$C_t = 0.0338 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0837 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 5 [h]$ | $spread = 33$<br><b><math>ERR_{sum} = 144</math></b><br>$ACC = 97,72\%$<br><b><math>SEN = 80,65\%</math></b><br>$SPE = 98,79\%$<br>$C_t = 0.2016 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0094 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 0.5 [h]$ | $spread = 102$<br><b><math>ERR_{sum} = 145</math></b><br>$ACC = 97,71\%$<br><b><math>SEN = 80,51\%</math></b><br>$SPE = 98,78\%$<br>$C_t = 24.1502 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0088 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 1 [h]$ |
|                                                     | 256 PRÓBEK      | $-g = 0.000035$<br>$-n = 0.00075$<br><b><math>ERR_{sum} = 126</math></b><br>$ACC = 98,01\%$<br><b><math>SEN = 83,06\%</math></b><br>$SPE = 98,94\%$<br>$C_t = 5.9177 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0022 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 15 [h]$ | $exponent = 1.3$<br><b><math>ERR_{sum} = 133</math></b><br>$ACC = 97,90\%$<br><b><math>SEN = 82,12\%</math></b><br>$SPE = 98,88\%$<br>$C_t = 0.0359 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0835 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 5 [h]$ | $spread = 35$<br><b><math>ERR_{sum} = 129</math></b><br>$ACC = 97,96\%$<br><b><math>SEN = 82,66\%</math></b><br>$SPE = 98,92\%$<br>$C_t = 0.1936 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0090 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 0.5 [h]$ | $spread = 120$<br><b><math>ERR_{sum} = 138</math></b><br>$ACC = 97,82\%$<br><b><math>SEN = 81,45\%</math></b><br>$SPE = 98,84\%$<br>$C_t = 22.8812 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0085 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 1 [h]$ |
|                                                     |                 | $-g = 0.000075$<br>$-n = 0.00075$<br><b><math>ERR_{sum} = 126</math></b><br>$ACC = 98,01\%$<br><b><math>SEN = 83,06\%</math></b><br>$SPE = 98,94\%$<br>$C_t = 5.9177 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0022 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 15 [h]$ | $exponent = 1.3$<br><b><math>ERR_{sum} = 133</math></b><br>$ACC = 97,90\%$<br><b><math>SEN = 82,12\%</math></b><br>$SPE = 98,88\%$<br>$C_t = 0.0359 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0835 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 5 [h]$ | $spread = 35$<br><b><math>ERR_{sum} = 129</math></b><br>$ACC = 97,96\%$<br><b><math>SEN = 82,66\%</math></b><br>$SPE = 98,92\%$<br>$C_t = 0.1936 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0090 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 0.5 [h]$ | $spread = 120$<br><b><math>ERR_{sum} = 138</math></b><br>$ACC = 97,82\%$<br><b><math>SEN = 81,45\%</math></b><br>$SPE = 98,84\%$<br>$C_t = 22.8812 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0085 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 1 [h]$ |
|                                                     | 512 PRÓBEK      | $-g = 0.000035$<br>$-n = 0.00075$<br><b><math>ERR_{sum} = 126</math></b><br>$ACC = 98,01\%$<br><b><math>SEN = 83,06\%</math></b><br>$SPE = 98,94\%$<br>$C_t = 5.9177 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0022 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 15 [h]$ | $exponent = 1.3$<br><b><math>ERR_{sum} = 133</math></b><br>$ACC = 97,90\%$<br><b><math>SEN = 82,12\%</math></b><br>$SPE = 98,88\%$<br>$C_t = 0.0359 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0835 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 5 [h]$ | $spread = 35$<br><b><math>ERR_{sum} = 129</math></b><br>$ACC = 97,96\%$<br><b><math>SEN = 82,66\%</math></b><br>$SPE = 98,92\%$<br>$C_t = 0.1936 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0090 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 0.5 [h]$ | $spread = 120$<br><b><math>ERR_{sum} = 138</math></b><br>$ACC = 97,82\%$<br><b><math>SEN = 81,45\%</math></b><br>$SPE = 98,84\%$<br>$C_t = 22.8812 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0085 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 1 [h]$ |
|                                                     |                 | $-g = 0.000035$<br>$-n = 0.00075$<br><b><math>ERR_{sum} = 126</math></b><br>$ACC = 98,01\%$<br><b><math>SEN = 83,06\%</math></b><br>$SPE = 98,94\%$<br>$C_t = 5.9177 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0022 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 15 [h]$ | $exponent = 1.3$<br><b><math>ERR_{sum} = 133</math></b><br>$ACC = 97,90\%$<br><b><math>SEN = 82,12\%</math></b><br>$SPE = 98,88\%$<br>$C_t = 0.0359 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0835 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 5 [h]$ | $spread = 35$<br><b><math>ERR_{sum} = 129</math></b><br>$ACC = 97,96\%$<br><b><math>SEN = 82,66\%</math></b><br>$SPE = 98,92\%$<br>$C_t = 0.1936 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0090 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 0.5 [h]$ | $spread = 120$<br><b><math>ERR_{sum} = 138</math></b><br>$ACC = 97,82\%$<br><b><math>SEN = 81,45\%</math></b><br>$SPE = 98,84\%$<br>$C_t = 22.8812 [s]$<br><b><math>C_k = 0.0085 [s]</math></b><br>$C_o = okolo 1 [h]$ |

| Klasy wyjściowe - wskazane przez system klasy | 1              | 2              | 3             | 4             | 5              | 6            | 7              | 8              | 9              | 10             | 11             | 12             | 13            | 14            | 15           | 16           | 17             |       |
|-----------------------------------------------|----------------|----------------|---------------|---------------|----------------|--------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|---------------|---------------|--------------|--------------|----------------|-------|
| 1                                             | 168<br>22.6%   | 12<br>1.6%     | 0<br>0.0%     | 1<br>0.1%     | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%    | 12<br>1.6%     | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 1<br>0.1%      | 3<br>0.4%      | 2<br>0.3%     | 3<br>0.4%     | 2<br>0.3%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 81.6% |
| 2                                             | 12<br>1.6%     | 41<br>5.5%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 4<br>0.5%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 18.4% |
| 3                                             | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 16<br>2.2%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 71.9% |
| 4                                             | 0<br>0.0%      | 1<br>0.1%      | 1<br>0.1%     | 89<br>12.0%   | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 28.1% |
| 5                                             | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 5<br>0.7%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 100%  |
| 6                                             | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 21<br>2.8%   | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0.0%  |
| 7                                             | 3<br>0.4%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 3<br>0.4%     | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%    | 56<br>7.5%     | 8<br>1.1%      | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 3<br>0.4%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 74.7% |
| 8                                             | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 4<br>0.5%      | 34<br>4.6%     | 1<br>0.1%      | 2<br>0.3%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 25.3% |
| 9                                             | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 1<br>0.1%      | 11<br>1.5%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 1<br>0.1%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 82.9% |
| 10                                            | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 8<br>1.1%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 17.1% |
| 11                                            | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 9<br>1.2%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 78.6% |
| 12                                            | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 6<br>0.8%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 21.4% |
| 13                                            | 10<br>1.3%     | 4<br>0.5%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 5<br>0.7%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 5<br>0.7%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 100%  |
| 14                                            | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 84<br>11.3%   | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0.0%  |
| 15                                            | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 45<br>6.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 100%  |
| 16                                            | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 10<br>1.3%   | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 90.9% |
| 17                                            | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 30<br>4.0%   | 0<br>0.0%      | 9.1%  |
|                                               | 87.0%<br>13.0% | 70.7%<br>29.3% | 94.1%<br>5.9% | 95.7%<br>4.3% | 45.5%<br>54.5% | 100%<br>0.0% | 71.8%<br>28.2% | 84.6%<br>22.7% | 80.0%<br>15.4% | 90.0%<br>10.0% | 60.0%<br>40.0% | 45.5%<br>54.5% | 95.5%<br>4.5% | 95.7%<br>4.3% | 100%<br>0.0% | 100%<br>0.0% | 85.8%<br>14.2% |       |
|                                               | 1              | 2              | 3             | 4             | 5              | 6            | 7              | 8              | 9              | 10             | 11             | 12             | 13            | 14            | 15           | 16           | 17             |       |

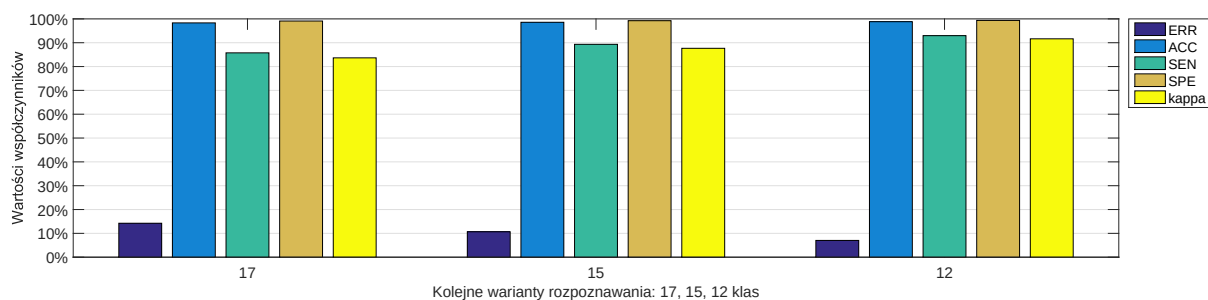
Rysunek 5.15: Macierz pomyłek.



Rysunek 5.16: Wartości błędów dla poszczególnych zbiorów testowych.



Rysunek 5.17: Porównanie wartości współczynników dla poszczególnych klas.



Rysunek 5.18: Porównanie wartości współczynników dla wariantów rozpoznawania: 17, 15 i 12 klas.

### 5.6.2. Eksperyment nr 2 - Genetyczna optymalizacja parametrów

W niniejszej sekcji zostały przedstawione wyniki uzyskane w ramach eksperymentu nr 2, opisanego w sekcji: 4.2.

W tabeli nr 5.2 przedstawiono szczegółowe wyniki dotyczące: 4 klasyfikatorów (SVM, kNN, PNN i RBFNN), 3 rodzajów przetwarzania wstępnego sygnału (brak normalizacji, przeskalowanie + redukcja składowej stałej, standaryzacja) oraz 4 rodzajów ekstrakcji cech (4 szerokości okna Hamminga = 128, 256, 512 i 1024 próbek). Przedstawione wyniki dotyczą jednego wariantu walidacji krzyżowej - **4-krotnego sprawdzianu**.

W tabeli nr 5.3 przedstawiono szczegółowe wyniki dotyczące: 4 klasyfikatorów (SVM, kNN, PNN i RBFNN), 3 rodzajów przetwarzania wstępnego sygnału (brak normalizacji, przeskalowanie + redukcja składowej stałej, standaryzacja) oraz 4 rodzajów ekstrakcji cech (4 szerokości okna Hamminga = 128, 256, 512 i 1024 próbek). Przedstawione wyniki dotyczą jednego wariantu walidacji krzyżowej - **10-krotnego sprawdzianu**.

Dla wszystkich przypadków z tabeli nr 5.2 i 5.3, dla zbiorów uczących, uzyskano 100% czułość rozpoznawania dysfunkcji mięśnia sercowego (zero błędów). Współczynnik  $ERR_{sum}$  odnosi się do sumy błędów we wszystkich zbiorach testowych na 744 klasyfikacje (w zbiorach uczących, we wszystkich przypadkach, suma błędów wynosi zero).

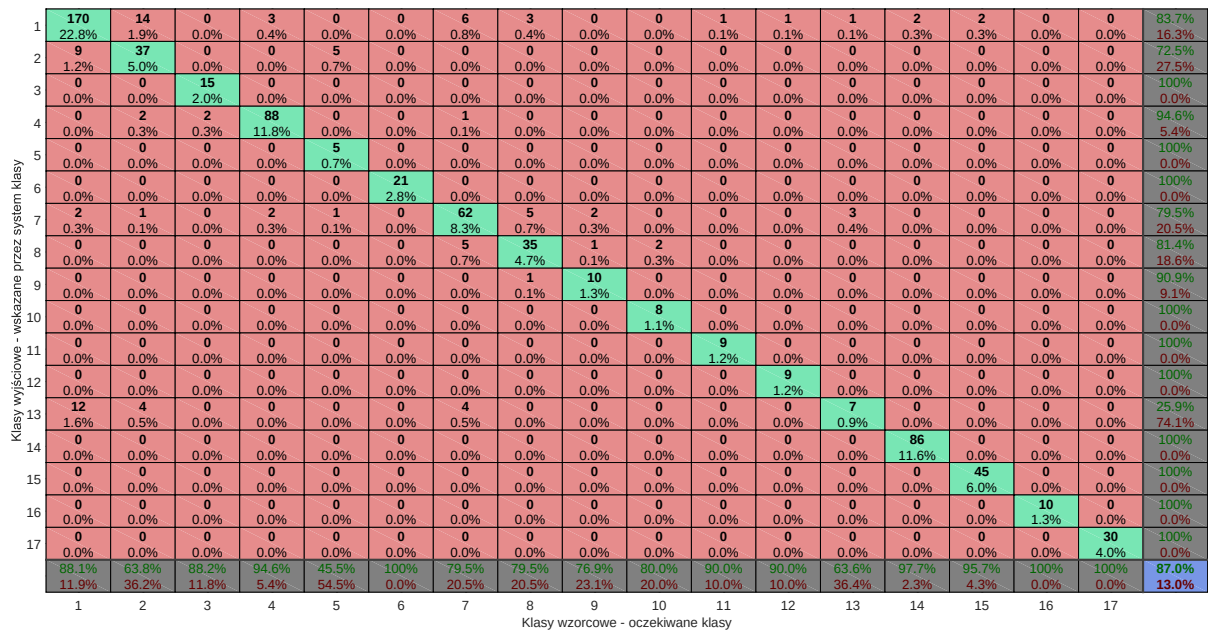
Na rysunkach nr 5.19, 5.20, 5.21 i 5.22 zostały przedstawione szczegółowe wyniki dla najlepszego klasyfikatora (przypadku) z tabeli nr 5.2 dla wariantu 4-krotnej walidacji krzyżowej. Na rysunku nr 5.19 została przedstawiona macierz pomyłek, na rysunku nr 5.20 zostały przedstawione wartości błędu procentowego dla poszczególnych zbiorów testowych z walidacji krzyżowej, na rysunku nr 5.21 zostały przedstawione wartości: sumy błędów ( $ERR$ ), skuteczności ( $ACC$ ), czułości ( $SEN$ ), specyficzności ( $SPE$ ) dla poszczególnych klas, natomiast na rysunku nr 5.22 zostało przedstawione porównanie wartości: sumy błędów ( $ERR$ ), skuteczności ( $ACC$ ), czułości ( $SEN$ ), specyficzności ( $SPE$ ) oraz współczynnika  $\kappa$  dla wariantów rozpoznawania: 17, 15 i 12 klas.

Na rysunkach nr 5.23, 5.24, 5.25 i 5.26 zostały przedstawione szczegółowe wyniki dla najlepszego klasyfikatora (przypadku) z tabeli nr 5.3 dla wariantu 10-krotnej walidacji krzyżowej. Na rysunku nr 5.23 została przedstawiona macierz pomyłek, na rysunku nr 5.24 zostały przedstawione wartości błędu procentowego dla poszczególnych zbiorów testowych z walidacji krzyżowej, na rysunku nr 5.25 zostały przedstawione wartości: sumy błędów ( $ERR$ ), skuteczności ( $ACC$ ), czułości ( $SEN$ ), specyficzności ( $SPE$ ) dla poszczególnych klas, natomiast na rysunku nr 5.26 zostało przedstawione porównanie wartości: sumy błędów ( $ERR$ ), skuteczności ( $ACC$ ), czułości ( $SEN$ ), specyficzności ( $SPE$ ) oraz współczynnika  $\kappa$  dla wariantów rozpoznawania: 17, 15 i 12 klas.

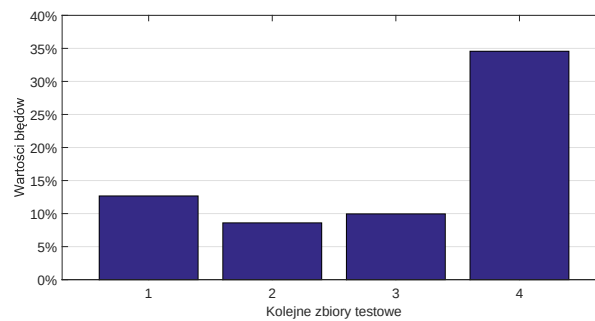
Tablica 5.2: Wyniki eksperymentu nr 2 dla 4-krotnej walidacji krzyżowej. Wszystkie współczynniki dotyczą tylko zbiorów testowych ponieważ dla zbiorów uczących suma błędów wynosi zawsze zero.

| NORMALIZACJA:                                       | SZEROKOŚĆ OKNA: | KLASYFIKATORY                                                                                                                                                                                                              |                                                                                                                                                                                                                    |                                                                                                                                                                                                                 |                                                                                                                                                                                                                     |
|-----------------------------------------------------|-----------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|                                                     |                 | SVM                                                                                                                                                                                                                        | kNN                                                                                                                                                                                                                | PNN                                                                                                                                                                                                             | RBFNN                                                                                                                                                                                                               |
| BRAK                                                | 128 PRÓBEK      | $-g = 2.82e - 5$<br>$-n = 0.0112$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 108</b><br>ACC = 98.29%<br><b>SEN = 85.48%</b><br>SPE = 99.09%<br>$\kappa = 83.42\%$<br>$C_t = 5.34$ [s]<br>$C_k = 0.0022$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{exponent} = 2.2$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 146</b><br>ACC = 97.69%<br><b>SEN = 80.38%</b><br>SPE = 98.77%<br>$\kappa = 77.67\%$<br>$C_t = 0.07$ [s]<br>$C_k = 0.0841$ [s]<br>$C_o = \text{około } 15$ [h]   | $\text{spread} = 24$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 141</b><br>ACC = 97.77%<br><b>SEN = 81.05%</b><br>SPE = 98.82%<br>$\kappa = 78.37\%$<br>$C_t = 0.1931$ [s]<br>$C_k = 0.0099$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{spread} = 106$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 128</b><br>ACC = 97.98%<br><b>SEN = 82.80%</b><br>SPE = 98.92%<br>$\kappa = 80.24\%$<br>$C_t = 33.1863$ [s]<br>$C_k = 0.0095$ [s]<br>$C_o = \text{około } 12.5$ [h] |
|                                                     |                 | $-g = 1.85e - 5$<br>$-n = 0.0066$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 116</b><br>ACC = 98.17%<br><b>SEN = 84.41%</b><br>SPE = 99.03%<br>$\kappa = 82.16\%$<br>$C_t = 7.46$ [s]<br>$C_k = 0.0033$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{exponent} = 2.0$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 136</b><br>ACC = 97.85%<br><b>SEN = 81.72%</b><br>SPE = 98.86%<br>$\kappa = 79.19\%$<br>$C_t = 0.08$ [s]<br>$C_k = 0.0021$ [s]<br>$C_o = \text{około } 15$ [h]   | $\text{spread} = 22$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 135</b><br>ACC = 97.87%<br><b>SEN = 81.85%</b><br>SPE = 98.87%<br>$\kappa = 79.31\%$<br>$C_t = 0.2326$ [s]<br>$C_k = 0.0090$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{spread} = 144$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 137</b><br>ACC = 97.83%<br><b>SEN = 81.59%</b><br>SPE = 98.85%<br>$\kappa = 78.90\%$<br>$C_t = 36.7445$ [s]<br>$C_k = 0.0088$ [s]<br>$C_o = \text{około } 12.5$ [h] |
|                                                     |                 | $-g = 2.75e - 5$<br>$-n = 0.0019$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 108</b><br>ACC = 98.29%<br><b>SEN = 85.48%</b><br>SPE = 99.09%<br>$\kappa = 83.39\%$<br>$C_t = 8.43$ [s]<br>$C_k = 0.0031$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{exponent} = 1.2$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 133</b><br>ACC = 97.90%<br><b>SEN = 82.12%</b><br>SPE = 98.88%<br>$\kappa = 79.62\%$<br>$C_t = 0.07$ [s]<br>$C_k = 0.0873$ [s]<br>$C_o = \text{około } 15$ [h]   | $\text{spread} = 30$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 125</b><br>ACC = 98.02%<br><b>SEN = 83.20%</b><br>SPE = 98.95%<br>$\kappa = 80.81\%$<br>$C_t = 0.2340$ [s]<br>$C_k = 0.0088$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{spread} = 106$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 135</b><br>ACC = 97.87%<br><b>SEN = 81.85%</b><br>SPE = 98.87%<br>$\kappa = 79.12\%$<br>$C_t = 36.2563$ [s]<br>$C_k = 0.0091$ [s]<br>$C_o = \text{około } 12.5$ [h] |
|                                                     |                 | $-g = 1.67e - 5$<br>$-n = 0.0099$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 113</b><br>ACC = 98.21%<br><b>SEN = 84.81%</b><br>SPE = 99.05%<br>$\kappa = 82.57\%$<br>$C_t = 9.62$ [s]<br>$C_k = 0.0028$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{exponent} = 1.8$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 114</b><br>ACC = 98.20%<br><b>SEN = 84.68%</b><br>SPE = 99.04%<br>$\kappa = 82.52\%$<br>$C_t = 0.08$ [s]<br>$C_k = 0.0897$ [s]<br>$C_o = \text{około } 15$ [h]   | $\text{spread} = 39$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 111</b><br>ACC = 98.24%<br><b>SEN = 85.08%</b><br>SPE = 98.24%<br>$\kappa = 82.97\%$<br>$C_t = 0.2298$ [s]<br>$C_k = 0.0088$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{spread} = 168$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 123</b><br>ACC = 98.06%<br><b>SEN = 83.47%</b><br>SPE = 98.97%<br>$\kappa = 80.95\%$<br>$C_t = 31.6933$ [s]<br>$C_k = 0.0090$ [s]<br>$C_o = \text{około } 12.5$ [h] |
|                                                     | 256 PRÓBEK      | $-g = 2.63e - 5$<br>$-n = 0.0131$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 99</b><br>ACC = 98.43%<br><b>SEN = 86.69%</b><br>SPE = 99.17%<br>$\kappa = 84.81\%$<br>$C_t = 4.95$ [s]<br>$C_k = 0.0023$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h]  | $\text{exponent} = 4.0$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 116</b><br>ACC = 98.17%<br><b>SEN = 84.41%</b><br>SPE = 99.03%<br>$\kappa = 82.27\%$<br>$C_t = 0.0338$ [s]<br>$C_k = 0.0837$ [s]<br>$C_o = \text{około } 15$ [h] | $\text{spread} = 20$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 123</b><br>ACC = 98.06%<br><b>SEN = 83.47%</b><br>SPE = 99.03%<br>$\kappa = 81.18\%$<br>$C_t = 0.2342$ [s]<br>$C_k = 0.0088$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{spread} = 270$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 116</b><br>ACC = 98.17%<br><b>SEN = 84.41%</b><br>SPE = 99.03%<br>$\kappa = 82.20\%$<br>$C_t = 35.0733$ [s]<br>$C_k = 0.0093$ [s]<br>$C_o = \text{około } 12.5$ [h] |
|                                                     |                 | $-g = 3.47e - 5$<br>$-n = 0.0200$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 104</b><br>ACC = 98.36%<br><b>SEN = 86.02%</b><br>SPE = 99.13%<br>$\kappa = 83.97\%$<br>$C_t = 7.41$ [s]<br>$C_k = 0.0026$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{exponent} = 2.8$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 112</b><br>ACC = 98.23%<br><b>SEN = 84.95%</b><br>SPE = 99.06%<br>$\kappa = 82.88\%$<br>$C_t = 0.0668$ [s]<br>$C_k = 0.0843$ [s]<br>$C_o = \text{około } 15$ [h] | $\text{spread} = 21$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 118</b><br>ACC = 98.13%<br><b>SEN = 84.14%</b><br>SPE = 99.01%<br>$\kappa = 81.94\%$<br>$C_t = 0.2274$ [s]<br>$C_k = 0.0087$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{spread} = 210$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 115</b><br>ACC = 98.18%<br><b>SEN = 84.54%</b><br>SPE = 99.03%<br>$\kappa = 82.33\%$<br>$C_t = 29.8429$ [s]<br>$C_k = 0.0089$ [s]<br>$C_o = \text{około } 12.5$ [h] |
|                                                     |                 | $-g = 1.77e - 5$<br>$-n = 0.0028$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 97</b><br>ACC = 98.47%<br><b>SEN = 86.96%</b><br>SPE = 99.19%<br>$\kappa = 85.05\%$<br>$C_t = 8.21$ [s]<br>$C_k = 0.0034$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h]  | $\text{exponent} = 2.5$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 107</b><br>ACC = 98.31%<br><b>SEN = 85.62%</b><br>SPE = 99.01%<br>$\kappa = 83.61\%$<br>$C_t = 0.0657$ [s]<br>$C_k = 0.0835$ [s]<br>$C_o = \text{około } 15$ [h] | $\text{spread} = 31$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 107</b><br>ACC = 98.31%<br><b>SEN = 85.62%</b><br>SPE = 99.10%<br>$\kappa = 83.61\%$<br>$C_t = 0.2592$ [s]<br>$C_k = 0.0097$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{spread} = 240$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 108</b><br>ACC = 98.29%<br><b>SEN = 85.48%</b><br>SPE = 99.09%<br>$\kappa = 83.37\%$<br>$C_t = 36.8604$ [s]<br>$C_k = 0.0099$ [s]<br>$C_o = \text{około } 12.5$ [h] |
|                                                     |                 | $-g = 6.97e - 6$<br>$-n = 0.0073$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 106</b><br>ACC = 98.32%<br><b>SEN = 85.75%</b><br>SPE = 99.11%<br>$\kappa = 83.65\%$<br>$C_t = 6.83$ [s]<br>$C_k = 0.0027$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{exponent} = 2.7$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 102</b><br>ACC = 98.39%<br><b>SEN = 86.29%</b><br>SPE = 99.14%<br>$\kappa = 84.37\%$<br>$C_t = 0.0685$ [s]<br>$C_k = 0.0840$ [s]<br>$C_o = \text{około } 15$ [h] | $\text{spread} = 40$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 98</b><br>ACC = 98.45%<br><b>SEN = 86.83%</b><br>SPE = 99.18%<br>$\kappa = 84.98\%$<br>$C_t = 0.3327$ [s]<br>$C_k = 0.0106$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h]  | $\text{spread} = 230$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 115</b><br>ACC = 98.18%<br><b>SEN = 84.54%</b><br>SPE = 99.03%<br>$\kappa = 82.20\%$<br>$C_t = 32.5783$ [s]<br>$C_k = 0.0095$ [s]<br>$C_o = \text{około } 12.5$ [h] |
| PRZESKALOWANIE<br>+ REDUKCJA<br>SKŁADOWEJ<br>STAŁEJ | 128 PRÓBEK      | $-g = 2.05e - 5$<br>$-n = 0.0111$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 116</b><br>ACC = 98.17%<br><b>SEN = 84.41%</b><br>SPE = 99.03%<br>$\kappa = 82.20\%$<br>$C_t = 5.17$ [s]<br>$C_k = 0.0024$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{exponent} = 2.8$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 150</b><br>ACC = 97.63%<br><b>SEN = 79.84%</b><br>SPE = 98.74%<br>$\kappa = 77.06\%$<br>$C_t = 0.0718$ [s]<br>$C_k = 0.0869$ [s]<br>$C_o = \text{około } 15$ [h] | $\text{spread} = 26$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 141</b><br>ACC = 97.77%<br><b>SEN = 81.05%</b><br>SPE = 98.82%<br>$\kappa = 78.43\%$<br>$C_t = 0.2359$ [s]<br>$C_k = 0.0086$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{spread} = 140$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 130</b><br>ACC = 97.94%<br><b>SEN = 82.53%</b><br>SPE = 98.91%<br>$\kappa = 79.94\%$<br>$C_t = 35.2161$ [s]<br>$C_k = 0.0095$ [s]<br>$C_o = \text{około } 12.5$ [h] |
|                                                     |                 | $-g = 9.90e - 6$<br>$-n = 0.0136$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 120</b><br>ACC = 98.11%<br><b>SEN = 80.87%</b><br>SPE = 98.99%<br>$\kappa = 81.54\%$<br>$C_t = 5.89$ [s]<br>$C_k = 0.0028$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{exponent} = 1.3$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 148</b><br>ACC = 97.66%<br><b>SEN = 80.11%</b><br>SPE = 98.76%<br>$\kappa = 77.38\%$<br>$C_t = 0.0653$ [s]<br>$C_k = 0.0870$ [s]<br>$C_o = \text{około } 15$ [h] | $\text{spread} = 33$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 144</b><br>ACC = 97.72%<br><b>SEN = 80.65%</b><br>SPE = 98.79%<br>$\kappa = 77.93\%$<br>$C_t = 0.2283$ [s]<br>$C_k = 0.0087$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{spread} = 102$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 145</b><br>ACC = 97.71%<br><b>SEN = 80.51%</b><br>SPE = 98.78%<br>$\kappa = 77.62\%$<br>$C_t = 32.0281$ [s]<br>$C_k = 0.0099$ [s]<br>$C_o = \text{około } 12.5$ [h] |
|                                                     |                 | $-g = 6.97e - 6$<br>$-n = 0.0073$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 115</b><br>ACC = 98.18%<br><b>SEN = 84.54%</b><br>SPE = 99.03%<br>$\kappa = 82.27\%$<br>$C_t = 6.64$ [s]<br>$C_k = 0.0028$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{exponent} = 1.6$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 131</b><br>ACC = 97.93%<br><b>SEN = 82.39%</b><br>SPE = 98.92%<br>$\kappa = 79.95\%$<br>$C_t = 0.0627$ [s]<br>$C_k = 0.0875$ [s]<br>$C_o = \text{około } 15$ [h] | $\text{spread} = 35$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 129</b><br>ACC = 97.96%<br><b>SEN = 82.66%</b><br>SPE = 98.92%<br>$\kappa = 80.19\%$<br>$C_t = 0.2614$ [s]<br>$C_k = 0.0093$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{spread} = 155$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 123</b><br>ACC = 98.06%<br><b>SEN = 83.47%</b><br>SPE = 98.97%<br>$\kappa = 80.83\%$<br>$C_t = 31.6308$ [s]<br>$C_k = 0.0091$ [s]<br>$C_o = \text{około } 12.5$ [h] |
|                                                     |                 | $-g = 7.28e - 6$<br>$-n = 0.0079$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 114</b><br>ACC = 98.20%<br><b>SEN = 84.68%</b><br>SPE = 99.04%<br>$\kappa = 82.40\%$<br>$C_t = 8.08$ [s]<br>$C_k = 0.0031$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{exponent} = 2.3$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 116</b><br>ACC = 98.17%<br><b>SEN = 84.41%</b><br>SPE = 99.03%<br>$\kappa = 82.23\%$<br>$C_t = 0.0733$ [s]<br>$C_k = 0.0884$ [s]<br>$C_o = \text{około } 15$ [h] | $\text{spread} = 38$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 109</b><br>ACC = 98.28%<br><b>SEN = 85.35%</b><br>SPE = 99.08%<br>$\kappa = 83.27\%$<br>$C_t = 0.2367$ [s]<br>$C_k = 0.0092$ [s]<br>$C_o = \text{około } 10$ [h] | $\text{spread} = 260$<br><b>ERR<sub>sum</sub> = 126</b><br>ACC = 98.01%<br><b>SEN = 83.06%</b><br>SPE = 98.94%<br>$\kappa = 80.56\%$<br>$C_t = 29.7987$ [s]<br>$C_k = 0.0092$ [s]<br>$C_o = \text{około } 12.5$ [h] |

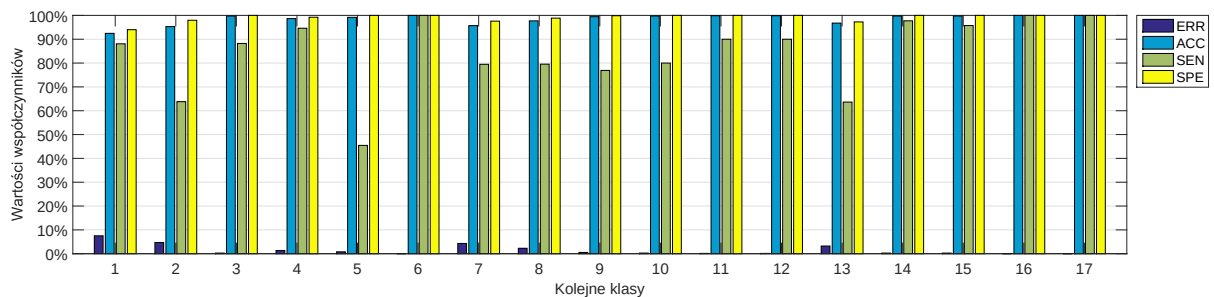




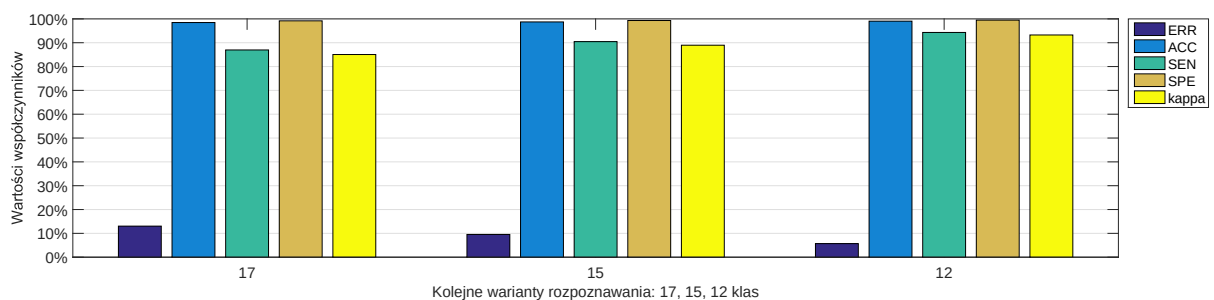
Rysunek 5.19: Macierz pomyłek.



Rysunek 5.20: Wartości błędów dla poszczególnych zbiorów testowych.



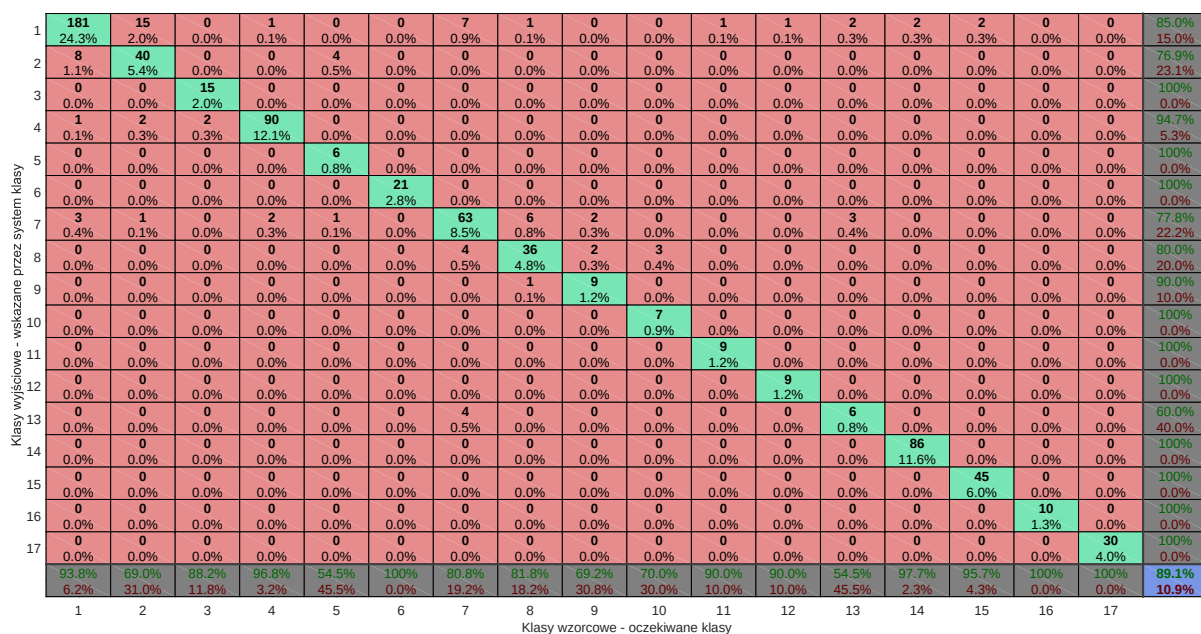
Rysunek 5.21: Porównanie wartości współczynników dla poszczególnych klas.



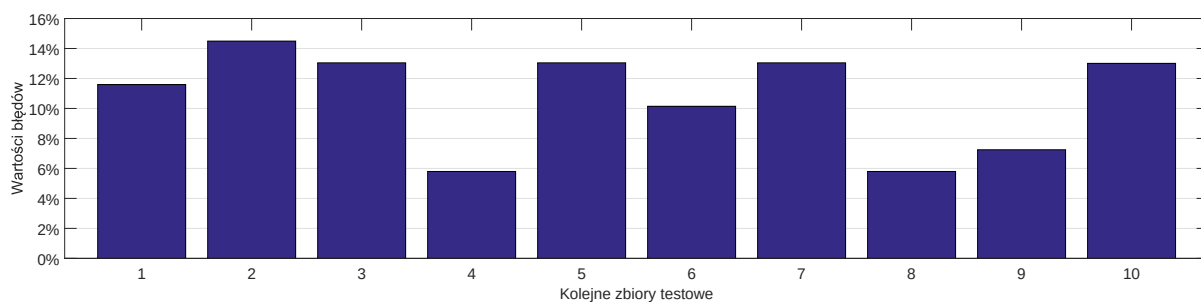
Rysunek 5.22: Porównanie wartości współczynników dla wariantów rozpoznawania: 17, 15 i 12 klas.

Tablica 5.3: Wyniki eksperymentu nr 2 dla 10-krotnej walidacji krzyżowej. Wszystkie współczynniki dotyczą tylko zbiorów testowych ponieważ dla zbiorów uczących suma błędów wynosi zawsze zero.

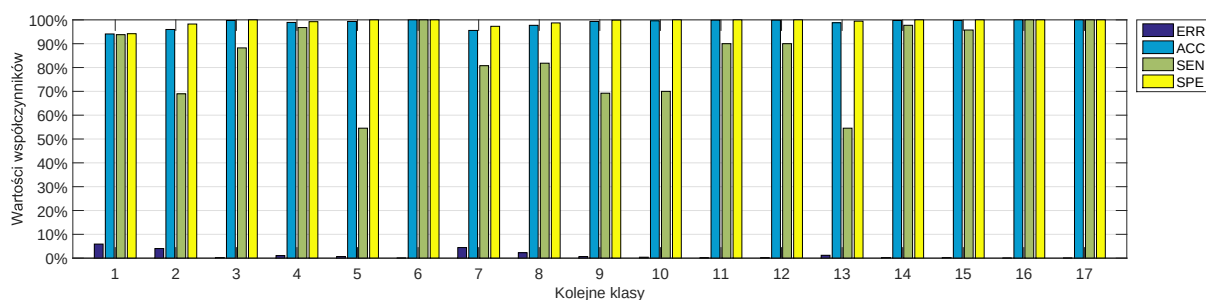
| NORMALIZACJA: | SZEROKOŚĆ OKNA: | KLASYFIKATORY                                                                                                                                                                                              |                                                                                                                                                                                          |                                                                                                                                                                                       |                                                                                                                                                                                          |
|---------------|-----------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|               |                 | SVM                                                                                                                                                                                                        | KNN                                                                                                                                                                                      | PNN                                                                                                                                                                                   | RBFNN                                                                                                                                                                                    |
| BRAK          | 128 PRÓBEK      | $-g = 4.96e - 5$<br>$-n = 0.0152$<br>$ERR_{sum} = 102$<br>$ACC = 98.39\%$<br>$SEN = 86.29\%$<br>$SPE = 99.14\%$<br>$\kappa = 84.21\%$<br>$C_t = 27.9500 [s]$<br>$C_k = 0.0036 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$ | $exponent = 2.0$<br>$ERR_{sum} = 131$<br>$ACC = 97.93\%$<br>$SEN = 82.39\%$<br>$SPE = 98.90\%$<br>$\kappa = 79.82\%$<br>$C_t = 0.1189 [s]$<br>$C_k = 0.0027 [s]$<br>$C_o = okolo 30 [h]$ | $spread = 25$<br>$ERR_{sum} = 118$<br>$ACC = 98.13\%$<br>$SEN = 84.14\%$<br>$SPE = 99.01\%$<br>$\kappa = 81.79\%$<br>$C_t = 0.4555 [s]$<br>$C_k = 0.0111 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$ | $spread = 102$<br>$ERR_{sum} = 107$<br>$ACC = 98.31\%$<br>$SEN = 85.62\%$<br>$SPE = 99.10\%$<br>$\kappa = 83.47\%$<br>$C_t = 124.7213 [s]$<br>$C_k = 0.0134 [s]$<br>$C_o = okolo 25 [h]$ |
|               |                 | $-g = 2.66e - 5$<br>$-n = 0.0019$<br>$ERR_{sum} = 99$<br>$ACC = 98.43\%$<br>$SEN = 86.69\%$<br>$SPE = 99.17\%$<br>$\kappa = 84.67\%$<br>$C_t = 17.2674 [s]$<br>$C_k = 0.0029 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$  | $exponent = 2.0$<br>$ERR_{sum} = 114$<br>$ACC = 98.20\%$<br>$SEN = 84.68\%$<br>$SPE = 99.04\%$<br>$\kappa = 82.43\%$<br>$C_t = 0.1180 [s]$<br>$C_k = 0.0029 [s]$<br>$C_o = okolo 30 [h]$ | $spread = 22$<br>$ERR_{sum} = 111$<br>$ACC = 98.24\%$<br>$SEN = 85.08\%$<br>$SPE = 99.07\%$<br>$\kappa = 82.91\%$<br>$C_t = 0.4264 [s]$<br>$C_k = 0.0112 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$ | $spread = 115$<br>$ERR_{sum} = 123$<br>$ACC = 98.06\%$<br>$SEN = 83.47\%$<br>$SPE = 98.97\%$<br>$\kappa = 80.98\%$<br>$C_t = 151.8398 [s]$<br>$C_k = 0.0132 [s]$<br>$C_o = okolo 25 [h]$ |
|               | 256 PRÓBEK      | $-g = 9.02e - 6$<br>$-n = 0.0084$<br>$ERR_{sum} = 85$<br>$ACC = 98.66\%$<br>$SEN = 88.58\%$<br>$SPE = 99.29\%$<br>$\kappa = 86.82\%$<br>$C_t = 22.7102 [s]$<br>$C_k = 0.0040 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$  | $exponent = 0.6$<br>$ERR_{sum} = 118$<br>$ACC = 98.13\%$<br>$SEN = 84.14\%$<br>$SPE = 99.01\%$<br>$\kappa = 81.79\%$<br>$C_t = 0.1254 [s]$<br>$C_k = 0.1046 [s]$<br>$C_o = okolo 30 [h]$ | $spread = 34$<br>$ERR_{sum} = 105$<br>$ACC = 98.34\%$<br>$SEN = 85.89\%$<br>$SPE = 99.12\%$<br>$\kappa = 83.81\%$<br>$C_t = 0.4916 [s]$<br>$C_k = 0.0123 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$ | $spread = 95$<br>$ERR_{sum} = 116$<br>$ACC = 98.71\%$<br>$SEN = 84.41\%$<br>$SPE = 99.03\%$<br>$\kappa = 81.95\%$<br>$C_t = 121.3481 [s]$<br>$C_k = 0.0127 [s]$<br>$C_o = okolo 25 [h]$  |
|               |                 | $-g = 7.25e - 6$<br>$-n = 0.0076$<br>$ERR_{sum} = 89$<br>$ACC = 98.59\%$<br>$SEN = 88.04\%$<br>$SPE = 99.25\%$<br>$\kappa = 86.21\%$<br>$C_t = 25.2317 [s]$<br>$C_k = 0.0038 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$  | $exponent = 1.9$<br>$ERR_{sum} = 104$<br>$ACC = 98.36\%$<br>$SEN = 86.02\%$<br>$SPE = 99.13\%$<br>$\kappa = 83.96\%$<br>$C_t = 0.1243 [s]$<br>$C_k = 0.1042 [s]$<br>$C_o = okolo 30 [h]$ | $spread = 38$<br>$ERR_{sum} = 93$<br>$ACC = 98.53\%$<br>$SEN = 87.50\%$<br>$SPE = 99.22\%$<br>$\kappa = 85.66\%$<br>$C_t = 0.4345 [s]$<br>$C_k = 0.0114 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$  | $spread = 190$<br>$ERR_{sum} = 135$<br>$ACC = 97.87\%$<br>$SEN = 81.85\%$<br>$SPE = 98.87\%$<br>$\kappa = 79.16\%$<br>$C_t = 127.0121 [s]$<br>$C_k = 0.0127 [s]$<br>$C_o = okolo 25 [h]$ |
|               | 512 PRÓBEK      | $-g = 3.03e - 5$<br>$-n = 0.0159$<br>$ERR_{sum} = 92$<br>$ACC = 98.55\%$<br>$SEN = 87.63\%$<br>$SPE = 99.23\%$<br>$\kappa = 85.80\%$<br>$C_t = 20.4817 [s]$<br>$C_k = 0.0033 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$  | $exponent = 2.8$<br>$ERR_{sum} = 99$<br>$ACC = 98.43\%$<br>$SEN = 86.69\%$<br>$SPE = 99.17\%$<br>$\kappa = 84.74\%$<br>$C_t = 0.1298 [s]$<br>$C_k = 0.1077 [s]$<br>$C_o = okolo 30 [h]$  | $spread = 17$<br>$ERR_{sum} = 103$<br>$ACC = 98.37\%$<br>$SEN = 86.16\%$<br>$SPE = 99.17\%$<br>$\kappa = 84.31\%$<br>$C_t = 0.5030 [s]$<br>$C_k = 0.0124 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$ | $spread = 108$<br>$ERR_{sum} = 101$<br>$ACC = 98.40\%$<br>$SEN = 86.42\%$<br>$SPE = 99.15\%$<br>$\kappa = 84.31\%$<br>$C_t = 108.7012 [s]$<br>$C_k = 0.0131 [s]$<br>$C_o = okolo 25 [h]$ |
|               |                 | $-g = 2.70e - 5$<br>$-n = 0.0029$<br>$ERR_{sum} = 89$<br>$ACC = 98.59\%$<br>$SEN = 88.04\%$<br>$SPE = 99.25\%$<br>$\kappa = 86.20\%$<br>$C_t = 17.8798 [s]$<br>$C_k = 0.0035 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$  | $exponent = 2.8$<br>$ERR_{sum} = 96$<br>$ACC = 98.48\%$<br>$SEN = 87.10\%$<br>$SPE = 99.19\%$<br>$\kappa = 85.21\%$<br>$C_t = 0.1312 [s]$<br>$C_k = 0.1089 [s]$<br>$C_o = okolo 30 [h]$  | $spread = 14$<br>$ERR_{sum} = 96$<br>$ACC = 98.48\%$<br>$SEN = 87.10\%$<br>$SPE = 99.19\%$<br>$\kappa = 85.22\%$<br>$C_t = 0.4580 [s]$<br>$C_k = 0.0121 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$  | $spread = 135$<br>$ERR_{sum} = 96$<br>$ACC = 98.48\%$<br>$SEN = 87.10\%$<br>$SPE = 99.19\%$<br>$\kappa = 85.15\%$<br>$C_t = 116.1922 [s]$<br>$C_k = 0.0129 [s]$<br>$C_o = okolo 25 [h]$  |
|               | 1024 PRÓBEK     | $-g = 2.04e - 5$<br>$-n = 0.0192$<br>$ERR_{sum} = 81$<br>$ACC = 98.72\%$<br>$SEN = 89.11\%$<br>$SPE = 99.32\%$<br>$\kappa = 87.46\%$<br>$C_t = 30.1079 [s]$<br>$C_k = 0.0041 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$  | $exponent = 2.5$<br>$ERR_{sum} = 97$<br>$ACC = 98.47\%$<br>$SEN = 86.96\%$<br>$SPE = 99.19\%$<br>$\kappa = 85.05\%$<br>$C_t = 0.1309 [s]$<br>$C_k = 0.1093 [s]$<br>$C_o = okolo 30 [h]$  | $spread = 31$<br>$ERR_{sum} = 91$<br>$ACC = 98.56\%$<br>$SEN = 87.77\%$<br>$SPE = 99.24\%$<br>$\kappa = 85.95\%$<br>$C_t = 0.4695 [s]$<br>$C_k = 0.0120 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$  | $spread = 225$<br>$ERR_{sum} = 92$<br>$ACC = 98.55\%$<br>$SEN = 87.63\%$<br>$SPE = 99.23\%$<br>$\kappa = 85.73\%$<br>$C_t = 115.8806 [s]$<br>$C_k = 0.0127 [s]$<br>$C_o = okolo 25 [h]$  |
|               |                 | $-g = 5.11e - 6$<br>$-n = 0.0063$<br>$ERR_{sum} = 86$<br>$ACC = 98.64\%$<br>$SEN = 88.44\%$<br>$SPE = 99.28\%$<br>$\kappa = 86.65\%$<br>$C_t = 24.6583 [s]$<br>$C_k = 0.0039 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$  | $exponent = 2.3$<br>$ERR_{sum} = 85$<br>$ACC = 98.66\%$<br>$SEN = 88.58\%$<br>$SPE = 99.29\%$<br>$\kappa = 86.92\%$<br>$C_t = 0.1280 [s]$<br>$C_k = 0.1083 [s]$<br>$C_o = okolo 30 [h]$  | $spread = 21$<br>$ERR_{sum} = 85$<br>$ACC = 98.66\%$<br>$SEN = 88.58\%$<br>$SPE = 99.29\%$<br>$\kappa = 86.91\%$<br>$C_t = 0.4455 [s]$<br>$C_k = 0.0116 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$  | $spread = 175$<br>$ERR_{sum} = 93$<br>$ACC = 98.53\%$<br>$SEN = 87.50\%$<br>$SPE = 99.22\%$<br>$\kappa = 85.51\%$<br>$C_t = 114.8290 [s]$<br>$C_k = 0.0131 [s]$<br>$C_o = okolo 25 [h]$  |
|               | 256 PRÓBEK      | $-g = 7.74e - 5$<br>$-n = 0.0027$<br>$ERR_{sum} = 104$<br>$ACC = 98.36\%$<br>$SEN = 86.02\%$<br>$SPE = 99.13\%$<br>$\kappa = 83.89\%$<br>$C_t = 23.6143 [s]$<br>$C_k = 0.0030 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$ | $exponent = 4.6$<br>$ERR_{sum} = 131$<br>$ACC = 97.93\%$<br>$SEN = 82.39\%$<br>$SPE = 98.90\%$<br>$\kappa = 79.81\%$<br>$C_t = 0.1273 [s]$<br>$C_k = 0.1073 [s]$<br>$C_o = okolo 30 [h]$ | $spread = 26$<br>$ERR_{sum} = 123$<br>$ACC = 98.06\%$<br>$SEN = 83.47\%$<br>$SPE = 99.06\%$<br>$\kappa = 81.02\%$<br>$C_t = 0.4447 [s]$<br>$C_k = 0.0118 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$ | $spread = 108$<br>$ERR_{sum} = 112$<br>$ACC = 98.39\%$<br>$SEN = 84.90\%$<br>$SPE = 99.06\%$<br>$\kappa = 82.65\%$<br>$C_t = 112.4226 [s]$<br>$C_k = 0.0125 [s]$<br>$C_o = okolo 25 [h]$ |
|               |                 | $-g = 1.25e - 5$<br>$-n = 0.0136$<br>$ERR_{sum} = 102$<br>$ACC = 98.39\%$<br>$SEN = 86.29\%$<br>$SPE = 99.14\%$<br>$\kappa = 84.21\%$<br>$C_t = 18.0890 [s]$<br>$C_k = 0.0032 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$ | $exponent = 1.1$<br>$ERR_{sum} = 132$<br>$ACC = 97.91\%$<br>$SEN = 82.26\%$<br>$SPE = 98.89\%$<br>$\kappa = 79.67\%$<br>$C_t = 0.1301 [s]$<br>$C_k = 0.1085 [s]$<br>$C_o = okolo 30 [h]$ | $spread = 35$<br>$ERR_{sum} = 131$<br>$ACC = 97.93\%$<br>$SEN = 82.39\%$<br>$SPE = 98.90\%$<br>$\kappa = 79.76\%$<br>$C_t = 0.4800 [s]$<br>$C_k = 0.0121 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$ | $spread = 110$<br>$ERR_{sum} = 117$<br>$ACC = 98.15\%$<br>$SEN = 84.27\%$<br>$SPE = 99.02\%$<br>$\kappa = 81.93\%$<br>$C_t = 115.0094 [s]$<br>$C_k = 0.0125 [s]$<br>$C_o = okolo 25 [h]$ |
|               | 512 PRÓBEK      | $-g = 7.45e - 6$<br>$-n = 0.0080$<br>$ERR_{sum} = 91$<br>$ACC = 98.56\%$<br>$SEN = 87.77\%$<br>$SPE = 99.24\%$<br>$\kappa = 85.90\%$<br>$C_t = 23.1126 [s]$<br>$C_k = 0.0039 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$  | $exponent = 1.6$<br>$ERR_{sum} = 114$<br>$ACC = 98.20\%$<br>$SEN = 84.68\%$<br>$SPE = 99.04\%$<br>$\kappa = 82.42\%$<br>$C_t = 0.1260 [s]$<br>$C_k = 0.1095 [s]$<br>$C_o = okolo 30 [h]$ | $spread = 34$<br>$ERR_{sum} = 109$<br>$ACC = 98.28\%$<br>$SEN = 85.35\%$<br>$SPE = 99.08\%$<br>$\kappa = 83.15\%$<br>$C_t = 0.5711 [s]$<br>$C_k = 0.0133 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$ | $spread = 265$<br>$ERR_{sum} = 128$<br>$ACC = 97.98\%$<br>$SEN = 82.80\%$<br>$SPE = 98.92\%$<br>$\kappa = 80.16\%$<br>$C_t = 111.9082 [s]$<br>$C_k = 0.0126 [s]$<br>$C_o = okolo 25 [h]$ |
|               |                 | $-g = 7.28e - 6$<br>$-n = 0.0066$<br>$ERR_{sum} = 87$<br>$ACC = 98.62\%$<br>$SEN = 88.31\%$<br>$SPE = 99.27\%$<br>$\kappa = 86.51\%$<br>$C_t = 26.6318 [s]$<br>$C_k = 0.0037 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$  | $exponent = 2.2$<br>$ERR_{sum} = 106$<br>$ACC = 98.32\%$<br>$SEN = 85.75\%$<br>$SPE = 99.11\%$<br>$\kappa = 83.71\%$<br>$C_t = 0.1259 [s]$<br>$C_k = 0.1092 [s]$<br>$C_o = okolo 30 [h]$ | $spread = 42$<br>$ERR_{sum} = 94$<br>$ACC = 98.51\%$<br>$SEN = 87.37\%$<br>$SPE = 99.21\%$<br>$\kappa = 85.49\%$<br>$C_t = 0.5618 [s]$<br>$C_k = 0.0129 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$  | $spread = 210$<br>$ERR_{sum} = 110$<br>$ACC = 98.26\%$<br>$SEN = 85.22\%$<br>$SPE = 99.08\%$<br>$\kappa = 82.92\%$<br>$C_t = 111.4014 [s]$<br>$C_k = 0.0124 [s]$<br>$C_o = okolo 25 [h]$ |
|               | 1024 PRÓBEK     | $-g = 7.28e - 6$<br>$-n = 0.0066$<br>$ERR_{sum} = 87$<br>$ACC = 98.62\%$<br>$SEN = 88.31\%$<br>$SPE = 99.27\%$<br>$\kappa = 86.51\%$<br>$C_t = 26.6318 [s]$<br>$C_k = 0.0037 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$  | $exponent = 2.2$<br>$ERR_{sum} = 106$<br>$ACC = 98.32\%$<br>$SEN = 85.75\%$<br>$SPE = 99.11\%$<br>$\kappa = 83.71\%$<br>$C_t = 0.1259 [s]$<br>$C_k = 0.1092 [s]$<br>$C_o = okolo 30 [h]$ | $spread = 42$<br>$ERR_{sum} = 94$<br>$ACC = 98.51\%$<br>$SEN = 87.37\%$<br>$SPE = 99.21\%$<br>$\kappa = 85.49\%$<br>$C_t = 0.5618 [s]$<br>$C_k = 0.0129 [s]$<br>$C_o = okolo 20 [h]$  | $spread = 210$<br>$ERR_{sum} = 110$<br>$ACC = 98.26\%$<br>$SEN = 85.22\%$<br>$SPE = 99.08\%$<br>$\kappa = 82.92\%$<br>$C_t = 111.4014 [s]$<br>$C_k = 0.0124 [s]$<br>$C_o = okolo 25 [h]$ |



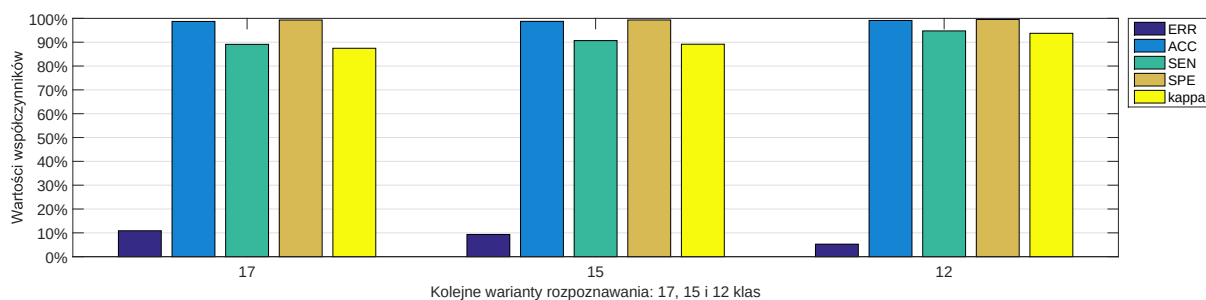
Rysunek 5.23: Macierz pomyłek.



Rysunek 5.24: Wartości błędów dla poszczególnych zbiorów testowych.



Rysunek 5.25: Porównanie wartości współczynników dla poszczególnych klas.



Rysunek 5.26: Porównanie wartości współczynników dla wariantów rozpoznawania: 17, 15 i 12 klas.

### 5.6.3. Eksperyment nr 3 - Genetyczna selekcja cech

W niniejszej sekcji zostały przedstawione wyniki uzyskane w ramach eksperymentu nr 3, opisanego w sekcji: 4.3. W tabeli nr 5.4 przedstawiono szczegółowe wyniki dotyczące: 4 klasyfikatorów (SVM, kNN, PNN i RBFNN), 3 rodzajów przetwarzania wstępnego sygnału (brak normalizacji, przeskalowanie + redukcja składowej stałej, standaryzacja) oraz 4 rodzajów ekstrakcji cech (4 szerokości okna Hamminga = 128, 256, 512 i 1024 próbek). Przedstawione wyniki dotyczą jednego wariantu walidacji krzyżowej - 10-krotnego sprawdzianu.

Dla wszystkich przypadków z tabeli nr 5.4, dla zbiorów uczących, uzyskano 100% czułość rozpoznawania dysfunkcji mięśnia sercowego (zero błędów). Współczynnik  $ERR_{sum}$  odnosi się do sumy błędów we wszystkich zbiorach testowych na 744 klasyfikacje (w zbiorach uczących, we wszystkich przypadkach, suma błędów wynosi zero).

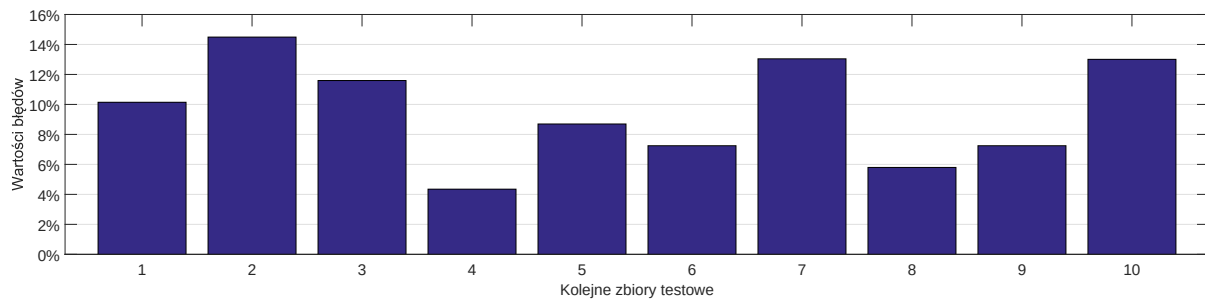
Na rysunkach nr 5.27, 5.28, 5.29 i 5.30 zostały przedstawione szczegółowe wyniki dla najlepszego klasyfikatora (przypadku) z tabeli nr 5.4 dla 10-krotnej walidacji krzyżowej. Na rysunku nr 5.27 została przedstawiona macierz pomyłek, na rysunku nr 5.28 zostały przedstawione wartości błędu procentowego dla poszczególnych zbiorów testowych z walidacji krzyżowej, na rysunku nr 5.29 zostały przedstawione wartości: sumy błędów ( $ERR$ ), skuteczności ( $ACC$ ), czułości ( $SEN$ ), specyficzności ( $SPE$ ) dla poszczególnych klas, natomiast na rysunku nr 5.30 zostało przedstawione porównanie wartości: sumy błędów ( $ERR$ ), skuteczności ( $ACC$ ), czułości ( $SEN$ ), specyficzności ( $SPE$ ) oraz współczynnika  $\kappa$  dla wariantów rozpoznawania: 17, 15 i 12 klas.

|    |               |                |                |               |                |              |                |                |                |                |                |                |                |               |               |              |              |               |
|----|---------------|----------------|----------------|---------------|----------------|--------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|---------------|---------------|--------------|--------------|---------------|
| 1  | 184<br>24.7%  | 14<br>1.9%     | 0<br>0.0%      | 1<br>0.1%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 6<br>0.8%      | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 1<br>0.1%      | 1<br>0.1%      | 1<br>0.1%      | 2<br>0.3%     | 1<br>0.1%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 86.8%         |
| 2  | 7<br>0.9%     | 42<br>5.6%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 4<br>0.5%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 1<br>0.1%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 77.8%         |
| 3  | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 15<br>2.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 100%          |
| 4  | 0<br>0.0%     | 1<br>0.1%      | 2<br>0.3%      | 90<br>12.1%   | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 95.7%         |
| 5  | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 6<br>0.8%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 100%          |
| 6  | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 21<br>2.8%   | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 95.5%         |
| 7  | 2<br>0.3%     | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%      | 2<br>0.3%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 63<br>8.5%     | 5<br>0.7%      | 2<br>0.3%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 3<br>0.4%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 80.8%         |
| 8  | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 4<br>0.5%      | 37<br>5.0%     | 1<br>0.1%      | 3<br>0.4%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 80.4%         |
| 9  | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 1<br>0.1%      | 10<br>1.3%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 19.6%         |
| 10 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 7<br>0.9%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 90.9%         |
| 11 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 9<br>1.2%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 100%          |
| 12 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 9<br>1.2%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 100%          |
| 13 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 3<br>0.4%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 7<br>0.9%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 70.0%         |
| 14 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 86<br>11.6%   | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 30.0%         |
| 15 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 45<br>6.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 100%          |
| 16 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 10<br>1.3%   | 0<br>0.0%    | 100%          |
| 17 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 30<br>4.0%   | 100%          |
|    | 95.3%<br>4.7% | 72.4%<br>27.6% | 88.2%<br>11.8% | 96.8%<br>3.2% | 54.5%<br>45.5% | 100%<br>0.0% | 80.8%<br>19.2% | 84.1%<br>15.9% | 76.9%<br>23.1% | 70.0%<br>30.0% | 90.0%<br>10.0% | 90.0%<br>10.0% | 63.6%<br>36.4% | 97.7%<br>2.3% | 95.7%<br>4.3% | 100%<br>0.0% | 100%<br>0.0% | 90.2%<br>9.8% |
|    | 1             | 2              | 3              | 4             | 5              | 6            | 7              | 8              | 9              | 10             | 11             | 12             | 13             | 14            | 15            | 16           | 17           |               |

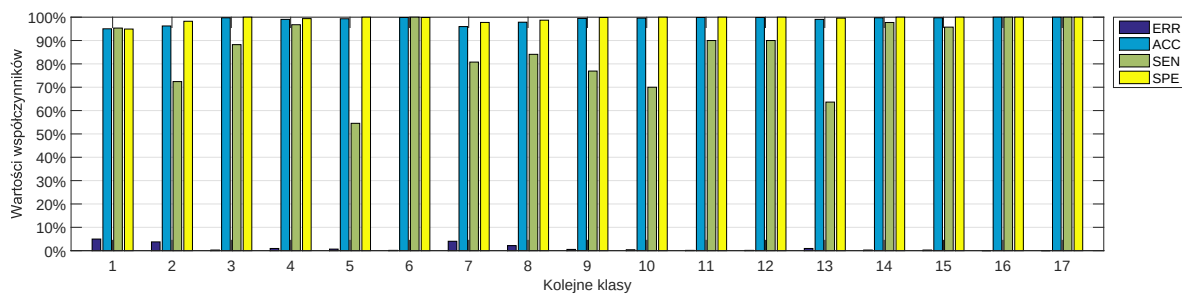
Rysunek 5.27: Macierz pomyłek.

Tablica 5.4: Wyniki eksperymentu nr 3 dla 10-krotnej walidacji krzyżowej. Wszystkie współczynniki dotyczą tylko zbiorów testowych ponieważ dla zbiorów uczących suma błędów wynosi zawsze zero.

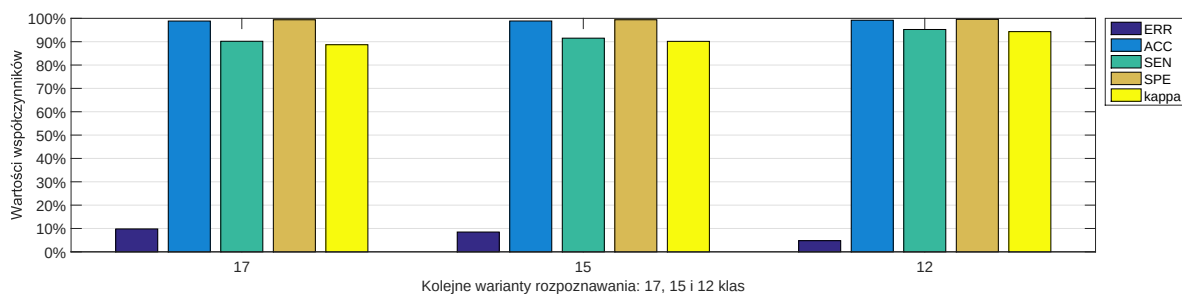
| NORMALIZACJA:                                       | SZEROKOŚĆ OKNA: | KLASYFIKATORY                                                                                                                                                                                                                                                                      |                                                                                                                                                                                                                                                                     |                                                                                                                                                                                                                                                                    |                                                                                                                                                                                                                                                                      |
|-----------------------------------------------------|-----------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|                                                     |                 | SVM                                                                                                                                                                                                                                                                                | KNN                                                                                                                                                                                                                                                                 | PNN                                                                                                                                                                                                                                                                | RBFNN                                                                                                                                                                                                                                                                |
| BRAK                                                | 128 PRÓBEK      | $-g = 9.89e-5$<br>$-n = 0.0087$<br><b><math>ERR_{sum} = 99</math></b><br>$ACC = 98.44\%$<br><b><math>SEN = 86.69\%</math></b><br>$SPE = 99.17\%$<br>$\kappa = 84.67\%$<br>$W_c = 49.29\%$<br>$C_t = 12.5594$ [s]<br>$C_k = 0.0018$ [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]                    | $exponent = 2.38$<br><b><math>ERR_{sum} = 125</math></b><br>$ACC = 98.02\%$<br><b><math>SEN = 83.20\%</math></b><br>$SPE = 98.95\%$<br>$\kappa = 80.71\%$<br>$W_c = 49.16\%$<br>$C_t = 0.1074$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0511</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 125$ [h] | $spread = 13.94$<br><b><math>ERR_{sum} = 116</math></b><br>$ACC = 98.17\%$<br><b><math>SEN = 84.41\%</math></b><br>$SPE = 99.03\%$<br>$\kappa = 82.11\%$<br>$W_c = 47.99\%$<br>$C_t = 0.4257$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0060</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h] | $spread = 70.28$<br><b><math>ERR_{sum} = 101</math></b><br>$ACC = 98.40\%$<br><b><math>SEN = 86.43\%</math></b><br>$SPE = 99.15\%$<br>$\kappa = 84.40\%$<br>$W_c = 48.76\%$<br>$C_t = 57.4693$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0080</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 115$ [h]  |
|                                                     |                 | $-g = 4.24e-5$<br>$-n = 0.0167$<br><b><math>ERR_{sum} = 98</math></b><br>$ACC = 98.45\%$<br><b><math>SEN = 86.83\%</math></b><br>$SPE = 99.18\%$<br>$\kappa = 84.84\%$<br>$W_c = 50.61\%$<br>$C_t = 11.9220$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0020</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]  | $exponent = 2.00$<br><b><math>ERR_{sum} = 109</math></b><br>$ACC = 98.28\%$<br><b><math>SEN = 86.02\%</math></b><br>$SPE = 99.08\%$<br>$\kappa = 83.20\%$<br>$W_c = 72.31\%$<br>$C_t = 0.1521$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0747</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 125$ [h] | $spread = 13.22$<br><b><math>ERR_{sum} = 104</math></b><br>$ACC = 98.36\%$<br><b><math>SEN = 86.02\%</math></b><br>$SPE = 99.13\%$<br>$\kappa = 85.03\%$<br>$W_c = 50.94\%$<br>$C_t = 0.4521$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0065</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h] | $spread = 115.96$<br><b><math>ERR_{sum} = 109</math></b><br>$ACC = 98.28\%$<br><b><math>SEN = 86.43\%</math></b><br>$SPE = 99.08\%$<br>$\kappa = 83.16\%$<br>$W_c = 50.94\%$<br>$C_t = 56.0089$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0076</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 115$ [h] |
|                                                     |                 | $-g = 3.74e-5$<br>$-n = 0.0051$<br><b><math>ERR_{sum} = 83</math></b><br>$ACC = 98.69\%$<br><b><math>SEN = 88.84\%</math></b><br>$SPE = 99.30\%$<br>$\kappa = 87.14\%$<br>$W_c = 49.24\%$<br>$C_t = 12.4013$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0020</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]  | $exponent = 3.70$<br><b><math>ERR_{sum} = 103</math></b><br>$ACC = 98.37\%$<br><b><math>SEN = 86.96\%</math></b><br>$SPE = 99.14\%$<br>$\kappa = 84.14\%$<br>$W_c = 50.04\%$<br>$C_t = 0.1074$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0518</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 125$ [h] | $spread = 20.56$<br><b><math>ERR_{sum} = 97</math></b><br>$ACC = 98.47\%$<br><b><math>SEN = 86.96\%</math></b><br>$SPE = 99.19\%$<br>$\kappa = 85.03\%$<br>$W_c = 49.09\%$<br>$C_t = 0.5083$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0061</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]  | $spread = 79.55$<br><b><math>ERR_{sum} = 97</math></b><br>$ACC = 98.47\%$<br><b><math>SEN = 87.37\%</math></b><br>$SPE = 99.19\%$<br>$\kappa = 84.99\%$<br>$W_c = 49.11\%$<br>$C_t = 46.5782$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0061</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 115$ [h]   |
|                                                     |                 | $-g = 2.08e-5$<br>$-n = 0.0122$<br><b><math>ERR_{sum} = 85</math></b><br>$ACC = 98.66\%$<br><b><math>SEN = 88.58\%</math></b><br>$SPE = 99.29\%$<br>$\kappa = 86.84\%$<br>$W_c = 48.34\%$<br>$C_t = 14.7607$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0021</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]  | $exponent = 2.95$<br><b><math>ERR_{sum} = 92</math></b><br>$ACC = 98.55\%$<br><b><math>SEN = 87.63\%</math></b><br>$SPE = 99.23\%$<br>$\kappa = 85.84\%$<br>$W_c = 49.39\%$<br>$C_t = 0.1130$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0503</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 125$ [h]  | $spread = 26.88$<br><b><math>ERR_{sum} = 83</math></b><br>$ACC = 98.69\%$<br><b><math>SEN = 87.37\%</math></b><br>$SPE = 99.30\%$<br>$\kappa = 87.19\%$<br>$W_c = 49.49\%$<br>$C_t = 0.4349$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0061</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]  | $spread = 140.02$<br><b><math>ERR_{sum} = 94</math></b><br>$ACC = 98.51\%$<br><b><math>SEN = 87.37\%</math></b><br>$SPE = 99.21\%$<br>$\kappa = 85.40\%$<br>$W_c = 50.24\%$<br>$C_t = 41.1444$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0057</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 115$ [h]  |
|                                                     | 256 PRÓBEK      | $-g = 8.04e-5$<br>$-n = 0.0114$<br><b><math>ERR_{sum} = 91</math></b><br>$ACC = 98.56\%$<br><b><math>SEN = 87.77\%</math></b><br>$SPE = 99.24\%$<br>$\kappa = 85.94\%$<br>$W_c = 46.74\%$<br>$C_t = 9.7303$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0016</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]   | $exponent = 3.35$<br><b><math>ERR_{sum} = 93</math></b><br>$ACC = 98.53\%$<br><b><math>SEN = 87.50\%</math></b><br>$SPE = 99.22\%$<br>$\kappa = 85.68\%$<br>$W_c = 48.46\%$<br>$C_t = 0.1142$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0492</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 125$ [h]  | $spread = 15.78$<br><b><math>ERR_{sum} = 98</math></b><br>$ACC = 98.53\%$<br><b><math>SEN = 86.83\%</math></b><br>$SPE = 99.18\%$<br>$\kappa = 84.89\%$<br>$W_c = 48.46\%$<br>$C_t = 0.4301$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0060</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]  | $spread = 71.94$<br><b><math>ERR_{sum} = 93</math></b><br>$ACC = 98.53\%$<br><b><math>SEN = 87.50\%</math></b><br>$SPE = 99.22\%$<br>$\kappa = 85.57\%$<br>$W_c = 49.89\%$<br>$C_t = 60.9248$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0084</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 115$ [h]   |
|                                                     |                 | $-g = 4.81e-5$<br>$-n = 0.0125$<br><b><math>ERR_{sum} = 87</math></b><br>$ACC = 98.62\%$<br><b><math>SEN = 88.31\%</math></b><br>$SPE = 99.27\%$<br>$\kappa = 86.53\%$<br>$W_c = 49.39\%$<br>$C_t = 10.6013$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0018</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]  | $exponent = 3.47$<br><b><math>ERR_{sum} = 90</math></b><br>$ACC = 98.55\%$<br><b><math>SEN = 87.90\%</math></b><br>$SPE = 99.24\%$<br>$\kappa = 86.13\%$<br>$W_c = 49.39\%$<br>$C_t = 0.1356$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0541</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 125$ [h]  | $spread = 11.19$<br><b><math>ERR_{sum} = 92</math></b><br>$ACC = 98.55\%$<br><b><math>SEN = 87.63\%</math></b><br>$SPE = 99.24\%$<br>$\kappa = 85.83\%$<br>$W_c = 49.51\%$<br>$C_t = 0.3270$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0055</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]  | $spread = 136.77$<br><b><math>ERR_{sum} = 86</math></b><br>$ACC = 98.64\%$<br><b><math>SEN = 88.44\%</math></b><br>$SPE = 99.28\%$<br>$\kappa = 86.70\%$<br>$W_c = 50.04\%$<br>$C_t = 59.0492$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0076</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 115$ [h]  |
|                                                     |                 | $-g = 2.64e-5$<br>$-n = 0.0183$<br><b><math>ERR_{sum} = 73</math></b><br>$ACC = 98.85\%$<br><b><math>SEN = 90.19\%</math></b><br>$SPE = 99.39\%$<br>$\kappa = 88.70\%$<br>$W_c = 49.09\%$<br>$C_t = 11.3537$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0018</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]  | $exponent = 3.61$<br><b><math>ERR_{sum} = 87</math></b><br>$ACC = 98.62\%$<br><b><math>SEN = 88.31\%</math></b><br>$SPE = 99.27\%$<br>$\kappa = 86.60\%$<br>$W_c = 49.59\%$<br>$C_t = 0.1192$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0597</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 125$ [h]  | $spread = 18.85$<br><b><math>ERR_{sum} = 80</math></b><br>$ACC = 98.74\%$<br><b><math>SEN = 89.25\%</math></b><br>$SPE = 99.33\%$<br>$\kappa = 87.65\%$<br>$W_c = 49.76\%$<br>$C_t = 0.3194$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0055</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]  | $spread = 117.89$<br><b><math>ERR_{sum} = 80</math></b><br>$ACC = 98.74\%$<br><b><math>SEN = 89.25\%</math></b><br>$SPE = 99.33\%$<br>$\kappa = 87.63\%$<br>$W_c = 50.81\%$<br>$C_t = 56.8192$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0076</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 115$ [h]  |
|                                                     |                 | $-g = 7.69e-6$<br>$-n = 0.0105$<br><b><math>ERR_{sum} = 74</math></b><br>$ACC = 98.83\%$<br><b><math>SEN = 90.05\%</math></b><br>$SPE = 99.38\%$<br>$\kappa = 88.53\%$<br>$W_c = 47.91\%$<br>$C_t = 10.4768$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0019</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]  | $exponent = 2.34$<br><b><math>ERR_{sum} = 79</math></b><br>$ACC = 98.78\%$<br><b><math>SEN = 89.38\%</math></b><br>$SPE = 99.34\%$<br>$\kappa = 87.84\%$<br>$W_c = 49.51\%$<br>$C_t = 0.1432$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0853</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 125$ [h]  | $spread = 20.11$<br><b><math>ERR_{sum} = 77</math></b><br>$ACC = 98.75\%$<br><b><math>SEN = 89.65\%</math></b><br>$SPE = 99.34\%$<br>$\kappa = 88.14\%$<br>$W_c = 49.51\%$<br>$C_t = 0.3316$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0055</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]  | $spread = 148.12$<br><b><math>ERR_{sum} = 79</math></b><br>$ACC = 98.75\%$<br><b><math>SEN = 89.38\%</math></b><br>$SPE = 99.34\%$<br>$\kappa = 87.73\%$<br>$W_c = 47.86\%$<br>$C_t = 54.0503$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0077</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 115$ [h]  |
| PRZESKALOWANIE<br>+ REDUKCJA<br>SKŁADOWEJ<br>STAŁEJ | 128 PRÓBEK      | $-g = 1.59e-4$<br>$-n = 0.0299$<br><b><math>ERR_{sum} = 103</math></b><br>$ACC = 98.37\%$<br><b><math>SEN = 86.16\%</math></b><br>$SPE = 99.14\%$<br>$\kappa = 84.04\%$<br>$W_c = 48.84\%$<br>$C_t = 16.9512$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0018</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h] | $exponent = 5.55$<br><b><math>ERR_{sum} = 123</math></b><br>$ACC = 98.06\%$<br><b><math>SEN = 83.47\%</math></b><br>$SPE = 98.97\%$<br>$\kappa = 81.03\%$<br>$W_c = 47.69\%$<br>$C_t = 0.1331$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0525</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 125$ [h] | $spread = 17.95$<br><b><math>ERR_{sum} = 120</math></b><br>$ACC = 98.17\%$<br><b><math>SEN = 83.87\%</math></b><br>$SPE = 98.99\%$<br>$\kappa = 81.47\%$<br>$W_c = 48.59\%$<br>$C_t = 0.3458$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0054</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h] | $spread = 88.52$<br><b><math>ERR_{sum} = 107</math></b><br>$ACC = 98.31\%$<br><b><math>SEN = 85.62\%</math></b><br>$SPE = 99.10\%$<br>$\kappa = 83.44\%$<br>$W_c = 49.34\%$<br>$C_t = 64.2180$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0089</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 115$ [h]  |
|                                                     |                 | $-g = 4.80e-5$<br>$-n = 0.0126$<br><b><math>ERR_{sum} = 97</math></b><br>$ACC = 98.47\%$<br><b><math>SEN = 86.96\%</math></b><br>$SPE = 99.19\%$<br>$\kappa = 85.02\%$<br>$W_c = 50.50\%$<br>$C_t = 9.8686$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0016</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]   | $exponent = 2.64$<br><b><math>ERR_{sum} = 122</math></b><br>$ACC = 98.07\%$<br><b><math>SEN = 83.60\%</math></b><br>$SPE = 98.98\%$<br>$\kappa = 81.22\%$<br>$W_c = 49.01\%$<br>$C_t = 0.1586$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0590</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 125$ [h] | $spread = 14.98$<br><b><math>ERR_{sum} = 121</math></b><br>$ACC = 98.09\%$<br><b><math>SEN = 83.74\%</math></b><br>$SPE = 98.98\%$<br>$\kappa = 81.33\%$<br>$W_c = 49.16\%$<br>$C_t = 0.3504$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0054</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h] | $spread = 77.97$<br><b><math>ERR_{sum} = 110</math></b><br>$ACC = 98.26\%$<br><b><math>SEN = 85.22\%</math></b><br>$SPE = 99.08\%$<br>$\kappa = 83.00\%$<br>$W_c = 49.11\%$<br>$C_t = 58.4766$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0077</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 115$ [h]  |
|                                                     |                 | $-g = 1.46e-5$<br>$-n = 0.0129$<br><b><math>ERR_{sum} = 83</math></b><br>$ACC = 98.69\%$<br><b><math>SEN = 88.84\%</math></b><br>$SPE = 99.30\%$<br>$\kappa = 87.16\%$<br>$W_c = 48.94\%$<br>$C_t = 9.2840$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0017</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]   | $exponent = 3.61$<br><b><math>ERR_{sum} = 115</math></b><br>$ACC = 98.18\%$<br><b><math>SEN = 84.54\%</math></b><br>$SPE = 99.03\%$<br>$\kappa = 82.33\%$<br>$W_c = 48.61\%$<br>$C_t = 0.1537$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0583</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 125$ [h] | $spread = 24.35$<br><b><math>ERR_{sum} = 101</math></b><br>$ACC = 98.72\%$<br><b><math>SEN = 86.43\%</math></b><br>$SPE = 99.15\%$<br>$\kappa = 84.38\%$<br>$W_c = 49.11\%$<br>$C_t = 0.3000$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0052</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h] | $spread = 193.28$<br><b><math>ERR_{sum} = 112</math></b><br>$ACC = 98.23\%$<br><b><math>SEN = 84.95\%</math></b><br>$SPE = 99.23\%$<br>$\kappa = 85.74\%$<br>$W_c = 48.64\%$<br>$C_t = 58.8405$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0077</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 115$ [h] |
|                                                     |                 | $-g = 1.59e-5$<br>$-n = 0.0202$<br><b><math>ERR_{sum} = 81</math></b><br>$ACC = 98.72\%$<br><b><math>SEN = 89.11\%</math></b><br>$SPE = 99.32\%$<br>$\kappa = 87.45\%$<br>$W_c = 48.46\%$<br>$C_t = 12.9145$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0020</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]  | $exponent = 14.08$<br><b><math>ERR_{sum} = 98</math></b><br>$ACC = 98.45\%$<br><b><math>SEN = 86.83\%</math></b><br>$SPE = 99.18\%$<br>$\kappa = 84.87\%$<br>$W_c = 51.26\%$<br>$C_t = 0.1016$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0469</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 125$ [h] | $spread = 25.90$<br><b><math>ERR_{sum} = 81</math></b><br>$ACC = 98.72\%$<br><b><math>SEN = 89.11\%</math></b><br>$SPE = 99.32\%$<br>$\kappa = 87.53\%$<br>$W_c = 48.54\%$<br>$C_t = 0.2981$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0052</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]  | $spread = 171.45$<br><b><math>ERR_{sum} = 92</math></b><br>$ACC = 98.55\%$<br><b><math>SEN = 87.63\%</math></b><br>$SPE = 99.23\%$<br>$\kappa = 85.74\%$<br>$W_c = 48.64\%$<br>$C_t = 58.0527$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0079</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 115$ [h]  |
| STANDARYZACJA                                       | 512 PRÓBEK      | $-g = 1.59e-5$<br>$-n = 0.0202$<br><b><math>ERR_{sum} = 81</math></b><br>$ACC = 98.72\%$<br><b><math>SEN = 89.11\%</math></b><br>$SPE = 99.32\%$<br>$\kappa = 87.45\%$<br>$W_c = 48.46\%$<br>$C_t = 12.9145$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0020</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]  | $exponent = 14.08$<br><b><math>ERR_{sum} = 98</math></b><br>$ACC = 98.45\%$<br><b><math>SEN = 86.83\%</math></b><br>$SPE = 99.18\%$<br>$\kappa = 84.87\%$<br>$W_c = 51.26\%$<br>$C_t = 0.1016$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0469</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 125$ [h] | $spread = 25.90$<br><b><math>ERR_{sum} = 81</math></b><br>$ACC = 98.72\%$<br><b><math>SEN = 89.11\%</math></b><br>$SPE = 99.32\%$<br>$\kappa = 87.53\%$<br>$W_c = 48.54\%$<br>$C_t = 0.2981$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0052</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]  | $spread = 171.45$<br><b><math>ERR_{sum} = 92</math></b><br>$ACC = 98.55\%$<br><b><math>SEN = 87.63\%</math></b><br>$SPE = 99.23\%$<br>$\kappa = 85.74\%$<br>$W_c = 48.64\%$<br>$C_t = 58.0527$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0079</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 115$ [h]  |
|                                                     | 1024 PRÓBEK     | $-g = 1.59e-5$<br>$-n = 0.0202$<br><b><math>ERR_{sum} = 81</math></b><br>$ACC = 98.72\%$<br><b><math>SEN = 89.11\%</math></b><br>$SPE = 99.32\%$<br>$\kappa = 87.45\%$<br>$W_c = 48.46\%$<br>$C_t = 12.9145$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0020</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]  | $exponent = 14.08$<br><b><math>ERR_{sum} = 98</math></b><br>$ACC = 98.45\%$<br><b><math>SEN = 86.83\%</math></b><br>$SPE = 99.18\%$<br>$\kappa = 84.87\%$<br>$W_c = 51.26\%$<br>$C_t = 0.1016$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0469</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 125$ [h] | $spread = 25.90$<br><b><math>ERR_{sum} = 81</math></b><br>$ACC = 98.72\%$<br><b><math>SEN = 89.11\%</math></b><br>$SPE = 99.32\%$<br>$\kappa = 87.53\%$<br>$W_c = 48.54\%$<br>$C_t = 0.2981$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0052</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 100$ [h]  | $spread = 171.45$<br><b><math>ERR_{sum} = 92</math></b><br>$ACC = 98.55\%$<br><b><math>SEN = 87.63\%</math></b><br>$SPE = 99.23\%$<br>$\kappa = 85.74\%$<br>$W_c = 48.64\%$<br>$C_t = 58.0527$ [s]<br><b><math>C_k = 0.0079</math></b> [s]<br>$C_o = okolo 115$ [h]  |



Rysunek 5.28: Wartości błędów dla poszczególnych zbiorów testowych.



Rysunek 5.29: Porównanie wartości współczynników dla poszczególnych klas.



Rysunek 5.30: Porównanie wartości współczynników dla wariantów rozpoznawania: 17, 15 i 12 klas.

#### 5.6.4. Eksperyment nr 4 - Genetyczny zespół klasyfikatorów optymalizowanych po klasach

W niniejszej sekcji zostały przedstawione wyniki uzyskane w ramach eksperymentu nr 4, opisanego w sekcji: 4.4. W tabeli nr 5.5 przedstawiono szczegółowe wyniki dotyczące: 17 klasyfikatorów SVM (nu-SVC, RBF) z pierwszej warstwy i 1 klasyfikatora SVM (C-SVC, liniowy) z drugiej warstwy dla 1 rodzaju przetwarzania wstępnego sygnału: przeskalowanie + redukcja składowej stałej oraz 1 rodzaju ekstrakcji cech 1 szerokość okna Hamminga = 512 próbek. Przedstawione wyniki dotyczą jednego wariantu walidacji krzyżowej - 10-krotnego sprawdzianu. Współczynnik  $ERR_U$  - informuje o sumie błędów we wszystkich zbiorach uczących, natomiast współczynnik  $ERR_P$  - informuje o sumie błędów dla priorytetowej klasy, przy założeniu, że dla priorytetowej klasy suma błędów w zbiorach uczących była równa 0.

Tablica 5.5: Wyniki eksperymentu nr 4 dla 10-krotnej walidacji krzyżowej. Współczynnik  $ERR_U$  - informuje o sumie błędów we wszystkich zbiorach uczących, natomiast współczynnik  $ERR_P$  - informuje o sumie błędów dla priorytetowej klasy.

| KLASYFIKATORY                                                                                | WSPÓŁCZYNNIKI |        |         |         |             |        |        |        |          |        |              |             |                |
|----------------------------------------------------------------------------------------------|---------------|--------|---------|---------|-------------|--------|--------|--------|----------|--------|--------------|-------------|----------------|
|                                                                                              | $-g$          | $-n$   | $ERR_U$ | $ERR_P$ | $ERR_{sum}$ | $ACC$  | $SEN$  | $SPE$  | $\kappa$ | $W_c$  | $C_t$        | $C_k$       | $C_o$          |
| 1 WARSTWA ZESPOŁU - 17 KLASYFIKATORÓW SVM (NU-SVC, RBF) ODPOWIADAJĄCYCH 17 KLASOM - EKSPERCI |               |        |         |         |             |        |        |        |          |        |              |             |                |
| $SVM_1$                                                                                      | $1.37e-5$     | 0.0213 | 0       | 34      | 75          | 98.81% | 89.92% | 99.37% | 88.39%   | 49.64% | 9.5704 [s]   | 0.0017 [s]  | około 100 [h]  |
| $SVM_2$                                                                                      | $4.97e-5$     | 0.0253 | 0       | 27      | 75          | 98.81% | 89.92% | 99.37% | 88.38%   | 48.81% | 14.1858 [s]  | 0.0019 [s]  | około 100 [h]  |
| $SVM_3$                                                                                      | $5.17e-5$     | 0.0250 | 0       | 1       | 74          | 98.83% | 90.05% | 99.38% | 88.54%   | 46.74% | 13.2816 [s]  | 0.0019 [s]  | około 100 [h]  |
| $SVM_4$                                                                                      | $4.32e-5$     | 0.0149 | 0       | 5       | 74          | 98.83% | 90.05% | 99.38% | 88.54%   | 48.19% | 12.3993 [s]  | 0.0019 [s]  | około 100 [h]  |
| $SVM_5$                                                                                      | $4.01e-5$     | 0.0200 | 0       | 5       | 77          | 98.78% | 89.65% | 99.35% | 88.07%   | 48.56% | 12.2145 [s]  | 0.0019 [s]  | około 100 [h]  |
| $SVM_6$                                                                                      | $4.38e-5$     | 0.0142 | 0       | 0       | 78          | 98.77% | 89.52% | 99.35% | 87.91%   | 49.61% | 13.3080 [s]  | 0.0019 [s]  | około 100 [h]  |
| $SVM_7$                                                                                      | $2.21e-5$     | 0.0240 | 1       | 26      | 77          | 98.78% | 89.65% | 99.35% | 88.08%   | 48.96% | 10.2691 [s]  | 0.0017 [s]  | około 100 [h]  |
| $SVM_8$                                                                                      | $4.14e-5$     | 0.0242 | 0       | 15      | 79          | 98.75% | 89.38% | 99.34% | 87.76%   | 49.59% | 12.8321 [s]  | 0.0019 [s]  | około 100 [h]  |
| $SVM_9$                                                                                      | $1.46e-5$     | 0.0051 | 0       | 3       | 78          | 98.77% | 89.52% | 99.35% | 87.93%   | 50.04% | 8.6842 [s]   | 0.0017 [s]  | około 100 [h]  |
| $SVM_{10}$                                                                                   | $5.54e-5$     | 0.0187 | 0       | 2       | 79          | 98.75% | 89.38% | 99.34% | 87.75%   | 49.44% | 14.7380 [s]  | 0.0020 [s]  | około 100 [h]  |
| $SVM_{11}$                                                                                   | $9.29e-5$     | 0.0201 | 0       | 0       | 77          | 98.78% | 89.65% | 99.35% | 88.07%   | 49.36% | 9.2320 [s]   | 0.0017 [s]  | około 100 [h]  |
| $SVM_{12}$                                                                                   | $5.40e-5$     | 0.0112 | 0       | 1       | 77          | 98.78% | 89.65% | 99.35% | 88.07%   | 48.04% | 13.2559 [s]  | 0.0018 [s]  | około 100 [h]  |
| $SVM_{13}$                                                                                   | $2.64e-5$     | 0.0183 | 0       | 7       | 73          | 98.85% | 90.19% | 99.39% | 88.70%   | 49.09% | 11.3613 [s]  | 0.0021 [s]  | około 100 [h]  |
| $SVM_{14}$                                                                                   | $1.35e-5$     | 0.0178 | 0       | 1       | 78          | 98.77% | 89.52% | 99.35% | 87.92%   | 49.54% | 10.9933 [s]  | 0.0019 [s]  | około 100 [h]  |
| $SVM_{15}$                                                                                   | $3.76e-5$     | 0.0255 | 0       | 2       | 75          | 98.81% | 89.92% | 99.37% | 88.39%   | 49.21% | 13.4814 [s]  | 0.0021 [s]  | około 100 [h]  |
| $SVM_{16}$                                                                                   | $4.62e-5$     | 0.0254 | 0       | 0       | 75          | 98.81% | 89.92% | 99.37% | 88.38%   | 48.89% | 15.0099 [s]  | 0.0020 [s]  | około 100 [h]  |
| $SVM_{17}$                                                                                   | $3.44e-5$     | 0.0163 | 0       | 0       | 75          | 98.81% | 89.92% | 99.37% | 88.39%   | 48.01% | 12.4855 [s]  | 0.0020 [s]  | około 100 [h]  |
| 2 WARSTWA ZESPOŁU - 1 KLASYFIKATOR SVM (C-SVC, LINIOWY) - SĘDZIA                             |               |        |         |         |             |        |        |        |          |        |              |             |                |
| $SVM_{18}$                                                                                   | -             | -      | 0       | -       | 65          | 98.97% | 91.26% | 99.45% | 89.95%   | 7.61%  | 0.0380 [s]   | 4.79e-6 [s] | około 1 [h]    |
| PODSUMOWANIE                                                                                 |               |        |         |         |             |        |        |        |          |        |              |             |                |
| ZESPÓŁ                                                                                       | -             | -      | 0       | -       | 65          | 98.97% | 91.26% | 99.45% | 89.95%   | 46.63% | 207.3403 [s] | 0.0321 [s]  | około 70 [dni] |

Na rysunkach nr 5.31, 5.32, 5.33 i 5.34 zostały przedstawione szczegółowe wyniki dla całego zespołu klasyfikatorów z tabeli nr 5.5 dla 10-krotnej walidacji krzyżowej. Na rysunku nr 5.31 została przedstawiona macierz pomyłek, na rysunku nr 5.32 zostały przedstawione wartości błędu procentowego dla poszczególnych zbiorów testowych z walidacji krzyżowej, na rysunku nr 5.33 zostały przedstawione wartości: sumy błędów ( $ERR$ ), skuteczności ( $ACC$ ), czułości ( $SEN$ ), specyficzności ( $SPE$ ) dla poszczególnych klas, natomiast na rysunku nr 5.34 zostało przedstawione porównanie wartości: sumy błędów

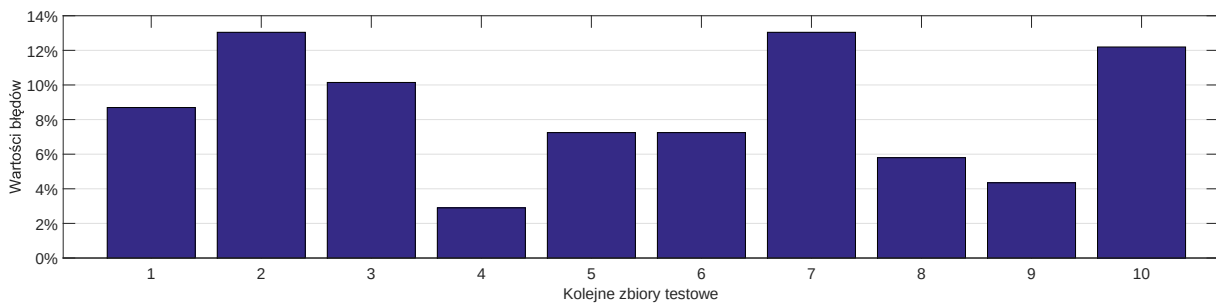


dów (*ERR*), skuteczności (*ACC*), czułości (*SEN*), specyficzności (*SPE*) oraz współczynnika  $\kappa$  dla wariantów rozpoznawania: 17, 15 i 12 klas.

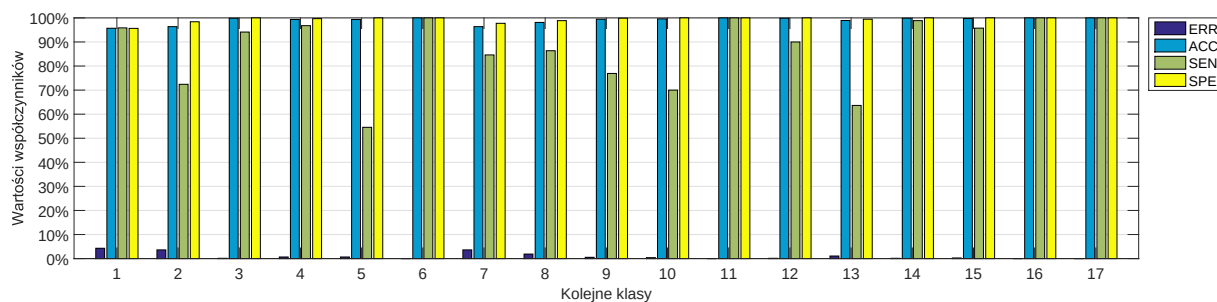
Na rysunku nr 5.35 została przedstawiona wizualizacja efektów selekcji cech (dla 2 warstwy zespołu) poprzez przedstawienie pozostawionych cech (odpowiedzi klasyfikatorów) - czerwone punkty. Przerywaną czarną linią odseparowano głosy (odpowiedzi) poszczególnych 17 klasyfikatorów (ekspertów).

|    |       |       |       |       |       |      |       |       |       |       |      |       |       |       |       |      |      |       |
|----|-------|-------|-------|-------|-------|------|-------|-------|-------|-------|------|-------|-------|-------|-------|------|------|-------|
| 1  | 185   | 14    | 0     | 1     | 0     | 0    | 4     | 1     | 0     | 0     | 0    | 1     | 1     | 1     | 1     | 0    | 0    | 88.5% |
| 2  | 6     | 42    | 0     | 0     | 4     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 1     | 0    | 0    | 79.2% |
| 3  | 0     | 0     | 16    | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 100%  |
| 4  | 0     | 1     | 1     | 90    | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 97.8% |
| 5  | 0     | 0     | 0     | 0     | 6     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 100%  |
| 6  | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 21   | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 100%  |
| 7  | 2     | 1     | 0     | 2     | 1     | 0    | 66    | 4     | 2     | 0     | 0    | 3     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 81.5% |
| 8  | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 4     | 38    | 1     | 3     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 82.6% |
| 9  | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 1     | 10    | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 90.9% |
| 10 | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 7     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 100%  |
| 11 | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 10    | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 100%  |
| 12 | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 9    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 100%  |
| 13 | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 4     | 0     | 0     | 0     | 0    | 7     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 63.6% |
| 14 | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 87    | 0     | 0     | 0    | 0    | 100%  |
| 15 | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 45    | 0     | 0    | 0    | 100%  |
| 16 | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 10    | 0    | 0    | 100%  |
| 17 | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 30   | 0    | 100%  |
|    | 95.9% | 72.4% | 94.1% | 96.8% | 54.5% | 100% | 84.6% | 86.4% | 76.9% | 70.0% | 100% | 90.0% | 63.6% | 98.9% | 95.7% | 100% | 100% | 91.3% |
|    | 4.1%  | 27.6% | 5.9%  | 3.2%  | 45.5% | 0.0% | 15.4% | 13.6% | 23.1% | 30.0% | 0.0% | 10.0% | 36.4% | 1.1%  | 4.3%  | 0.0% | 0.0% | 8.7%  |
|    | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6    | 7     | 8     | 9     | 10    | 11   | 12    | 13    | 14    | 15    | 16   | 17   |       |

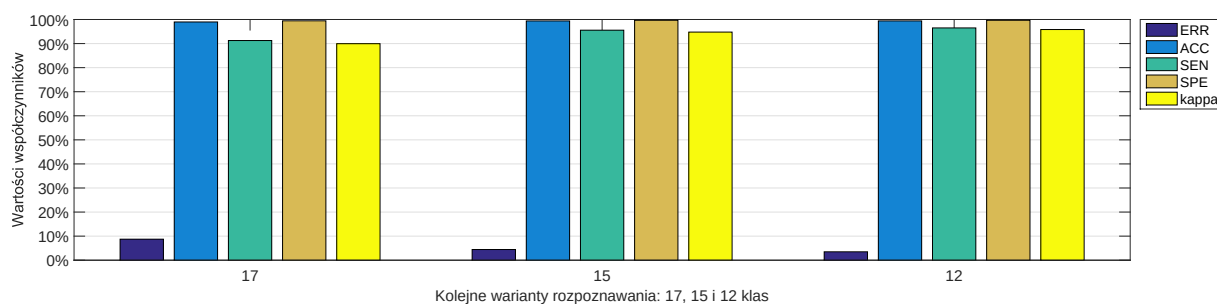
Rysunek 5.31: Macierz pomyłek.



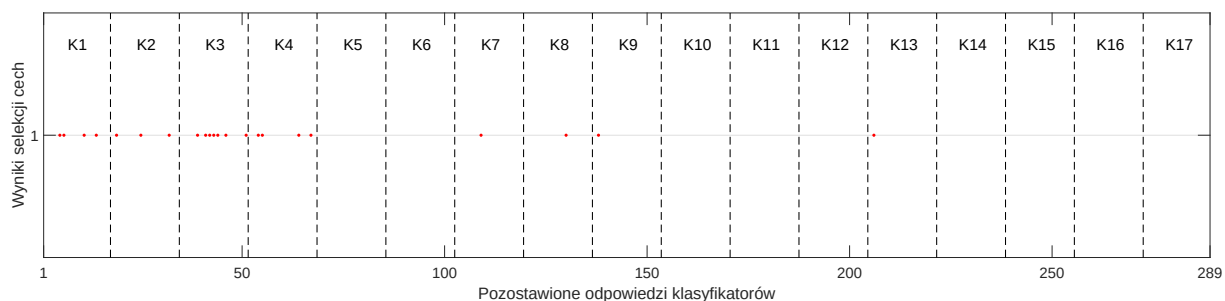
Rysunek 5.32: Wartości błędów dla poszczególnych zbiorów testowych.



Rysunek 5.33: Porównanie wartości współczynników dla poszczególnych klas.



Rysunek 5.34: Porównanie wartości współczynników dla wariantów rozpoznawania: 17, 15 i 12 klas.



Rysunek 5.35: Wizualizacja selekcji cech dla 2 warstwy zespołu - pozostawione odpowiedzi klasyfikatorów (głosy ekspertów).

### 5.6.5. Eksperyment nr 5 - Genetyczny zespół klasyfikatorów optymalizowanych po zestawach zbiorów

W niniejszej sekcji zostały przedstawione wyniki uzyskane w ramach eksperymentu nr 5, opisanego w sekcji: 4.5. W tabeli nr 5.6 przedstawiono szczegółowe wyniki dotyczące: 10 klasyfikatorów SVM (nu-SVC, RBF) z pierwszej warstwy i 1 klasyfikatora SVM (C-SVC, liniowy) z drugiej warstwy dla 1 rodzaju przetwarzania wstępnego sygnału: przeskalowanie + redukcja składowej stałej oraz 1 rodzaju ekstrakcji cech: szerokość okna Hamminga = 512 próbek. Przedstawione wyniki dotyczą jednego wariantu walidacji krzyżowej - 10-krotnego sprawdzianu. Współczynnik  $ERR_U$  - informuje o sumie błędów we wszystkich zbiorach uczących, współczynnik  $ERR_P$  - informuje o sumie błędów w priorytetowym zbiorze testowym, natomiast współczynnik  $ERR_{P\%}$  - informuje o błędzie procentowym w priorytetowym zbiorze testowym, przy założeniu, że w priorytetowym zbiorze uczącym suma błędów jest równa 0.

Tablica 5.6: Wyniki eksperymentu nr 5 dla 10-krotnej walidacji krzyżowej. Współczynnik  $ERR_U$  - informuje o sumie błędów we wszystkich zbiorach uczących, współczynnik  $ERR_P$  - informuje o sumie błędów w priorytetowym zbiorze testowym, natomiast współczynnik  $ERR_{P\%}$  - informuje o błędzie procentowym w priorytetowym zbiorze testowym.

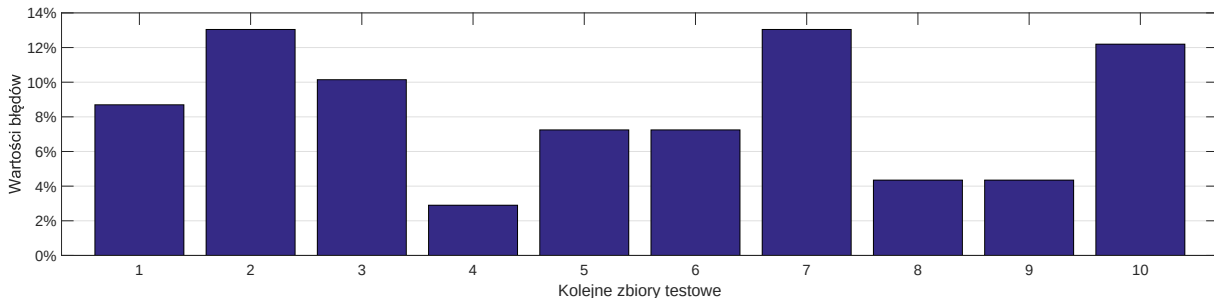
| KLASYFIKATORY                                                                                | WSPÓŁCZYNNIKI |        |         |         |             |             |        |        |        |          |        |              |               |                       |
|----------------------------------------------------------------------------------------------|---------------|--------|---------|---------|-------------|-------------|--------|--------|--------|----------|--------|--------------|---------------|-----------------------|
|                                                                                              | $-g$          | $-n$   | $ERR_U$ | $ERR_P$ | $ERR_{P\%}$ | $ERR_{sum}$ | $ACC$  | $SEN$  | $SPE$  | $\kappa$ | $W_c$  | $C_t$        | $C_k$         | $C_o$                 |
| 1 WARSTWA ZESPOŁU - 17 KLASYFIKATORÓW SVM (NU-SVC, RBF) ODPOWIADAJĄCYCH 17 KLASOM - EKSPERCI |               |        |         |         |             |             |        |        |        |          |        |              |               |                       |
| $SVM_1$                                                                                      | $1.61e-5$     | 0.0078 | 0       | 6/69    | 8.70%       | 83          | 98.69% | 88.84% | 99.30% | 87.14%   | 48.79% | 9.5868 [s]   | 0.0019 [s]    | <i>około</i> 100 [h]  |
| $SVM_2$                                                                                      | $9.03e-6$     | 0.0196 | 0       | 7/69    | 10.15%      | 79          | 98.75% | 89.38% | 99.34% | 87.77%   | 48.94% | 9.5183 [s]   | 0.0017 [s]    | <i>około</i> 100 [h]  |
| $SVM_3$                                                                                      | $2.81e-5$     | 0.0112 | 0       | 7/69    | 10.15%      | 73          | 98.85% | 90.19% | 99.39% | 88.70%   | 49.64% | 11.1354 [s]  | 0.0019 [s]    | <i>około</i> 100 [h]  |
| $SVM_4$                                                                                      | $5.64e-5$     | 0.0118 | 0       | 2/69    | 2.06%       | 78          | 98.77% | 89.52% | 99.35% | 87.91%   | 47.94% | 14.1601 [s]  | 0.0019 [s]    | <i>około</i> 100 [h]  |
| $SVM_5$                                                                                      | $8.53e-6$     | 0.0091 | 0       | 5/69    | 7.25%       | 80          | 98.74% | 89.25% | 99.33% | 87.60%   | 48.24% | 8.6126 [s]   | 0.0017 [s]    | <i>około</i> 100 [h]  |
| $SVM_6$                                                                                      | $3.09e-5$     | 0.0185 | 0       | 5/69    | 7.25%       | 76          | 98.80% | 89.79% | 99.36% | 88.24%   | 50.21% | 12.6103 [s]  | 0.0020 [s]    | <i>około</i> 100 [h]  |
| $SVM_7$                                                                                      | $3.43e-5$     | 0.0119 | 0       | 9/69    | 13.04%      | 78          | 98.77% | 89.52% | 99.35% | 87.93%   | 48.14% | 11.7691 [s]  | 0.0019 [s]    | <i>około</i> 100 [h]  |
| $SVM_8$                                                                                      | $4.22e-5$     | 0.0096 | 0       | 4/69    | 5.80%       | 75          | 98.81% | 89.92% | 99.37% | 88.38%   | 48.34% | 12.9232 [s]  | 0.0019 [s]    | <i>około</i> 100 [h]  |
| $SVM_9$                                                                                      | $4.60e-5$     | 0.0201 | 0       | 5/69    | 7.25%       | 74          | 98.83% | 90.05% | 99.38% | 88.54%   | 49.31% | 13.8194 [s]  | 0.0019 [s]    | <i>około</i> 100 [h]  |
| $SVM_{10}$                                                                                   | $3.33e-5$     | 0.0129 | 0       | 15/123  | 12.20%      | 74          | 98.83% | 90.05% | 99.38% | 88.54%   | 48.89% | 11.7098 [s]  | 0.0018 [s]    | <i>około</i> 100 [h]  |
| 2 WARSTWA ZESPOŁU - 1 KLASYFIKATOR SVM (C-SVC, LINIOWY) - SĘDZIA                             |               |        |         |         |             |             |        |        |        |          |        |              |               |                       |
| $SVM_{11}$                                                                                   | –             | –      | 0       | –       | –           | 64          | 98.99% | 91.40% | 99.46% | 90.10%   | 22.35% | 0.0335 [s]   | $4.52e-6$ [s] | <i>około</i> 1 [h]    |
| PODSUMOWANIE                                                                                 |               |        |         |         |             |             |        |        |        |          |        |              |               |                       |
| ZESPÓŁ                                                                                       | –             | –      | 0       | –       | –           | 64          | 98.99% | 91.40% | 99.46% | 90.10%   | 46.44% | 115.8450 [s] | 0.0186 [s]    | <i>około</i> 40 [dni] |

Na rysunkach nr 5.36, 5.37, 5.38 i 5.39 zostały przedstawione szczegółowe wyniki dla całego zespołu klasyfikatorów z tabeli nr 5.6 dla 10-krotnej walidacji krzyżowej. Na rysunku nr 5.36 została przedstawiona macierz pomyłek, na rysunku nr 5.37 zostały przedstawione wartości błędu procentowego dla poszczególnych zbiorów testowych z walidacji krzyżowej, na rysunku nr 5.38 zostały przedstawione wartości: sumy błędów ( $ERR$ ), skuteczności ( $ACC$ ), czułości ( $SEN$ ), specyficzności ( $SPE$ ) dla poszczególnych klas, natomiast na rysunku nr 5.39 zostało przedstawione porównanie wartości: sumy błędów ( $ERR$ ), skuteczności ( $ACC$ ), czułości ( $SEN$ ), specyficzności ( $SPE$ ) oraz współczynnika  $\kappa$  dla wariantów rozpoznawania: 17, 15 i 12 klas.

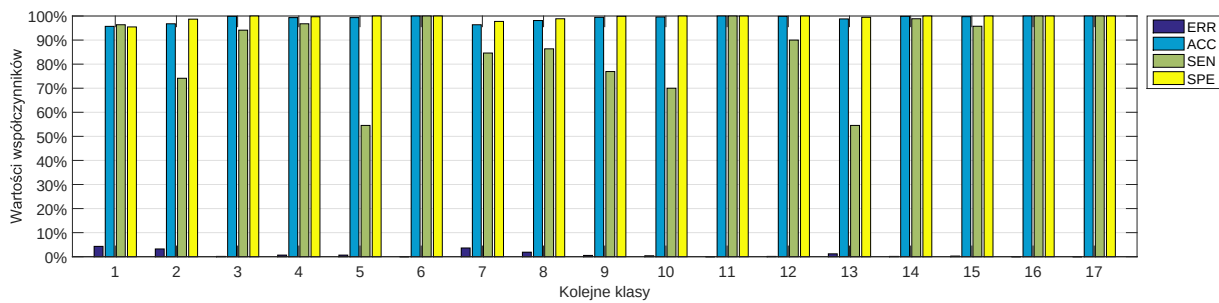
Na rysunku nr 5.40 została przedstawiona wizualizacja efektów selekcji cech (dla 2 warstwy zespołu) poprzez przedstawienie pozostawionych cech (odpowiedzi klasyfikatorów) - czerwone punkty. Przerywaną czarną linią odseparowano głosy (odpowiedzi) poszczególnych 10 klasyfikatorów (ekspertów).

|    |       |       |       |       |       |      |       |       |       |       |      |       |       |       |       |      |      |       |
|----|-------|-------|-------|-------|-------|------|-------|-------|-------|-------|------|-------|-------|-------|-------|------|------|-------|
| 1  | 186   | 13    | 0     | 1     | 0     | 0    | 4     | 1     | 0     | 0     | 0    | 1     | 2     | 1     | 2     | 0    | 0    | 88.2% |
| 2  | 5     | 43    | 0     | 0     | 4     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 82.7% |
| 3  | 0     | 0     | 16    | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 100%  |
| 4  | 0     | 0     | 0     | 12.1% | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 2.2%  |
| 5  | 0     | 0     | 0     | 0     | 6     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 100%  |
| 6  | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 21   | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 100%  |
| 7  | 2     | 1     | 0     | 2     | 1     | 0    | 66    | 4     | 2     | 0     | 0    | 0     | 3     | 0     | 0     | 0    | 0    | 81.5% |
| 8  | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 4     | 38    | 1     | 3     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 82.6% |
| 9  | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 1     | 10    | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 90.9% |
| 10 | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 7     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 100%  |
| 11 | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 10    | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 100%  |
| 12 | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 1.3%  | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 100%  |
| 13 | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 60.0% |
| 14 | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 40.0% |
| 15 | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 100%  |
| 16 | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 100%  |
| 17 | 0     | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0     | 0     | 0     | 0     | 0    | 0    | 100%  |
|    | 96.4% | 74.1% | 94.1% | 96.8% | 54.5% | 100% | 84.6% | 86.4% | 76.9% | 70.0% | 100% | 90.0% | 54.5% | 98.9% | 95.7% | 100% | 100% | 91.4% |
|    | 3.6%  | 25.9% | 5.9%  | 3.2%  | 45.5% | 0.0% | 15.4% | 13.6% | 23.1% | 30.0% | 0.0% | 10.0% | 45.5% | 1.1%  | 4.3%  | 0.0% | 0.0% | 8.6%  |
|    | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6    | 7     | 8     | 9     | 10    | 11   | 12    | 13    | 14    | 15    | 16   | 17   |       |

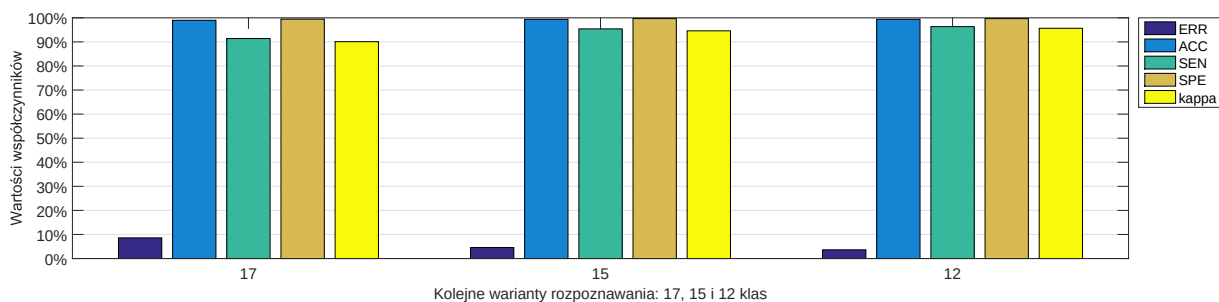
Rysunek 5.36: Macierz pomyłek.



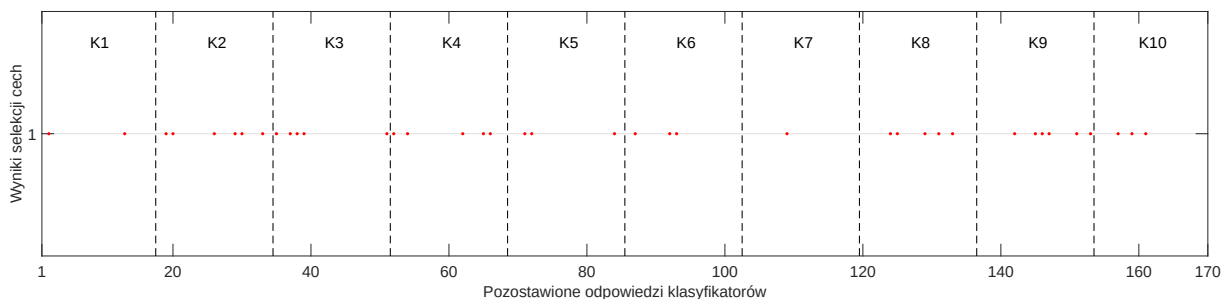
Rysunek 5.37: Wartości błędów dla poszczególnych zbiorów testowych.



Rysunek 5.38: Porównanie wartości współczynników dla poszczególnych klas.



Rysunek 5.39: Porównanie wartości współczynników dla wariantów rozpoznawania: 17, 15 i 12 klas.



Rysunek 5.40: Wizualizacja selekcji cech dla 2 warstwy zespołu - pozostawione odpowiedzi klasyfikatorów (głosy ekspertów).

### 5.6.6. Eksperyment nr 6 - Głęboki genetyczny zespół klasyfikatorów

W niniejszej sekcji zostały przedstawione wyniki uzyskane w ramach eksperymentu nr 6, opisanego w sekcji: 4.6. W tabeli nr 5.7 przedstawiono szczegółowe wyniki dotyczące: 4 klasyfikatorów SVM (C-SVC, liniowy) z drugiej warstwy i 1 klasyfikatora SVM (C-SVC, liniowy) z trzeciej warstwy dla 1 rodzaju przetwarzania wstępnego sygnału (przeskalowanie + redukcja składowej stałej) oraz 1 rodzaju ekstrakcji cech (1 szerokość okna Hamminga = 512 próbek). Przedstawione wyniki dotyczą jednego wariantu walidacji krzyżowej - 10-krotnego sprawdzianu. Szczegółowe wyniki dla 48 różnych klasyfikatorów (SVM, kNN, PNN i RBFNN) z pierwszej warstwy zostały przedstawione w tabeli nr 5.4 w sekcji dotyczącej eksperymentu nr 3. Współczynnik  $ERR_U$  - informuje o sumie błędów we wszystkich zbiorach uczących.

Tablica 5.7: Wyniki eksperymentu nr 6 dla 10-krotnej walidacji krzyżowej. Współczynnik  $ERR_U$  - informuje o sumie błędów we wszystkich zbiorach uczących.

| KLASYFIKATORY                                                                                                                | WSPÓŁCZYNNIKI |      |         |             |        |        |        |          |        |              |                 |                        |
|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------|------|---------|-------------|--------|--------|--------|----------|--------|--------------|-----------------|------------------------|
|                                                                                                                              | $-g$          | $-n$ | $ERR_U$ | $ERR_{sum}$ | $ACC$  | $SEN$  | $SPE$  | $\kappa$ | $W_c$  | $C_t$        | $C_k$           | $C_o$                  |
| 1 WARSTWA ZESPOŁU - 48 KLASYFIKATORÓW SVM, kNN, PNN I RBFNN (3 RODZAJE NORMALIZACJI I 4 SZEROKOŚCI OKNA HAMMINGA) - EKSPERCI |               |      |         |             |        |        |        |          |        |              |                 |                        |
| Szczegółowe wyniki dotyczące 48 klasyfikatorów pierwszej warstwy zostały umieszczone w tabeli nr 5.4.                        |               |      |         |             |        |        |        |          |        |              |                 |                        |
| 2 WARSTWA ZESPOŁU - 4 KLASYFIKATORY SVM (C-SVC, LINIOWY) - SĘDZIOWIE                                                         |               |      |         |             |        |        |        |          |        |              |                 |                        |
| $SVM_{49}(SVM)$                                                                                                              | -             | -    | 0       | 56          | 99.12% | 92.47% | 99.53% | 91.35%   | 22.06% | 0.0679 [s]   | $3.84e - 6$ [s] | <i>około</i> 1 [h]     |
| $SVM_{50}(kNN)$                                                                                                              | -             | -    | 0       | 51          | 99.19% | 93.15% | 99.57% | 92.14%   | 33.82% | 0.0328 [s]   | $5.24e - 6$ [s] | <i>około</i> 1 [h]     |
| $SVM_{51}(PNN)$                                                                                                              | -             | -    | 0       | 56          | 99.12% | 92.47% | 99.53% | 91.37%   | 30.88% | 0.0242 [s]   | $3.82e - 6$ [s] | <i>około</i> 1 [h]     |
| $SVM_{52}(RBF)$                                                                                                              | -             | -    | 0       | 56          | 99.12% | 92.47% | 99.53% | 91.34%   | 30.39% | 0.0569 [s]   | $1.18e - 5$ [s] | <i>około</i> 1 [h]     |
| 3 WARSTWA ZESPOŁU - 1 KLASYFIKATOR SVM (C-SVC, LINIOWY) - SĘDZIA                                                             |               |      |         |             |        |        |        |          |        |              |                 |                        |
| $SVM_{53}$                                                                                                                   | -             | -    | 0       | 40          | 99.37% | 94.62% | 99.66% | 93.84%   | 33.82% | 0.0270 [s]   | $3.53e - 6$ [s] | <i>około</i> 0.5 [h]   |
| PODSUMOWANIE                                                                                                                 |               |      |         |             |        |        |        |          |        |              |                 |                        |
| ZESPÓŁ                                                                                                                       | -             | -    | 0       | 40          | 99.37% | 94.62% | 99.66% | 93.84%   | 47.31% | 821.5928 [s] | 0.8736 [s]      | <i>około</i> 221 [dni] |

## 2 WARSTWA

Na rysunkach nr 5.41, 5.42, 5.43 i 5.44 zostały przedstawione macierze pomyłek dla 4 składowych klasyfikatorów SVM, 2 warstwy zespołu, z tabeli nr 5.7, dla 10-krotnej walidacji krzyżowej.

Na rysunkach nr 5.45, 5.46, 5.47 i 5.48 zostały przedstawione wizualizacje efektów selekcji cech (zgodnie z tabelą nr 5.7), dla 2 warstwy zespołu, poprzez przedstawienie pozostawionych cech (odpowiedzi klasyfikatorów) - czerwone punkty. Przerywaną czarną linią odseparowano, głosy (odpowiedzi) poszczególnych 12 klasyfikatorów (ekspertów). Na rysunku nr 5.45 przedstawiono odpowiedzi 12 klasyfikatorów SVM, na rysunku nr 5.46 - kNN, na rysunku nr 5.47 - PNN, na rysunku nr 5.48 - RBFNN, z 2 warstwy zespołu.

## 3 WARSTWA

Na rysunku nr 5.49 została przedstawiona wizualizacja efektów selekcji cech (zgodnie z tabelą nr 5.7), odpowiedzi 4 klasyfikatorów SVM z 2 warstwy zespołu, dla 3 warstwy zespołu, poprzez przedsta-

|                                               |    |                                   |                |               |               |                |              |                |               |                |                |                |                |                |               |               |              |              |               |
|-----------------------------------------------|----|-----------------------------------|----------------|---------------|---------------|----------------|--------------|----------------|---------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|---------------|---------------|--------------|--------------|---------------|
| Klasy wyjściowe - wskazane przez system klasy | 1  | 187<br>25.1%                      | 14<br>1.9%     | 0<br>0.0%     | 1<br>0.1%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 4<br>0.5%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%      | 1<br>0.1%     | 1<br>0.1%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 89.5%         |
|                                               | 2  | 5<br>0.7%                         | 41<br>5.5%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 4<br>0.5%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 1<br>0.1%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 80.4%         |
|                                               | 3  | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 16<br>2.2%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 100%          |
|                                               | 4  | 0<br>0.0%                         | 1<br>0.1%      | 0<br>0.1%     | 91<br>12.2%   | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 97.8%         |
|                                               | 5  | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 6<br>0.8%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 100%          |
|                                               | 6  | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 21<br>2.8%   | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 100%          |
|                                               | 7  | 1<br>0.1%                         | 2<br>0.3%      | 0<br>0.0%     | 1<br>0.1%     | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%    | 67<br>9.0%     | 3<br>0.4%     | 42<br>5.6%     | 1<br>0.1%      | 2<br>0.3%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 3<br>0.4%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 87.0%         |
|                                               | 8  | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 13.0%         |
|                                               | 9  | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 1<br>0.1%     | 11<br>1.5%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 91.7%         |
|                                               | 10 | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 8<br>1.1%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 8.3%          |
|                                               | 11 | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 9<br>1.2%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 100%          |
|                                               | 12 | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 1<br>0.1%      | 9<br>1.2%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 90.0%         |
|                                               | 13 | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 8<br>1.1%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 10.0%         |
|                                               | 14 | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 87<br>11.7%   | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 66.7%         |
|                                               | 15 | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 45<br>6.0%   | 0<br>0.0%    | 33.3%         |
|                                               | 16 | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 10<br>1.3%   | 0<br>0.0%    | 100%          |
|                                               | 17 | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 30<br>4.0%   | 0.0%          |
|                                               |    | 96.9%<br>3.1%                     | 70.7%<br>29.3% | 94.1%<br>5.9% | 97.8%<br>2.2% | 54.5%<br>45.5% | 100%<br>0.0% | 85.9%<br>14.1% | 95.5%<br>4.5% | 84.6%<br>15.4% | 80.0%<br>20.0% | 90.0%<br>10.0% | 90.0%<br>10.0% | 72.7%<br>27.3% | 98.9%<br>1.1% | 95.7%<br>4.3% | 100%<br>0.0% | 100%<br>0.0% | 92.5%<br>7.5% |
|                                               |    | 1                                 | 2              | 3             | 4             | 5              | 6            | 7              | 8             | 9              | 10             | 11             | 12             | 13             | 14            | 15            | 16           | 17           |               |
|                                               |    | Klasy wzorcowe - oczekiwane klasy |                |               |               |                |              |                |               |                |                |                |                |                |               |               |              |              |               |

Rysunek 5.41: Macierz pomyłek dla 2 warstwy zespołu, dla klasyfikatora  $SV M_{49}(SVM)$ 

|                                               |    |                                   |                |              |               |                |              |                |               |               |                |                |                |               |               |               |              |              |               |
|-----------------------------------------------|----|-----------------------------------|----------------|--------------|---------------|----------------|--------------|----------------|---------------|---------------|----------------|----------------|----------------|---------------|---------------|---------------|--------------|--------------|---------------|
| Klasy wyjściowe - wskazane przez system klasy | 1  | 184<br>24.7%                      | 9<br>1.2%      | 0<br>0.0%    | 1<br>0.1%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 5<br>0.7%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%      | 1<br>0.1%     | 1<br>0.1%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 91.1%         |
|                                               | 2  | 5<br>0.7%                         | 46<br>6.2%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 2<br>0.3%      | 0<br>0.0%    | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 1<br>0.1%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 8.9%          |
|                                               | 3  | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 17<br>2.3%   | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 82.1%         |
|                                               | 4  | 0<br>0.0%                         | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%    | 91<br>12.2%   | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 17.9%         |
|                                               | 5  | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 8<br>1.1%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 100%          |
|                                               | 6  | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 21<br>2.8%   | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0.0%          |
|                                               | 7  | 4<br>0.5%                         | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%    | 1<br>0.1%     | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%    | 65<br>8.7%     | 3<br>0.4%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 86.7%         |
|                                               | 8  | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 3<br>0.4%      | 40<br>5.4%    | 1<br>0.1%     | 2<br>0.3%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 13.3%         |
|                                               | 9  | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 1<br>0.1%     | 12<br>1.6%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 87.0%         |
|                                               | 10 | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 8<br>1.1%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 92.3%         |
|                                               | 11 | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 9<br>1.2%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 7.7%          |
|                                               | 12 | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 9<br>1.2%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 100%          |
|                                               | 13 | 0<br>0.0%                         | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 4<br>0.5%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 10<br>1.3%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0.0%          |
|                                               | 14 | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 87<br>11.7%   | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 66.7%         |
|                                               | 15 | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 46<br>6.2%   | 0<br>0.0%    | 33.3%         |
|                                               | 16 | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 10<br>1.3%   | 0<br>0.0%    | 100%          |
|                                               | 17 | 0<br>0.0%                         | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 30<br>4.0%   | 0.0%          |
|                                               |    | 95.3%<br>4.7%                     | 79.3%<br>20.7% | 100%<br>0.0% | 97.8%<br>2.2% | 72.7%<br>27.3% | 100%<br>0.0% | 83.3%<br>16.7% | 90.9%<br>9.1% | 92.3%<br>7.7% | 80.0%<br>20.0% | 90.0%<br>10.0% | 90.0%<br>10.0% | 90.9%<br>9.1% | 98.9%<br>1.1% | 97.9%<br>2.1% | 100%<br>0.0% | 100%<br>0.0% | 93.1%<br>6.9% |
|                                               |    | 1                                 | 2              | 3            | 4             | 5              | 6            | 7              | 8             | 9             | 10             | 11             | 12             | 13            | 14            | 15            | 16           | 17           |               |
|                                               |    | Klasy wzorcowe - oczekiwane klasy |                |              |               |                |              |                |               |               |                |                |                |               |               |               |              |              |               |

Rysunek 5.42: Macierz pomyłek dla 2 warstwy zespołu, dla klasyfikatora  $SV M_{50}(kNN)$

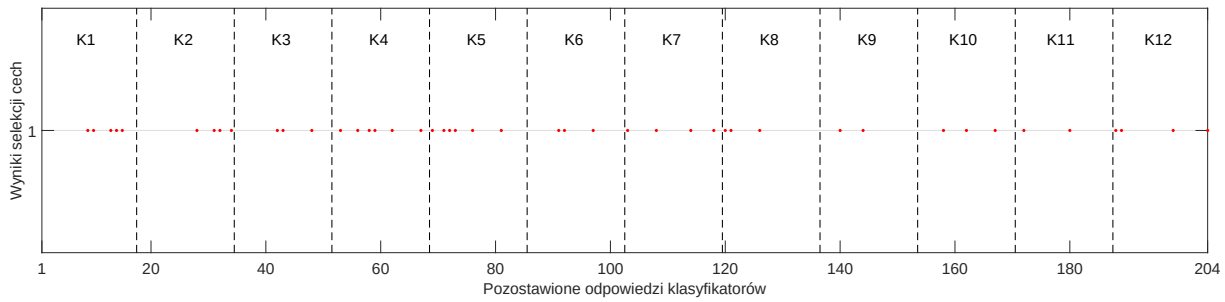


|    |               |                |              |               |                |              |                |               |               |                |                |                |               |               |              |              |               |       |
|----|---------------|----------------|--------------|---------------|----------------|--------------|----------------|---------------|---------------|----------------|----------------|----------------|---------------|---------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| 1  | 182<br>24.5%  | 9<br>1.2%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 5<br>0.7%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 1<br>0.1%      | 1<br>0.1%      | 1<br>0.1%     | 1<br>0.1%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 91.0% |
| 2  | 6<br>0.8%     | 46<br>6.2%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 4<br>0.5%      | 0<br>0.0%    | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 1<br>0.1%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 79.3% |
| 3  | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 17<br>2.3%   | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 100%  |
| 4  | 0<br>0.0%     | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%    | 91<br>12.2%   | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 98.9% |
| 5  | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 6<br>0.8%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 100%  |
| 6  | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 21<br>2.8%   | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 100%  |
| 7  | 5<br>0.7%     | 2<br>0.3%      | 0<br>0.0%    | 1<br>0.1%     | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%    | 64<br>8.6%     | 3<br>0.4%     | 1<br>0.1%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 83.1% |
| 8  | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 40<br>5.4%     | 0<br>0.0%     | 2<br>0.3%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 88.9% |
| 9  | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 1<br>0.1%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 1<br>0.1%     | 12<br>1.6%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 85.7% |
| 10 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 8<br>1.1%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 14.3% |
| 11 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 9<br>1.2%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 100%  |
| 12 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 9<br>1.2%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0.0%  |
| 13 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 5<br>0.7%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 10<br>1.3%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 66.7% |
| 14 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 87<br>11.7%   | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 33.3% |
| 15 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 46<br>6.2%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 100%  |
| 16 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 10<br>1.3%   | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0.0%  |
| 17 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 30<br>4.0%   | 0<br>0.0%     | 100%  |
|    | 94.3%<br>5.7% | 79.3%<br>20.7% | 100%<br>0.0% | 97.8%<br>2.2% | 54.5%<br>45.5% | 100%<br>0.0% | 82.1%<br>17.9% | 90.9%<br>9.1% | 92.3%<br>7.7% | 80.0%<br>20.0% | 90.0%<br>10.0% | 90.0%<br>10.0% | 98.9%<br>9.1% | 97.9%<br>2.1% | 100%<br>0.0% | 100%<br>0.0% | 92.5%<br>7.5% |       |
|    | 1             | 2              | 3            | 4             | 5              | 6            | 7              | 8             | 9             | 10             | 11             | 12             | 13            | 14            | 15           | 16           | 17            |       |

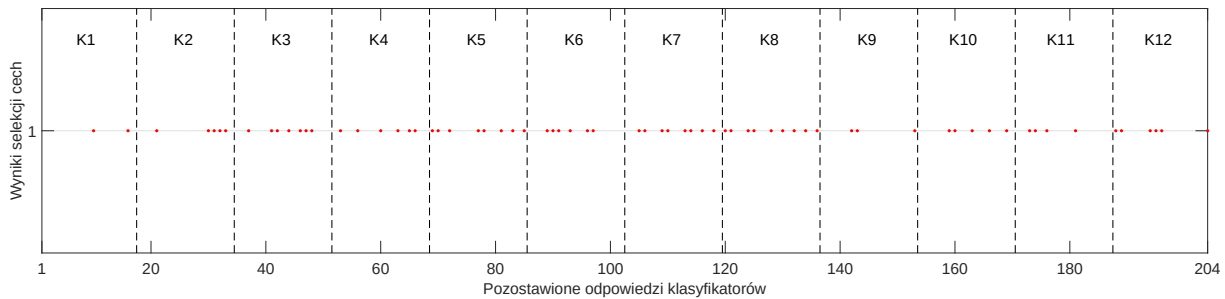
Rysunek 5.43: Macierz pomyłek dla 2 warstwy zespołu, dla klasyfikatora  $SV M_{51}(PNN)$ 

|    |               |                |                |               |                |              |                |               |               |                |              |                |                |               |               |              |              |               |
|----|---------------|----------------|----------------|---------------|----------------|--------------|----------------|---------------|---------------|----------------|--------------|----------------|----------------|---------------|---------------|--------------|--------------|---------------|
| 1  | 190<br>25.5%  | 14<br>1.9%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 5<br>0.7%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 1<br>0.1%      | 1<br>0.1%      | 1<br>0.1%     | 1<br>0.1%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 89.2%         |
| 2  | 3<br>0.4%     | 39<br>5.2%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 4<br>0.5%      | 0<br>0.0%    | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 10.8%         |
| 3  | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 14<br>1.9%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 83.0%         |
| 4  | 0<br>0.0%     | 1<br>0.1%      | 3<br>0.4%      | 92<br>12.4%   | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 17.0%         |
| 5  | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 6<br>0.8%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 100%          |
| 6  | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 21<br>2.8%   | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0.0%          |
| 7  | 0<br>0.0%     | 2<br>0.3%      | 0<br>0.0%      | 1<br>0.1%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 65<br>8.7%     | 2<br>0.3%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 2<br>0.3%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 90.3%         |
| 8  | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%    | 3<br>0.4%      | 41<br>5.5%    | 1<br>0.1%     | 2<br>0.3%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 9.7%          |
| 9  | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 1<br>0.1%     | 12<br>1.6%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 85.4%         |
| 10 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 8<br>1.1%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 92.3%         |
| 11 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 10<br>1.3%   | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 7.7%          |
| 12 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 9<br>1.2%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 100%          |
| 13 | 0<br>0.0%     | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 4<br>0.5%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 8<br>1.1%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 0.0%          |
| 14 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 87<br>11.7%   | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 61.5%         |
| 15 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 46<br>6.2%    | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%    | 38.5%         |
| 16 | 0<br>0.0%     | 1<br>0.1%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 10<br>1.3%   | 0<br>0.0%    | 100%          |
| 17 | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%      | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%     | 0<br>0.0%    | 30<br>4.0%   | 0.0%          |
|    | 98.4%<br>1.6% | 67.2%<br>32.8% | 82.4%<br>17.6% | 98.9%<br>1.1% | 54.5%<br>45.5% | 100%<br>0.0% | 83.3%<br>16.7% | 93.2%<br>6.8% | 92.3%<br>7.7% | 80.0%<br>20.0% | 100%<br>0.0% | 90.0%<br>10.0% | 72.7%<br>27.3% | 98.9%<br>1.1% | 97.9%<br>2.1% | 100%<br>0.0% | 100%<br>0.0% | 92.5%<br>7.5% |
|    | 1             | 2              | 3              | 4             | 5              | 6            | 7              | 8             | 9             | 10             | 11           | 12             | 13             | 14            | 15            | 16           | 17           |               |

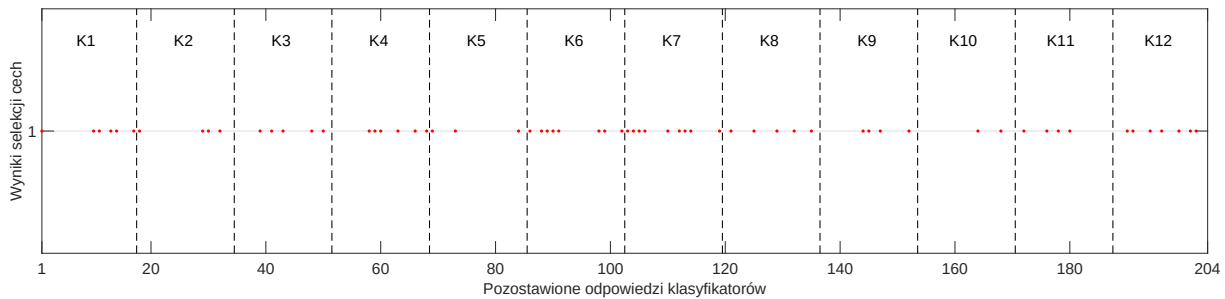
Rysunek 5.44: Macierz pomyłek dla 2 warstwy zespołu, dla klasyfikatora  $SV M_{52}(RBF)$



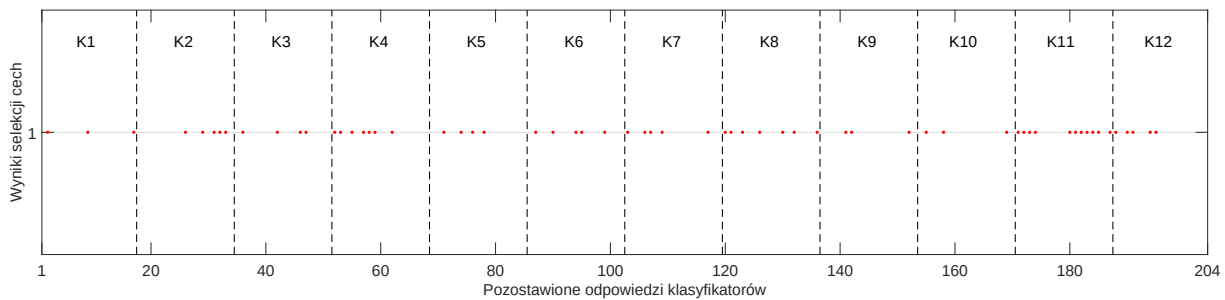
Rysunek 5.45: Wizualizacje selekcji cech dla 2 warstwy zespołu (dla 12 klasyfikatorów SVM,  $SV M_{49}(SVM)$ ) - pozostawione odpowiedzi klasyfikatorów (głosy ekspertów).



Rysunek 5.46: Wizualizacje selekcji cech dla 2 warstwy zespołu (dla 12 klasyfikatorów kNN,  $SV M_{50}(kNN)$ ) - pozostawione odpowiedzi klasyfikatorów (głosy ekspertów).

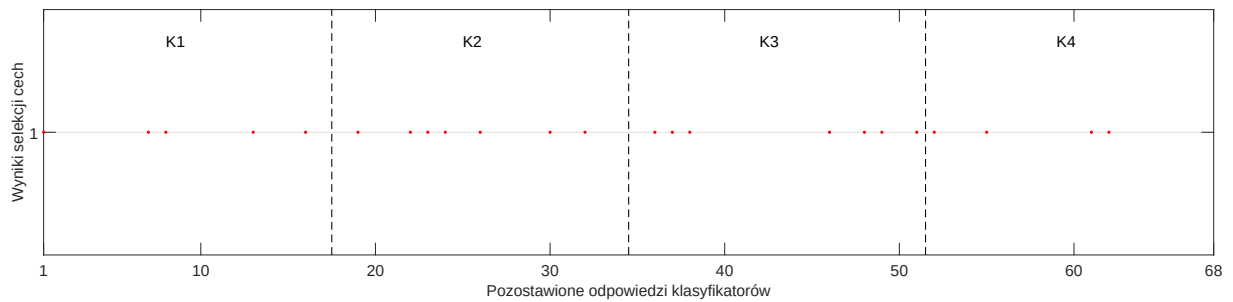


Rysunek 5.47: Wizualizacje selekcji cech dla 2 warstwy zespołu (dla 12 klasyfikatorów PNN,  $SV M_{51}(PNN)$ ) - pozostawione odpowiedzi klasyfikatorów (głosy ekspertów).



Rysunek 5.48: Wizualizacje selekcji cech dla 2 warstwy zespołu (dla 12 klasyfikatorów RBF,  $SV M_{52}(RBF)$ ) - pozostawione odpowiedzi klasyfikatorów (głosy ekspertów).

wienie pozostawionych cech (odpowiedzi klasyfikatorów) - czerwone punkty. Przerywaną czarną linią odseparowano, głosy (odpowiedzi) poszczególnych 4 klasyfikatorów (ekspertów).



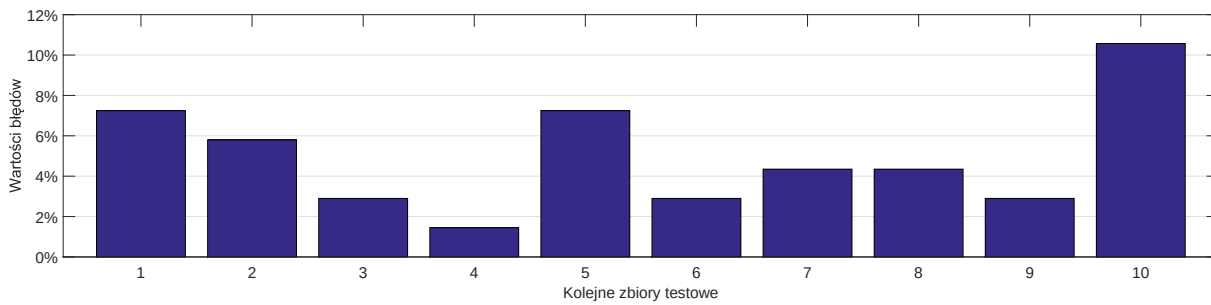
Rysunek 5.49: Wizualizacja selekcji cech dla 3 warstwy zespołu (dla 4 klasyfikatorów SVM) - pozostawione odpowiedzi klasyfikatorów (głosy ekspertów). K1 -  $SVM_{49}(SVM)$ , K2 -  $SVM_{50}(kNN)$ , K3 -  $SVM_{51}(PNN)$ , K4 -  $SVM_{52}(RBF)$

Na rysunkach nr 5.50, 5.51, 5.52 i 5.53 zostały przedstawione szczegółowe wyniki dla całego zespołu klasyfikatorów z tabeli nr 5.7 dla 10-krotnej walidacji krzyżowej. Na rysunku nr 5.50 została przedstawiona macierz pomyłek, na rysunku nr 5.51 zostały przedstawione wartości błędu procentowego dla poszczególnych zbiorów testowych z walidacji krzyżowej, na rysunku nr 5.52 zostały przedstawione wartości: sumy błędów ( $ERR$ ), skuteczności ( $ACC$ ), czułości ( $SEN$ ), specyficzności ( $SPE$ ) dla poszczególnych klas, natomiast na rysunku nr 5.53 zostało przedstawione porównanie wartości: sumy błędów ( $ERR$ ), skuteczności ( $ACC$ ), czułości ( $SEN$ ), specyficzności ( $SPE$ ) oraz współczynnika  $\kappa$  dla wariantów rozpoznawania: 17, 15 i 12 klas.

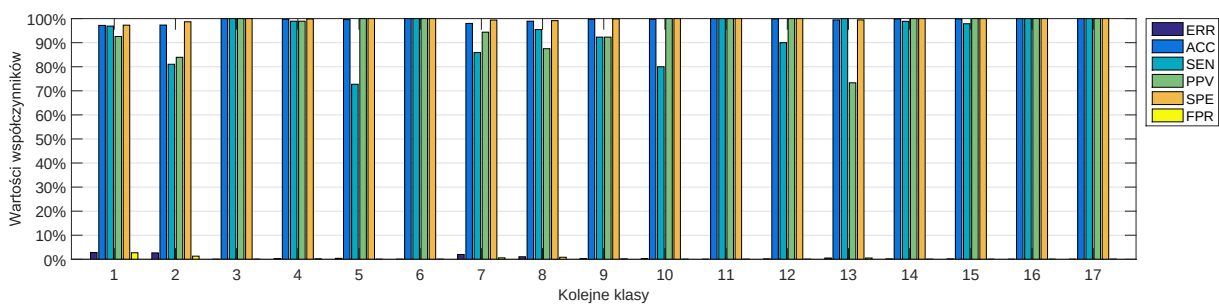
|    |              |            |            |             |           |            |            |            |            |           |            |           |            |             |            |            |       |
|----|--------------|------------|------------|-------------|-----------|------------|------------|------------|------------|-----------|------------|-----------|------------|-------------|------------|------------|-------|
| 1  | 187<br>25.1% | 10<br>1.3% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 3<br>0.4%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 1<br>0.1% | 0<br>0.0%  | 1<br>0.1%   | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 92.6% |
| 2  | 5<br>0.7%    | 47<br>6.3% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 2<br>0.3% | 0<br>0.0%  | 1<br>0.1%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 1<br>0.1%   | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 83.9% |
| 3  | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%  | 17<br>2.3% | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 100%  |
| 4  | 0<br>0.0%    | 1<br>0.1%  | 0<br>0.0%  | 92<br>12.4% | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 98.9% |
| 5  | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 8<br>1.1% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 100%  |
| 6  | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0% | 21<br>2.8% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 100%  |
| 7  | 1<br>0.1%    | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 1<br>0.1%   | 1<br>0.1% | 0<br>0.0%  | 67<br>9.0% | 1<br>0.1%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 94.4% |
| 8  | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 3<br>0.4%  | 42<br>5.6% | 1<br>0.1%  | 2<br>0.3% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 87.5% |
| 9  | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 1<br>0.1%  | 12<br>1.6% | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 92.3% |
| 10 | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 8<br>1.1% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 100%  |
| 11 | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 10<br>1.3% | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 100%  |
| 12 | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 9<br>1.2% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 100%  |
| 13 | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 4<br>0.5%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 11<br>1.5% | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 73.3% |
| 14 | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 87<br>11.7% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 100%  |
| 15 | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 46<br>6.2% | 0<br>0.0%  | 100%  |
| 16 | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0%  | 10<br>1.3% | 100%  |
| 17 | 0<br>0.0%    | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0% | 0<br>0.0%  | 0<br>0.0%   | 0<br>0.0%  | 30<br>4.0% | 100%  |
|    | 96.9%        | 81.0%      | 100%       | 98.9%       | 72.7%     | 100%       | 85.9%      | 95.5%      | 92.3%      | 80.0%     | 100%       | 100%      | 100%       | 98.9%       | 97.9%      | 100%       | 94.6% |
|    | 3.1%         | 19.0%      | 0.0%       | 1.1%        | 27.3%     | 0.0%       | 14.1%      | 4.5%       | 7.7%       | 20.0%     | 0.0%       | 0.0%      | 0.0%       | 1.1%        | 2.1%       | 0.0%       | 5.4%  |
|    | 1            | 2          | 3          | 4           | 5         | 6          | 7          | 8          | 9          | 10        | 11         | 12        | 13         | 14          | 15         | 16         | 17    |

Rysunek 5.50: Macierz pomyłek dla 3 warstwy zespołu, dla klasyfikatora  $SVM_{53}$

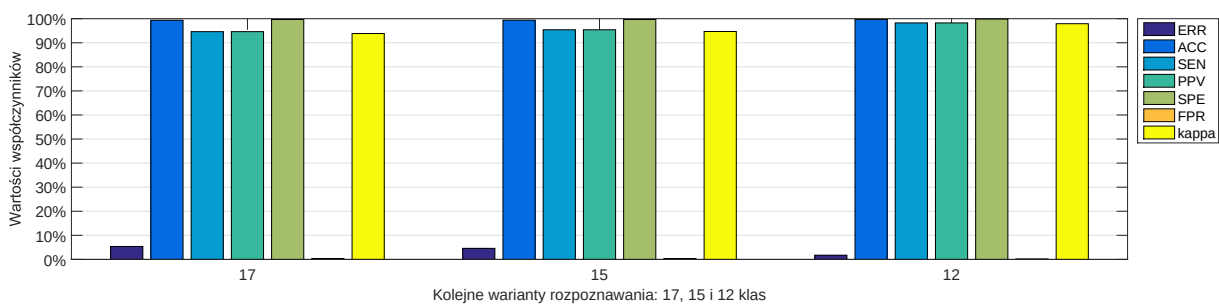
W tabeli nr 5.8 zostały przedstawione szczegółowe informacje na temat skuteczności rozpoznawania poszczególnych klas sygnału EKG. Wspomniana tabela zawiera wartości współczynników:  $ERR\%$ ,



Rysunek 5.51: Wartości błędów dla poszczególnych zbiorów testowych.



Rysunek 5.52: Porównanie wartości współczynników dla poszczególnych klas.



Rysunek 5.53: Porównanie wartości współczynników dla wariantów rozpoznawania: 17, 15 i 12 klas.

$ACC$ ,  $SEN$ ,  $SPE$ ,  $PPV$  i  $FPR$ , obliczone dla głębokiego genetycznego zespołu klasyfikatorów, dla wszystkich 17 klas. Na podstawie tabeli nr 5.8 zostały wytypowane klasy do odrzucenia (z najmniejszą wartością:  $SEN$  i  $PPV$ ), w wyniku tej selekcji wyznaczono 15 i 12 klas do rozpoznawania, na podstawie których wygenerowano rysunki: 5.18, 5.22, 5.26, 5.30, 5.34, 5.39, 5.53.

Tablica 5.8: Współczynniki dla poszczególnych 17 klas dla eksperymentu nr 6

| KLASY                                 | WSPÓLCZYNNIKI |         |                |         |                |       |
|---------------------------------------|---------------|---------|----------------|---------|----------------|-------|
|                                       | $ERR_{\%}$    | $ACC$   | $SEN$          | $SPE$   | $PPV$          | $FPR$ |
| PRAWIDŁOWY RYTM ZATOKOWY              | 2.82%         | 97.18%  | <b>96.89%</b>  | 97.28%  | <b>92.57%</b>  | 2.72% |
| POBUDZENIA PRZEDWCZESNE PRZEDSIONKOWE | 2.69%         | 97.31%  | <b>81.04%</b>  | 98.69%  | <b>83.93%</b>  | 1.31% |
| TRZEPOTANIE PRZEDSIONKÓW              | 0.00%         | 100.00% | <b>100.00%</b> | 100.00% | <b>100.00%</b> | 0.00% |
| MIGOTANIE PRZEDSIONKÓW                | 0.27%         | 99.73%  | <b>98.93%</b>  | 99.85%  | <b>98.93%</b>  | 0.15% |
| CZĘSTOSKURCZ NADKOMOROWY              | 0.40%         | 99.60%  | <b>72.73%</b>  | 100.00% | <b>100.00%</b> | 0.00% |
| ZESPÓŁ WPW                            | 0.00%         | 100.00% | <b>100.00%</b> | 100.00% | <b>100.00%</b> | 0.00% |
| POBUDZENIA PRZEDWCZESNE KOMOROWE      | 2.02%         | 97.98%  | <b>85.90%</b>  | 99.40%  | <b>94.37%</b>  | 0.60% |
| BIGEMINIA KOMOROWA                    | 1.08%         | 98.93%  | <b>95.46%</b>  | 99.14%  | <b>87.50%</b>  | 0.86% |
| TRIGEMINIA KOMOROWA                   | 0.27%         | 99.73%  | <b>92.31%</b>  | 99.86%  | <b>92.31%</b>  | 0.14% |
| CZĘSTOSKURCZ KOMOROWY                 | 0.27%         | 99.73%  | <b>80.00%</b>  | 100.00% | <b>100.00%</b> | 0.00% |
| RYTM IDIOWENTRYKULARNY                | 0.00%         | 100.00% | <b>100.00%</b> | 100.00% | <b>100.00%</b> | 0.00% |
| TRZEPOTANIE KOMÓR                     | 0.13%         | 99.87%  | <b>90.00%</b>  | 100.00% | <b>100.00%</b> | 0.00% |
| FUZJA                                 | 0.54%         | 99.46%  | <b>100.00%</b> | 99.45%  | <b>73.33%</b>  | 0.55% |
| BŁOK I STOPNIA LEWEJ ODNOGI           | 0.13%         | 99.87%  | <b>98.86%</b>  | 100.00% | <b>100.00%</b> | 0.00% |
| BŁOK I STOPNIA PRAWEJ ODNOGI          | 0.13%         | 99.87%  | <b>97.87%</b>  | 100.00% | <b>100.00%</b> | 0.00% |
| BŁOK II STOPNIA                       | 0.00%         | 100.00% | <b>100.00%</b> | 100.00% | <b>100.00%</b> | 0.00% |
| RYTM Z ROZRUSNIKA                     | 0.00%         | 100.00% | <b>100.00%</b> | 100.00% | <b>100.00%</b> | 0.00% |

## 5.7. Porównanie metod i algorytmów

W niniejszej sekcji w tabelach nr 5.9, 5.10 i 5.11 zostało przedstawione porównanie wyników z 6 eksperymentów z tabel nr 5.1, 5.2, 5.3, 5.4, 5.5, 5.6 i 5.7.

### 5.7.1. Eksperymenty

W tabeli 5.9 przedstawiono porównanie wyników uzyskanych w przeprowadzonych 6 eksperymentach. Współczynnik  $C_{sum}$  - informuje o sumarycznym czasie optymalizacji wszystkich klasyfikatorów dla danego eksperymentu.

### 5.7.2. Klasyfikatory

W tabeli nr 5.10 przedstawiono porównanie wyników uzyskanych przez 4 typy klasyfikatorów: SVM, kNN, PNN i RBFNN, obliczonych na podstawie trzech pierwszych eksperymentów.

### 5.7.3. Normalizacja (przetwarzanie wstępne sygnału)

W tabeli nr 5.11 przedstawiono porównanie wyników uzyskanych dla 3 rodzajów normalizacji (przetwarzania wstępnego sygnału): brak, przeskalowanie, standaryzacja, obliczonych na podstawie trzech pierwszych eksperymentów.

### 5.7.4. Ekstrakcja cech (szerokości okna Hamminga)

W tabeli nr 5.11 przedstawiono porównanie wyników uzyskanych dla 4 szerokości okna Hamminga (ekstrakcji cech): 128, 256 i 512 próbek obliczonych na podstawie trzech pierwszych eksperymentów oraz dla szerokości okna Hamminga równej: 1024 próbki obliczonej na podstawie drugiego i trzeciego eksperymentu.

### 5.7.5. Walidacja krzyżowa

W tabeli nr 5.10 przedstawiono porównanie wyników uzyskanych dla 2 wariantów walidacji krzyżowej: 4-krotnego i 10-krotnego sprawdzianu obliczonych na podstawie drugiego eksperymentu.

Tablica 5.9: Porównanie wyników uzyskanych w 6 eksperymentach przedstawionych w rozdziale 4, na podstawie tabel nr 5.1, 5.2, 5.3, 5.4, 5.5, 5.6 i 5.7. Współczynnik  $C_{sum}$  - informuje o sumarycznym czasie optymalizacji wszystkich klasyfikatorów dla danego eksperymentu.

| WSPÓŁCZYNNIKI                                                                                        | EKSPERYMENTY   |                |                |                |                |                |                |
|------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|
|                                                                                                      | E1             | E2A            | E2B            | E3             | E4             | E5             | E6             |
| WALIDACJA                                                                                            | 4-krotna       | 4-krotna       | 10-krotna      | 10-krotna      | 10-krotna      | 10-krotna      | 10-krotna      |
| OPTIMALIZACJA                                                                                        | Siatka         | Genetyczna     | Genetyczna     | Genetyczna     | Genetyczna     | Genetyczna     | Genetyczna     |
| SELEKCJA                                                                                             | Nie            | Nie            | Nie            | Tak            | Tak            | Tak            | Tak            |
| WYNIKI UZYSKANE DLA NAJLEPSZEGO PRZYPADKU (KOMBINACJI: KLASYFIKATOR + NORMALIZACJA + SZEROKOŚĆ OKNA) |                |                |                |                |                |                |                |
| KLASYFIKATOR                                                                                         | SVM            | SVM            | SVM            | SVM            | Zespół 2w      | Zespół 2w      | Zespół 3w      |
| NORMALIZACJA                                                                                         | Przeskalowanie | Przeskalowanie | Przeskalowanie | Przeskalowanie | Przeskalowanie | Przeskalowanie | Przeskalowanie |
| OKNO                                                                                                 | 128            | 512            | 512            | 512            | 512            | 512            | 512            |
| $ERR_{sum}$                                                                                          | <b>106</b>     | <b>97</b>      | <b>81</b>      | <b>73</b>      | <b>65</b>      | <b>64</b>      | <b>40</b>      |
| $ACC$                                                                                                | 98.32%         | 98.47%         | 98.72%         | 98.85%         | 98.97%         | 98.99%         | 99.37%         |
| $SEN$                                                                                                | <b>85.75%</b>  | <b>86.96%</b>  | <b>89.11%</b>  | <b>90.19%</b>  | <b>91.26%</b>  | <b>91.40%</b>  | <b>94.62%</b>  |
| $SPE$                                                                                                | 99.11%         | 99.19%         | 99.32%         | 99.39%         | 99.45%         | 99.46%         | 99.66%         |
| $PPV$                                                                                                | 85.75%         | 86.96%         | 89.11%         | 90.19%         | 91.26%         | 91.40%         | 94.62%         |
| $FPR$                                                                                                | 0.89%          | 0.82%          | 0.68%          | 0.61%          | 0.55%          | 0.54%          | 0.34%          |
| $\kappa$                                                                                             | <b>83.65%</b>  | <b>85.05%</b>  | <b>87.45%</b>  | <b>88.70%</b>  | <b>89.95%</b>  | <b>90.10%</b>  | <b>93.84%</b>  |
| $W_c$                                                                                                | –              | –              | –              | 49.09%         | 46.63%         | 46.44%         | 47.31%         |
| $C_t$ [s]                                                                                            | 8.2920         | 8.21           | 30.1079        | 11.3537        | 207.3403       | 115.8450       | 821.5928       |
| $C_k$ [s]                                                                                            | <b>0.0029</b>  | <b>0.0034</b>  | <b>0.0041</b>  | <b>0.0018</b>  | <b>0.0321</b>  | <b>0.0186</b>  | <b>0.8736</b>  |
| $C_o$                                                                                                | 15 [h]         | 10 [h]         | 20 [h]         | 100 [h]        | 70 [dni]       | 40 [dni]       | 221 [dni]      |
| ŚREDNI WYNIK DLA WSZYSTKICH PRZYPADKÓW Z DANEGO EKSPERYMENTU                                         |                |                |                |                |                |                |                |
| $ERR_{sum}$                                                                                          | <b>131.28</b>  | <b>121.02</b>  | <b>104.65</b>  | <b>96.25</b>   | –              | –              | –              |
| $ACC$                                                                                                | 97.92%         | 98.09%         | 98.35%         | 98.48%         | –              | –              | –              |
| $SEN$                                                                                                | <b>82.36%</b>  | <b>83.73%</b>  | <b>85.93%</b>  | <b>87.06%</b>  | –              | –              | –              |
| $SPE$                                                                                                | 98.90%         | 98.98%         | 99.12%         | 99.19%         | –              | –              | –              |
| $\kappa$                                                                                             | –              | <b>81.40%</b>  | <b>83.83%</b>  | <b>85.13%</b>  | –              | –              | –              |
| $W_c$                                                                                                | –              | –              | –              | 50.34%         | –              | –              | –              |
| $C_t$ [s]                                                                                            | 7.7012         | 10.1802        | 35.7554        | 17.1122        | –              | –              | –              |
| $C_k$ [s]                                                                                            | <b>0.0260</b>  | <b>0.0250</b>  | <b>0.0297</b>  | <b>0.0182</b>  | –              | –              | –              |
| $C_o$ [h]                                                                                            | 5.5            | 12             | 24             | 110            | –              | –              | –              |
| PODSUMOWANIE                                                                                         |                |                |                |                |                |                |                |
| $C_{sum}$ [dni]                                                                                      | 8              | 24             | 48             | 220            | 70             | 40             | 221            |



Tablica 5.10: Porównanie wyników, uzyskanych przez 4 typy klasyfikatorów oraz dla 2 wariantów walidacji krzyżowej, obliczonych na podstawie tabel nr 5.1, 5.2, 5.3, 5.4.

| WSPÓŁCZYNNIKI                                                                                        | KLASYFIKATORY     |                  |                  |                     | WALIDACJA KRZYŻOWA |           |
|------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------|------------------|------------------|---------------------|--------------------|-----------|
|                                                                                                      | SVM               | kNN              | PNN              | RBFNN               | 4-KROTNA           | 10-KROTNA |
| EKSPERYMENT NR 1                                                                                     |                   |                  |                  |                     |                    |           |
| WYNIKI UZYSKANE DLA NAJLEPSZEGO PRZYPADKU (KOMBINACJI: NORMALIZACJA + SZEROKOŚĆ OKNA + KLASYFIKATOR) |                   |                  |                  |                     |                    |           |
| $ERR_{sum}$                                                                                          | 106               | 122              | 107              | 120                 | 106                | –         |
| $ACC$                                                                                                | 98.32%            | 98.07%           | 98.31%           | 98.10%              | 98.32%             | –         |
| $SEN$                                                                                                | 85.75%            | 83.60%           | 85.62%           | 83.87%              | 85.75%             | –         |
| $SPE$                                                                                                | 99.11%            | 98.98%           | 99.10%           | 98.99%              | 99.11%             | –         |
| $C_t$ [s]                                                                                            | 8.2920            | 0.0368           | 0.1597           | 25.0262             | –                  | –         |
| $C_k$ [s]                                                                                            | 0.0029            | 0.0844           | 0.0082           | 0.0090              | –                  | –         |
| $C_o$ [h]                                                                                            | 15                | 5                | 0.5              | 1                   | –                  | –         |
| ŚREDNI WYNIK DLA WSZYSTKICH PRZYPADKÓW Z DANEGO EKSPERYMENTU                                         |                   |                  |                  |                     |                    |           |
| $ERR_{sum}$                                                                                          | 121.89            | 137.89           | 129.22           | 136.11              | 131.28             | –         |
| $ACC$                                                                                                | 98,07%            | 97,82%           | 97,96%           | 97,85%              | 97,92%             | –         |
| $SEN$                                                                                                | 83,62%            | 81,47%           | 82,63%           | 81,71%              | 82,36%             | –         |
| $SPE$                                                                                                | 98,98%            | 98,84%           | 98,91%           | 98,86%              | 98,90%             | –         |
| $C_t$ [s]                                                                                            | 6.3159            | 0.0360           | 0.1781           | 24.2748             | 7.7012             | –         |
| $C_k$ [s]                                                                                            | 0.0024            | 0.0838           | 0.0089           | 0.0089              | 0.0260             | –         |
| $C_o$ [h]                                                                                            | 15                | 5                | 0.5              | 1                   | 5.5                | –         |
| EKSPERYMENT NR 2                                                                                     |                   |                  |                  |                     |                    |           |
| 4-KROTNA WALIDACJA KRZYŻOWA / 10-KROTNA WALIDACJA KRZYŻOWA                                           |                   |                  |                  |                     |                    |           |
| WYNIKI UZYSKANE DLA NAJLEPSZEGO PRZYPADKU (KOMBINACJI: NORMALIZACJA + SZEROKOŚĆ OKNA + KLASYFIKATOR) |                   |                  |                  |                     |                    |           |
| $ERR_{sum}$                                                                                          | 97<br>81          | 102<br>85        | 98<br>85         | 108<br>92           | 97                 | 81        |
| $ACC$                                                                                                | 98.47%<br>98.72%  | 98.39%<br>98.66% | 98.45%<br>98.66% | 98.29%<br>98.55%    | 98.47%             | 98.72%    |
| $SEN$                                                                                                | 86.96%<br>89.11%  | 86.29%<br>88.58% | 86.83%<br>88.58% | 85.48%<br>87.63%    | 86.96%             | 89.11%    |
| $SPE$                                                                                                | 99.19%<br>99.32%  | 99.14%<br>99.29% | 99.18%<br>99.29% | 99.09%<br>99.23%    | 99.19%             | 99.32%    |
| $\kappa$                                                                                             | 85.05%<br>87.46%  | 84.37%<br>86.92% | 84.98%<br>86.91% | 85.48%<br>85.73%    | 85.05%             | 87.46%    |
| $C_t$ [s]                                                                                            | 8.21<br>30.1079   | 0.0685<br>0.1280 | 0.3327<br>0.4455 | 36.8604<br>115.8806 | –                  | –         |
| $C_k$ [s]                                                                                            | 0.0034<br>0.0041  | 0.0840<br>0.1083 | 0.0106<br>0.0116 | 0.0099<br>0.0127    | –                  | –         |
| $C_o$ [h]                                                                                            | 10<br>20          | 15<br>30         | 10<br>20         | 12.5<br>25          | –                  | –         |
| ŚREDNI WYNIK DLA WSZYSTKICH PRZYPADKÓW Z DANEGO EKSPERYMENTU                                         |                   |                  |                  |                     |                    |           |
| $ERR_{sum}$                                                                                          | 109,67<br>92,25   | 125,92<br>110,58 | 123,42<br>104,92 | 125,08<br>110,83    | 121,02             | 104,65    |
| $ACC$                                                                                                | 98,27%<br>98,54%  | 98,01%<br>98,25% | 98,05%<br>98,34% | 98,02%<br>98,25%    | 98,09%             | 98,35%    |
| $SEN$                                                                                                | 85,26%<br>87,60%  | 83,08%<br>85,14% | 83,41%<br>85,90% | 83,19%<br>85,10%    | 83,73%             | 85,93%    |
| $SPE$                                                                                                | 99,08%<br>99,23%  | 98,94%<br>99,07% | 98,96%<br>99,12% | 98,95%<br>99,07%    | 98,98%             | 99,12%    |
| $\kappa$                                                                                             | 83,12%<br>85,71%  | 80,73%<br>82,96% | 81,08%<br>83,82% | 80,69%<br>82,83%    | 81,40%             | 83,83%    |
| $C_t$ [s]                                                                                            | 7.0025<br>23.1446 | 0.0673<br>0.1263 | 0.2421<br>0.4785 | 33.409<br>119.2722  | 10.1802            | 35.7554   |
| $C_k$ [s]                                                                                            | 0.0026<br>0.0036  | 0.0790<br>0.0903 | 0.0092<br>0.0120 | 0.0093<br>0.0128    | 0.0250             | 0.0297    |
| $C_o$ [h]                                                                                            | 10<br>20          | 15<br>30         | 10<br>20         | 12.5<br>25          | 12                 | 24        |
| EKSPERYMENT NR 3                                                                                     |                   |                  |                  |                     |                    |           |
| WYNIKI UZYSKANE DLA NAJLEPSZEGO PRZYPADKU (KOMBINACJI: NORMALIZACJA + SZEROKOŚĆ OKNA + KLASYFIKATOR) |                   |                  |                  |                     |                    |           |
| $ERR_{sum}$                                                                                          | 73                | 79               | 77               | 79                  | –                  | 73        |
| $ACC$                                                                                                | 98.85%            | 98.75%           | 98.78%           | 98.75%              | –                  | 98.85%    |
| $SEN$                                                                                                | 90.19%            | 89.38%           | 89.65%           | 89.38%              | –                  | 90.19%    |
| $SPE$                                                                                                | 99.39%            | 99.34%           | 99.35%           | 99.34%              | –                  | 99.39%    |
| $\kappa$                                                                                             | 88.70%            | 87.84%           | 88.14%           | 87.73%              | –                  | 88.70%    |
| $W_c$                                                                                                | 49.09%            | 78.26%           | 49.51%           | 47.86%              | –                  | 49.09%    |
| $C_t$ [s]                                                                                            | 11.3537           | 0.1432           | 0.3316           | 54.0503             | –                  | –         |
| $C_k$ [s]                                                                                            | 0.0018            | 0.0853           | 0.0055           | 0.0077              | –                  | –         |
| $C_o$ [h]                                                                                            | 100               | 125              | 100              | 115                 | –                  | –         |
| ŚREDNI WYNIK DLA WSZYSTKICH PRZYPADKÓW Z DANEGO EKSPERYMENTU                                         |                   |                  |                  |                     |                    |           |
| $ERR_{sum}$                                                                                          | 87.83             | 103.00           | 97.50            | 96.67               | –                  | 96.25     |
| $ACC$                                                                                                | 98.61%            | 98.37%           | 98.46%           | 98.47%              | –                  | 98.48%    |
| $SEN$                                                                                                | 88.19%            | 86.16%           | 86.90%           | 87.01%              | –                  | 87.06%    |
| $SPE$                                                                                                | 99.26%            | 99.13%           | 99.18%           | 99.19%              | –                  | 99.19%    |
| $\kappa$                                                                                             | 86.41%            | 84.13%           | 84.96%           | 85.03%              | –                  | 85.13%    |
| $W_c$                                                                                                | 48.95%            | 53.63%           | 49.26%           | 49.54%              | –                  | 50.35%    |
| $C_t$ [s]                                                                                            | 11.9020           | 0.1253           | 0.3770           | 56.0443             | –                  | 17.1122   |
| $C_k$ [s]                                                                                            | 0.0018            | 0.0577           | 0.0057           | 0.0076              | –                  | 0.0182    |
| $C_o$ [h]                                                                                            | 100               | 125              | 100              | 115                 | –                  | 110       |

Tablica 5.11: Porównanie wyników, uzyskanych dla 3 rodzajów normalizacji oraz 4 szerokości okna Hamminga, obliczonych na podstawie tabel nr 5.1, 5.2, 5.3, 5.4.

| WSPÓŁCZYNNIKI                                                                                        | NORMALIZACJA         |                      |                     | EKSTRAKCCJA         |                      |                      |                     |
|------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------|----------------------|---------------------|---------------------|----------------------|----------------------|---------------------|
|                                                                                                      | BRAK                 | PRZESKALOWANIE       | STANDARYZACJA       | 128 PRÓBEK          | 256 PRÓBEK           | 512 PRÓBEK           | 1024 PRÓBEK         |
| EKSPERYMENT NR 1                                                                                     |                      |                      |                     |                     |                      |                      |                     |
| WYNIKI UZYSKANE DLA NAJLEPSZEGO PRZYPADKU (KOMBINACJI: NORMALIZACJA + SZEROKOŚĆ OKNA + KLASYFIKATOR) |                      |                      |                     |                     |                      |                      |                     |
| $ERR_{sum}$                                                                                          | 118                  | 106                  | 126                 | 106                 | 112                  | 107                  | –                   |
| $ACC$                                                                                                | 98.13%               | 98.32%               | 98.01%              | 98.32%              | 98.23%               | 98.31%               | –                   |
| $SEN$                                                                                                | 84.14%               | 85.75%               | 83.06%              | 85.75%              | 84.95%               | 85.62%               | –                   |
| $SPE$                                                                                                | 99.01%               | 99.11%               | 98.94%              | 99.11%              | 99.06%               | 99.10%               | –                   |
| ŚREDNI WYNIK DLA WSZYSTKICH PRZYPADKÓW Z DANEGO EKSPERYMENTU                                         |                      |                      |                     |                     |                      |                      |                     |
| $ERR_{sum}$                                                                                          | 134, 83              | 119, 83              | 139, 17             | 134, 17             | 134, 25              | 125, 42              | –                   |
| $ACC$                                                                                                | 97, 87%              | 98, 11%              | 97, 80%             | 97, 88%             | 97, 88%              | 98, 02%              | –                   |
| $SEN$                                                                                                | 81, 88%              | 83, 89%              | 81, 29%             | 81, 97%             | 81, 96%              | 83, 14%              | –                   |
| $SPE$                                                                                                | 98, 87%              | 98, 99%              | 98, 83%             | 98, 87%             | 98, 87%              | 98, 95%              | –                   |
| $C_t$ [s]                                                                                            | 7, 5405              | 8, 1127              | 7, 4504             | 7, 7549             | 7, 6641              | 7, 6847              | –                   |
| $C_k$ [s]                                                                                            | 0, 0260              | 0, 0261              | 0, 0259             | 0, 0260             | 0, 0260              | 0, 0260              | –                   |
| $C_o$ [h]                                                                                            | 5, 5                 | 5, 5                 | 5, 5                | 5, 5                | 5, 5                 | 5, 5                 | –                   |
| EKSPERYMENT NR 2                                                                                     |                      |                      |                     |                     |                      |                      |                     |
| 4-KROTNA WALIDACJA KRZYŻOWA / 10-KROTNA WALIDACJA KRZYŻOWA                                           |                      |                      |                     |                     |                      |                      |                     |
| WYNIKI UZYSKANE DLA NAJLEPSZEGO PRZYPADKU (KOMBINACJI: NORMALIZACJA + SZEROKOŚĆ OKNA + KLASYFIKATOR) |                      |                      |                     |                     |                      |                      |                     |
| $ERR_{sum}$                                                                                          | 108<br>85            | 97<br>81             | 109<br>87           | 99<br>92            | 104<br>89            | 97<br>81             | 98<br>85            |
| $ACC$                                                                                                | 98.29%<br>98.66%     | 98.47%<br>98.72%     | 98.28%<br>98.62%    | 98.43%<br>98.55%    | 98.36%<br>98.59%     | 98.47%<br>98.72%     | 98.45%<br>98.66%    |
| $SEN$                                                                                                | 85.48%<br>88.58%     | 86.96%<br>89.11%     | 85.35%<br>88.31%    | 86.69%<br>87.63%    | 86.02%<br>88.04%     | 86.96%<br>89.11%     | 86.83%<br>88.58%    |
| $SPE$                                                                                                | 99.09%<br>99.29%     | 99.19%<br>99.32%     | 99.08%<br>99.27%    | 99.17%<br>99.23%    | 99.13%<br>99.25%     | 99.19%<br>99.32%     | 99.18%<br>99.29%    |
| $\kappa$                                                                                             | 83.42%<br>86.82%     | 85.05%<br>87.46%     | 83.27%<br>86.51%    | 84.81%<br>85.80%    | 83.97%<br>86.20%     | 85.05%<br>87.46%     | 84.98%<br>86.92%    |
| ŚREDNI WYNIK DLA WSZYSTKICH PRZYPADKÓW Z DANEGO EKSPERYMENTU                                         |                      |                      |                     |                     |                      |                      |                     |
| $ERR_{sum}$                                                                                          | 125, 56<br>109, 38   | 108, 94<br>92, 63    | 128, 56<br>111, 94  | 126, 17<br>110, 25  | 127, 50<br>108, 83   | 118, 17<br>102, 25   | 112, 25<br>97, 25   |
| $ACC$                                                                                                | 98, 01%<br>98, 27%   | 98, 28%<br>98, 54%   | 97, 97%<br>98, 23%  | 98, 00%<br>98, 26%  | 97, 98%<br>98, 28%   | 98, 13%<br>98, 38%   | 98, 23%<br>98, 46%  |
| $SEN$                                                                                                | 83, 12%<br>85, 30%   | 85, 36%<br>87, 55%   | 82, 72%<br>84, 95%  | 83, 04%<br>85, 18%  | 82, 86%<br>85, 37%   | 84, 12%<br>86, 26%   | 84, 91%<br>86, 93%  |
| $SPE$                                                                                                | 98, 95%<br>99, 08%   | 99, 08%<br>99, 22%   | 98, 92%<br>99, 06%  | 98, 94%<br>99, 07%  | 98, 93%<br>99, 09%   | 99, 01%<br>99, 14%   | 99, 06%<br>99, 18%  |
| $\kappa$                                                                                             | 80, 70%<br>83, 10%   | 83, 28%<br>85, 68%   | 80, 24%<br>82, 70%  | 80, 65%<br>82, 97%  | 80, 43%<br>83, 20%   | 81, 82%<br>84, 18%   | 82, 72%<br>84, 97%  |
| $C_t$ [s]                                                                                            | 10, 6200<br>38, 7735 | 10, 1902<br>34, 4454 | 9, 7305<br>34, 0473 | 9, 9812<br>34, 9725 | 10, 0230<br>36, 5018 | 10, 7484<br>35, 5818 | 9, 9684<br>35, 9654 |
| $C_k$ [s]                                                                                            | 0, 0217<br>0, 0204   | 0, 0264<br>0, 0343   | 0, 0275<br>0, 0343  | 0, 0264<br>0, 0252  | 0, 0197<br>0, 0253   | 0, 0270<br>0, 0343   | 0, 0272<br>0, 0339  |
| $C_o$ [h]                                                                                            | 12<br>24             | 12<br>24             | 12<br>24            | 12<br>24            | 12<br>24             | 12<br>24             | 12<br>24            |
| EKSPERYMENT NR 3                                                                                     |                      |                      |                     |                     |                      |                      |                     |
| WYNIKI UZYSKANE DLA NAJLEPSZEGO PRZYPADKU (KOMBINACJI: NORMALIZACJA + SZEROKOŚĆ OKNA + KLASYFIKATOR) |                      |                      |                     |                     |                      |                      |                     |
| $ERR_{sum}$                                                                                          | 83                   | 73                   | 81                  | 91                  | 86                   | 73                   | 74                  |
| $ACC$                                                                                                | 98.69%               | 98.85%               | 98.72%              | 98.56%              | 98.64%               | 98.85%               | 98.83%              |
| $SEN$                                                                                                | 88.84%               | 90.19%               | 89.11%              | 87.77%              | 88.44%               | 90.19%               | 90.05%              |
| $SPE$                                                                                                | 99.30%               | 99.39%               | 99.32%              | 99.24%              | 99.28%               | 99.39%               | 99.38%              |
| $\kappa$                                                                                             | 87.19%               | 88.70%               | 87.53%              | 85.94%              | 86.70%               | 88.70%               | 88.53%              |
| $W_c$                                                                                                | 49.49%               | 49.09%               | 48.84%              | 46.74%              | 49.59%               | 49.09%               | 47.91%              |
| ŚREDNI WYNIK DLA WSZYSTKICH PRZYPADKÓW Z DANEGO EKSPERYMENTU                                         |                      |                      |                     |                     |                      |                      |                     |
| $ERR_{sum}$                                                                                          | 99.69                | 84.94                | 104.13              | 105.75              | 102.08               | 92.58                | 84.58               |
| $ACC$                                                                                                | 98.42%               | 98.66%               | 98.35%              | 98.33%              | 98.39%               | 98.54%               | 98.66%              |
| $SEN$                                                                                                | 86.60%               | 88.58%               | 86.00%              | 85.79%              | 86.28%               | 87.56%               | 88.63%              |
| $SPE$                                                                                                | 99.16%               | 99.29%               | 99.13%              | 99.11%              | 99.14%               | 99.22%               | 99.29%              |
| $\kappa$                                                                                             | 84.60%               | 86.88%               | 83.92%              | 83.66%              | 84.24%               | 85.70%               | 86.93%              |
| $W_c$                                                                                                | 50.93%               | 50.94%               | 49.14%              | 48.58%              | 51.82%               | 49.46%               | 51.52%              |
| $C_t$ [s]                                                                                            | 16.0006              | 17.1829              | 18.1530             | 18.6174             | 17.3389              | 16.4237              | 16.0685             |
| $C_k$ [s]                                                                                            | 0.0180               | 0.0193               | 0.0173              | 0.0167              | 0.0195               | 0.0178               | 0.0189              |
| $C_o$ [h]                                                                                            | 110                  | 110                  | 110                 | 110                 | 110                  | 110                  | 110                 |

## 6. Wnioski

W niniejszym rozdziale zostały przedstawione wnioski sformułowane na podstawie uzyskanych wyników z rozdziału nr 5.

Przedstawione w rozprawie wyniki są zdecydowanie bardziej zgodne ze schematem walidacji zorientowanym na pacjentów niż na klasy (uzasadnienie w sekcji: 3.2.4, przedstawienie schematów w sekcji: 2.6.1). Dlatego uzyskane w badaniach wyniki zostały porównane do wyników dostępnych w literaturze naukowej dla tego schematu walidacji - zorientowanego na pacjentów, przedstawionych w tabelach: 2.5 i 2.6, w rozdziale nr 2.

Na obecnym etapie badań, dla przyjętej metodologii (analiza dłuższych, 10-sekundowych fragmentów sygnałów EKG) nie udało się pozyskać większej liczby sygnałów EKG do stworzenia wystarczająco dużej bazy danych (większa liczba pacjentów, sygnałów, odprowadzeń i zaburzeń) aby przeprowadzić badania dokładnie zgodnie ze schematem walidacji zorientowanym na pacjentów.

Ze względu na zastosowanie metody (WTA – ang. *Winners Takes All*) oraz rozpoznawanie aż 17 klas, najbardziej istotnym z obliczonych współczynników z tabel z rozdziału nr 5 z wynikami jest czułość ( $SEN$ , obliczana na podstawie wzoru 3.12) oraz suma błędów ( $ERR_{sum}$ ), dlatego w kolejnych rozważaniach będziemy się sugerować przede wszystkim wartościami  $SEN$  i  $ERR_{sum}$  przy ocenie efektywności zastosowanych metod. Natomiast wartości parametrów  $ACC$  i  $SPE$  są bardzo wysokie dla wszystkich metod ( $ACC > 98\%$ ,  $SPE > 99\%$ ).

### 6.1. Hipotezy

W niniejszej sekcji zostały przedstawione uzasadnienia potwierdzające słuszność stawianych hipotez. Najpierw zostały przedstawione uzasadnienia 6 hipotez szczegółowych odpowiadających 6 przeprowadzonym eksperymentom, na podstawie których na końcu tej sekcji została wykazana słuszność głównej tezy całej rozprawy.

Hipotezy szczegółowe wraz z uzasadnieniami potwierdzającymi ich słuszność:

**Hipoteza 1** *Zastosowanie zaprojektowanej metodologii badań, polegającej na analizie dłuższych 10-sekundowych fragmentów sygnału EKG, składającej się z następujących metod: algorytmu przetwarzania wstępnego sygnału EKG, algorytmu ekstrakcji cech (polegającego na estymacji widmowej gęstości mocy sygnału EKG) oraz klasyfikowania zaburzeń serca bazującego na zopty-*

*malizowanych algorytmach uczenia maszynowego, umożliwi skuteczne diagnozowanie dysfunkcji mięśnia sercowego.*

Wyniki (sekcja: 5.6.1) uzyskane w ramach *Ekspertymentu nr 1 - Podstawowa analiza sygnału EKG* (sekcja: 4.1) potwierdziły stawianą hipotezę: zastosowanie zaprojektowanej metodologii badań (polegającej na analizie dłuższych 10-sekundowych fragmentów sygnału EKG w postaci estymowanej widmowej gęstości mocy, sekcja: 2.2) umożliwia skuteczne automatyczne diagnozowanie wielu dysfunkcji mięśnia sercowego za pomocą algorytmów uczenia maszynowego. Potwierdzeniem tego stwierdzenia są uzyskane wyniki zebrane w tabelach 5.1 i 5.9 oraz przedstawione na rysunkach 5.15, 5.16, 5.17 i 5.18. Z których jasno wynika, że **czułość** ( $SEN$ , odpowiadająca ogólnej skuteczności -  $Acc$ ) rozpoznawania 17 klas, dla najlepszego systemu  $SVM$  (przeskalowanie + 128 próbek), wynosząca **85.75%** jest jak najbardziej konkurencyjna z wynikami uzyskanymi w aktualnej literaturze naukowej, dla których **średnia skuteczność ogólna** ( $Acc$ ) wyniosła **84.79%**. Przytoczony wynik, uzyskany dla schematu walidacji zorientowanego na pacjentów, obliczono na podstawie wyników przedstawionych w tabelach 2.5 i 2.6 w rozdziale 2.

**Hipoteza 2** *Zastosowanie genetycznej optymalizacji parametrów klasyfikatorów bazujących na algorytmach uczenia maszynowego, 10-krotnej walidacji krzyżowej oraz ekstrakcji cech obliczanej dla 4 szerokości okna Hamminga, przy wykorzystaniu 3 rodzajów normalizacji, spowoduje zwiększenie czułości diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego.*

Wyniki (sekcja: 5.6.2) uzyskane w ramach *Ekspertymentu nr 2 - Genetyczna optymalizacja parametrów* (sekcja: 4.2) potwierdziły stawianą hipotezę: zastosowanie genetycznej optymalizacji parametrów klasyfikatorów powoduje zwiększenie czułości diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego. Potwierdzeniem tego stwierdzenia są uzyskane wyniki zebrane w tabelach 5.2, 5.3 i 5.9 oraz przedstawione na rysunkach 5.19, 5.20, 5.21, 5.22 i 5.23, 5.24, 5.25, 5.26. Z których jasno wynika, że obliczone dla nich parametry (np. liczba błędów -  $ERR_{sum}$ , czułość -  $SEN$ , współczynnik  $\kappa$ ) w porównaniu z parametrami obliczonymi na podstawie wyników uzyskanych dla *Ekspertymentu nr 1* (tabele 5.1 i 5.9) są zdecydowanie lepsze. Dla najlepszego systemu ( $SVM$ , przeskalowanie, 512 próbek, według tabeli 5.9), odpowiednio dla *Ekspertymentu nr 1*, *Ekspertymentu nr 2* (4-krotna walidacja), *Ekspertymentu nr 2* (10-krotna walidacja), parametry wynoszą:  $ERR_{sum} = 106, 97, 81$ ;  $SEN = 85, 75\%, 86, 96\%, 89, 11\%$ ;  $\kappa = 83, 65\%, 85, 05\%, 87, 45\%$ . Dla uśrednionych wyników (według tabeli 5.9), odpowiednio dla *Ekspertymentu nr 1*, *Ekspertymentu nr 2* (4-krotna walidacja), *Ekspertymentu nr 2* (10-krotna walidacja), parametry wynoszą:  $ERR_{sum} = 131.28, 121.02, 104.65$ ;  $SEN = 82, 36\%, 83, 73\%, 85, 93\%$ .

**Hipoteza 3** *Zastosowanie genetycznej selekcji cech (składowych częstotliwościowych widmowej gęstości mocy sygnału EKG) sprzężonej z genetyczną optymalizacją parametrów 4 typów klasyfikatorów, przy wykorzystaniu: 3 rodzajów normalizacji, 10-krotnej walidacji krzyżowej oraz ekstrakcji cech obliczanej dla 4 szerokości okna Hamminga, spowoduje zwiększenie czułości diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego.*

Wyniki (sekcja: 5.6.3) uzyskane w ramach *Ekspertymentu nr 3 - Genetyczna selekcja cech* (sekcja: 4.3) potwierdziły stawianą hipotezę: zastosowanie genetycznej selekcji cech powoduje zwiększenie czu-

łości diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego. Potwierdzeniem tego stwierdzenia są uzyskane wyniki zebrane w tabelach 5.4 i 5.9 oraz przedstawione na rysunkach 5.27, 5.28, 5.29 i 5.30. Z których jasno wynika, że obliczone dla nich parametry (np. liczba błędów -  $ERR_{sum}$ , czułość -  $SEN$ , współczynnik  $\kappa$ ) w porównaniu z parametrami obliczonymi na podstawie wyników uzyskanych dla *Eksperymentu nr 2* (tabele: 5.2, 5.3 i 5.9) są zdecydowanie lepsze. Dla najlepszego systemu (*SVM, przeskalowanie, 512 próbek*, według tabeli 5.9), odpowiednio dla *Eksperymentu nr 2 (4-krotna walidacja)*, *Eksperymentu nr 2 (10-krotna walidacja)* i *Eksperymentu nr 3* parametry wynoszą:  $ERR_{sum} = 97, 81, 73$ ;  $SEN = 86, 96\%, 89, 11\%, 90, 19\%$ ;  $\kappa = 85, 05\%, 87, 45\%, 88, 70\%$ . Dla uśrednionych wyników (według tabeli 5.9), odpowiednio dla *Eksperymentu nr 2 (4-krotna walidacja)*, *Eksperymentu nr 2 (10-krotna walidacja)* i *Eksperymentu nr 3*, parametry wynoszą:  $ERR_{sum} = 121.02, 104.65, 96.25$ ;  $SEN = 83, 73\%, 85, 93\%, 87, 06\%$ ;  $\kappa = 81, 40\%, 83, 83\%, 85, 13\%$ .

**Hipoteza 4** *Zastosowanie genetycznego dwu-warstwowego zespołu 17+1 klasyfikatorów SVM, optymalizowanego w celu zmaksymalizowania czułości rozpoznawania poszczególnych zaburzeń serca oraz bazującego na genetycznej selekcji cech i genetycznej optymalizacji parametrów klasyfikatorów, spowoduje zwiększenie czułości diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego.*

Wyniki (sekcja: 5.6.4) uzyskane w ramach *Eksperymentu nr 4 - Genetyczny zespół klasyfikatorów optymalizowanych po klasach* (sekcja: 4.4) potwierdziły stawianą hipotezę: zastosowanie genetycznego dwu-warstwowego zespołu 17+1 klasyfikatorów SVM, optymalizowanego po klasach powoduje zwiększenie czułości diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego. Potwierdzeniem tego stwierdzenia są uzyskane wyniki zebrane w tabelach 5.5 i 5.9 oraz przedstawione na rysunkach 5.31, 5.32, 5.33 i 5.34. Z których jasno wynika, że obliczone dla nich parametry (np. liczba błędów -  $ERR_{sum}$ , czułość -  $SEN$ , współczynnik  $\kappa$ ) w porównaniu z parametrami obliczonymi na podstawie wyników uzyskanych dla *Eksperymentu nr 3* (tabele: 5.4 i 5.9) są zdecydowanie lepsze. Dla najlepszego systemu (*Zespół 2w, przeskalowanie, 512 próbek*, według tabeli 5.9), odpowiednio dla *Eksperymentu nr 3* i *Eksperymentu nr 4* parametry wynoszą:  $ERR_{sum} = 73, 65$ ;  $SEN = 90, 19\%, 91, 26\%$ ;  $\kappa = 88, 70\%, 89, 95\%$ .

**Hipoteza 5** *Zastosowanie genetycznego dwu-warstwowego zespołu 10+1 klasyfikatorów SVM (zmodyfikowana metoda bagging), optymalizowanego w celu zmaksymalizowania czułości rozpoznawania zaburzeń serca dla poszczególnych zbiorów testowych oraz bazującego na genetycznej selekcji cech i genetycznej optymalizacji parametrów klasyfikatorów, spowoduje zwiększenie czułości diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego.*

Wyniki (sekcja: 5.6.5) uzyskane w ramach *Eksperymentu nr 5 - Genetyczny zespół klasyfikatorów optymalizowanych po zestawach zbiorów* (sekcja: 4.5) potwierdziły stawianą hipotezę: zastosowanie genetycznego dwu-warstwowego zespołu 10+1 klasyfikatorów SVM, optymalizowanego po zestawach zbiorów powoduje zwiększenie czułości diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego. Potwierdzeniem tego stwierdzenia są uzyskane wyniki zebrane w tabelach 5.6 i 5.9 oraz przedstawione na rysunkach 5.36, 5.37, 5.38 i 5.39. Z których jasno wynika, że obliczone dla nich parametry (np. liczba błędów -  $ERR_{sum}$ , czułość -  $SEN$ , współczynnik  $\kappa$ ) w porównaniu z parametrami obliczonymi na podstawie

wyników uzyskanych dla *Eksperymentu nr 3* (tabele: 5.4 i 5.9) są zdecydowanie lepsze. Dla najlepszego systemu (*Zespół 2w, przeskalowanie, 512 próbek*, według tabeli 5.9), odpowiednio dla *Eksperymentu nr 3* i *Eksperymentu nr 5* parametry wynoszą:  $ERR_{sum} = 73, 64$ ;  $SEN = 90, 19\%, 91, 40\%$ ;  $\kappa = 88.70\%, 90, 10\%$ .

**Hipoteza 6** *Zastosowanie głębokiego genetycznego trój-warstwowego zespołu 48+4+1 różnych klasyfikatorów: SVM, kNN, PNN, RBFNN, uczonego w celu rozpoznawania zaburzeń serca na podstawie 3 rodzajów przetwarzania wstępnego sygnału i 4 rodzajów ekstrakcji cech (4 szerokości okna Hamminga), bazującego na metodzie warstwowego uczenia głębokiego oraz genetycznej selekcji cech, genetycznej optymalizacji parametrów klasyfikatorów i 10-krotnej walidacji krzyżowej, spowoduje zwiększenie czułości diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego.*

Wyniki (sekcja: 5.6.6) uzyskane w ramach *Eksperymentu nr 6 - Głęboki genetyczny zespół klasyfikatorów* (sekcja: 4.6) potwierdziły stawianą hipotezę: zastosowanie głębokiego genetycznego trój-warstwowego zespołu 48+4+1 różnych klasyfikatorów: SVM, kNN, PNN, RBFNN powoduje zwiększenie czułości diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego. Potwierdzeniem tego stwierdzenia są uzyskane wyniki zebrane w tabelach 5.7 i 5.9 oraz przedstawione na rysunkach 5.50, 5.51, 5.52 i 5.53. Z których jasno wynika, że obliczone dla nich parametry (np. liczba błędów -  $ERR_{sum}$ , czułość -  $SEN$ , współczynnik  $\kappa$ ) w porównaniu z parametrami obliczonymi na podstawie wyników uzyskanych dla *Eksperymentu nr 4* i *Eksperymentu nr 5* (tabele: 5.5, 5.6 i 5.9) są zdecydowanie lepsze. Dla najlepszego systemu (*Zespół 3w, przeskalowanie, 512 próbek*, według tabeli 5.9), odpowiednio dla *Eksperymentu nr 4*, *Eksperymentu nr 5* i *Eksperymentu nr 6* parametry wynoszą:  $ERR_{sum} = 65, 64, 40$ ;  $SEN = 91, 26\%, 91, 40\%, 94.62\%$ ;  $\kappa = 89.95\%, 90, 10\%, 93.84\%$ .

W ramach prowadzonych badań sformułowano następującą tezę główną rozprawy:

**Teza** *Zastosowanie systemu ewolucyjno-neuronowego (głębokiego zespołu genetycznie optymalizowanych klasyfikatorów), do analizy genetycznie selekcionowanych cech w postaci składowych częstotliwościowych widmowej gęstości mocy, 10-sekundowych fragmentów sygnału EKG, umożliwi skuteczne i szybkie diagnozowanie wybranych dysfunkcji mięśnia sercowego.*

Wyniki (rozdział nr 5) uzyskane w ramach wszystkich *Eksperymentów* (rozdział nr 4) potwierdziły stawianą tezę: zastosowanie systemu ewolucyjno-neuronowego (głębokiego zespołu genetycznie optymalizowanych klasyfikatorów), do analizy genetycznie selekcionowanych cech w postaci składowych częstotliwościowych widmowej gęstości mocy, 10-sekundowych fragmentów sygnału EKG umożliwia skuteczne i szybkie diagnozowanie wybranych dysfunkcji mięśnia sercowego. Potwierdzeniem tego stwierdzenia są uzyskane wyniki zebrane w tabelach 5.7 i 5.9 oraz przedstawione na rysunkach 5.50, 5.51, 5.52 i 5.53. Z których jasno wynika, że **czułość** ( $SEN$ , odpowiadająca ogólnej skuteczności -  $Acc$ ) rozpoznawania 17 klas, dla najlepszego systemu *Zespół 3w (przeskalowanie + 512 próbek)*, wynosząca **94.62%** jest zdecydowanie wyższa niż średnie wyniki przedstawione w aktualnej literaturze naukowej, dla których **średnia skuteczność ogólna** ( $Acc$ ) wynosi **84.79%**. Przytoczony wynik, uzyskany



dla schematu walidacji zorientowanego na pacjentów, obliczono na podstawie wyników przedstawionych w tabelach 2.5 i 2.6 w rozdziale 2. Uzyskany wynik na poziomie:  $SEN = 94.62\%$  ( $ACC = 99.37\%$ ,  $SPE = 99.66\%$ ) jest drugim najwyższym wynikiem przedstawionym w literaturze naukowej, w której trzy najlepsze wyniki wynoszą odpowiednio:  $Acc/SEN = 98\%$ ,  $94\%$  i  $93\%$ . Należy również zwrócić uwagę na fakt, że uzyskany przez autora wynik dotyczy rozpoznawania aż 17 klas, natomiast wyniki przedstawione w literaturze dotyczą rozpoznawania jedynie 5 klas. Uzyskany czas klasyfikowania zaburzeń pracy serca, wynoszący:  $C_k = 0.8736$  [s], dla najlepszego systemu (*głębokiego genetycznego zespołu klasyfikatorów*) jest również bardzo korzystny.

Przedstawione wnioski, sformułowane na podstawie tabeli nr 5.9, jednoznacznie potwierdzają słuszność oraz logiczną kolejność zaplanowanych eksperymentów. Jak można zauważyć, z każdym kolejnym eksperymentem w zdecydowany sposób zwiększała się skuteczność rozpoznawania sygnałów EKG.

## 6.2. Eksperymenty

### EKSPERYMENT NR 1 - PODSTAWOWA ANALIZA SYGNAŁU EKG

Na podstawie uzyskanych wyników przedstawionych w tabelach: 5.1 i 5.10 można stwierdzić, że najlepszymi klasyfikatorami były: **SVM** ( $ERR_{sum} = 106$  i średnio 122;  $SEN = 85.75\%$  i średnio 83.89%) i **PNN** ( $ERR_{sum} = 107$  błędów i średnio 129;  $SEN = 85.62\%$  i średnio 82.63%), natomiast najgorszymi: **RBFNN** ( $ERR_{sum} = 120$  błędów i średnio 136;  $SEN = 83.87\%$  i średnio 81.71%) i **kNN** ( $ERR_{sum} = 122$  błędów i średnio 138;  $SEN = 83.60\%$  i średnio 81.47%).

Na podstawie uzyskanych wyników przedstawionych w tabelach: 5.1 i 5.11 można stwierdzić, że najlepszą metodą normalizacji sygnału było **przeskalowanie** ( $ERR_{sum} = 106$  i średnio 120;  $SEN = 85.75\%$  i średnio 83.89%), natomiast znacznie gorsze wyniki uzyskano dla pozostałych metod, odpowiednio: braku normalizacji ( $ERR_{sum} = 118$  i średnio 135;  $SEN = 84.14\%$  i średnio 81.88%) i standaryzacji ( $ERR_{sum} = 126$  i średnio 140;  $SEN = 83.06\%$  i średnio 81.29%).

Na podstawie uzyskanych wyników przedstawionych w tabelach: 5.1 i 5.11 można stwierdzić, że największą skuteczność wykazała ekstrakcja cech bazująca na oknie Hamminga o szerokości **512 próbek** ( $ERR_{sum} = 107$  i średnio 125;  $SEN = 85.62\%$  i średnio 83.14%), natomiast gorsze wyniki uzyskano, odpowiednio, dla szerokości 128 próbek ( $ERR_{sum} = 106$  i średnio 134;  $SEN = 85.75\%$  i średnio 81.97%) i 256 próbek ( $ERR_{sum} = 112$  i średnio 134;  $SEN = 84.95\%$  i średnio 81.96%).

### EKSPERYMENT NR 2 - GENETYCZNA OPTIMALIZACJA PARAMETRÓW

#### 4-krotna walidacja krzyżowa

Na podstawie uzyskanych wyników przedstawionych w tabelach: 5.2 i 5.10 można stwierdzić, że najlepszymi klasyfikatorami były: **SVM** ( $ERR_{sum} = 97$  i średnio 110;  $SEN = 86.96\%$  i średnio 85.26%) i **PNN** ( $ERR_{sum} = 98$  błędów i średnio 123;  $SEN = 86.83\%$  i średnio 83.41%), natomiast najgorszymi: **kNN** ( $ERR_{sum} = 102$  błędów i średnio 126;  $SEN = 86.29\%$  i średnio 83.08%) i **RBFNN** ( $ERR_{sum} = 108$  błędów i średnio 125;  $SEN = 85.48\%$  i średnio 83.19%).

Na podstawie uzyskanych wyników przedstawionych w tabelach: 5.2 i 5.11 można stwierdzić, że najlepszą metodą normalizacji sygnału było **przeskalowanie** ( $ERR_{sum} = 97$  i średnio 109;  $SEN =$



86.96% i średnio 85.36%), natomiast gorsze wyniki uzyskano dla pozostałych metod, odpowiednio: braku normalizacji ( $ERR_{sum} = 108$  i średnio 126;  $SEN = 85.48\%$  i średnio 83.12%) i standaryzacji ( $ERR_{sum} = 109$  i średnio 129;  $SEN = 85.35\%$  i średnio 82.72%).

Na podstawie uzyskanych wyników przedstawionych w tabelach: 5.2 i 5.11 można stwierdzić, że największą skuteczność wykazała ekstrakcja cech bazująca na oknach Hamminga o szerokościach: **512 próbek** ( $ERR_{sum} = 97$  i średnio 118;  $SEN = 86.96\%$  i średnio 84.12%) i **1024 próbki** ( $ERR_{sum} = 98$  i średnio 112;  $SEN = 86.83\%$  i średnio 84.91%), natomiast gorsze wyniki uzyskano, odpowiednio, dla szerokości 128 próbek ( $ERR_{sum} = 99$  i średnio 126;  $SEN = 86.69\%$  i średnio 83.04%) i 256 próbek ( $ERR_{sum} = 104$  i średnio 128;  $SEN = 86.02\%$  i średnio 82.86%).

### 10-krotna walidacja krzyżowa

Na podstawie uzyskanych wyników przedstawionych w tabelach: 5.3 i 5.10 można stwierdzić, że najlepszym klasyfikatorem był: **SVM** ( $ERR_{sum} = 81$  i średnio 92;  $SEN = 89.11\%$  i średnio 87.60%), gorsze wyniki uzyskały pozostałe klasyfikatory, odpowiednio: PNN ( $ERR_{sum} = 85$  błędów i średnio 105;  $SEN = 88.58\%$  i średnio 85.90%), kNN ( $ERR_{sum} = 85$  błędów i średnio 111;  $SEN = 88.58\%$  i średnio 85.14%) i RBFNN ( $ERR_{sum} = 92$  błędów i średnio 111;  $SEN = 87.63\%$  i średnio 85.10%).

Na podstawie uzyskanych wyników przedstawionych w tabelach: 5.3 i 5.11 można stwierdzić, że najlepszą metodą normalizacji sygnału było **przeskalowanie** ( $ERR_{sum} = 81$  i średnio 93;  $SEN = 89.11\%$  i średnio 87.55%), natomiast gorsze wyniki uzyskano dla pozostałych metod, odpowiednio: braku normalizacji ( $ERR_{sum} = 85$  i średnio 109;  $SEN = 88.58\%$  i średnio 85.30%) i standaryzacji ( $ERR_{sum} = 87$  i średnio 112;  $SEN = 88.31\%$  i średnio 84.95%).

Na podstawie uzyskanych wyników przedstawionych w tabelach: 5.3 i 5.11 można stwierdzić, że największą skuteczność wykazała ekstrakcja cech bazująca na oknach Hamminga o szerokościach: **512 próbek** ( $ERR_{sum} = 81$  i średnio 102;  $SEN = 89.11\%$  i średnio 86.26%) i **1024 próbki** ( $ERR_{sum} = 85$  i średnio 97;  $SEN = 88.58\%$  i średnio 86.93%), natomiast gorsze wyniki uzyskano, odpowiednio, dla szerokości 256 próbek ( $ERR_{sum} = 89$  i średnio 109;  $SEN = 88.04\%$  i średnio 85.37%) i 128 próbek ( $ERR_{sum} = 92$  i średnio 110;  $SEN = 87.63\%$  i średnio 85.18%).

### EKSPERYMENT NR 3 - GENETYCZNA SELEKCJA CECH

Na podstawie uzyskanych wyników przedstawionych w tabelach: 5.4 i 5.10 można stwierdzić, że najlepszym klasyfikatorem był: **SVM** ( $ERR_{sum} = 73$  i średnio 87.83;  $SEN = 90.19\%$  i średnio 88.19%), gorsze wyniki uzyskały pozostałe klasyfikatory, odpowiednio: PNN ( $ERR_{sum} = 77$  błędów i średnio 97.50;  $SEN = 89.65\%$  i średnio 86.90%), RBFNN ( $ERR_{sum} = 79$  błędów i średnio 96.67;  $SEN = 89.38\%$  i średnio 87.01%) i kNN ( $ERR_{sum} = 79$  błędów i średnio 103.00;  $SEN = 89.38\%$  i średnio 86.16%).

Na podstawie uzyskanych wyników przedstawionych w tabelach: 5.4 i 5.11 można stwierdzić, że najlepszą metodą normalizacji sygnału było **przeskalowanie** ( $ERR_{sum} = 73$  i średnio 84.94;  $SEN = 90.19\%$  i średnio 88.58%), natomiast gorsze wyniki uzyskano dla pozostałych metod, odpowiednio: standaryzacji ( $ERR_{sum} = 81$  i średnio 104.13;  $SEN = 89.11\%$  i średnio 86.00%) i braku normalizacji ( $ERR_{sum} = 83$  i średnio 99.69;  $SEN = 88.84\%$  i średnio 86.60%).

Na podstawie uzyskanych wyników przedstawionych w tabelach: 5.4 i 5.11 można stwierdzić, że największą skuteczność wykazała ekstrakcja cech bazująca na oknach Hamminga o szerokościach: **512 próbek** ( $ERR_{sum} = 73$  i średnio 92.58;  $SEN = 90.19\%$  i średnio 87.56%) i **1024 próbki** ( $ERR_{sum} = 74$  i średnio 84.58;  $SEN = 90.05\%$  i średnio 88.63%), natomiast gorsze wyniki uzyskano, odpowiednio, dla szerokości 256 próbek ( $ERR_{sum} = 86$  i średnio 102.08;  $SEN = 88.44\%$  i średnio 86.28%) i 128 próbek ( $ERR_{sum} = 91$  i średnio 105.75;  $SEN = 87.77\%$  i średnio 85.79%).

### 6.3. Nowatorskie systemy - zespoły klasyfikatorów

#### EKSPERYMENT NR 4 - GENETYCZNY ZESPÓŁ KLASYFIKATORÓW OPTYMALIZOWANYCH PO KLASACH

Na podstawie wyników przedstawionych w tabeli 5.5, można stwierdzić, że najlepszy wynik dla składowego klasyfikatora pierwszej warstwy zespołu wynosi:  $ERR_{sum} = 73$ ,  $SEN = 90.19\%$ , natomiast średni wynik dla wszystkich składowych klasyfikatorów pierwszej warstwy wynosi:  $ERR_{sum} = 76$ ,  $SEN = 89.75\%$ . Z kolei wynik dla całego genetycznego zespołu klasyfikatorów wynosi:  $ERR_{sum} = 65$ ,  $SEN = 91.26\%$ .

Przytoczona, według tabeli nr 3.1 skuteczność całego genetycznego zespołu klasyfikatorów, wynosi:  $ERR_{sum} = 65$ ,  $SEN = 91.26\%$  i jest ona zdecydowanie większa od skuteczności osiągniętej dla najlepszego pojedynczego klasycznego klasyfikatora z *Eksperymentów nr 1-3*, wynoszącej:  $ERR_{sum} = 73$ ,  $SEN = 90.19\%$ .

Przytoczone wyniki jednoznacznie potwierdzają słuszność zastosowania nowatorskiego zespołu klasyfikatorów optymalizowanego za pomocą genetycznego treningu.

Należy również wspomnieć, że pomimo faktu, że cały zespół składa się z 18 klasyfikatorów, czas klasyfikowania pojedynczego fragmentu sygnału EKG wynosi jedynie: **0.0321[s]**.

#### EKSPERYMENT NR 5 - GENETYCZNY ZESPÓŁ KLASYFIKATORÓW OPTYMALIZOWANYCH PO ZESTAWACH ZBIORÓW

Na podstawie wyników przedstawionych w tabeli 5.6, można stwierdzić, że najlepszy wynik dla składowego klasyfikatora pierwszej warstwy zespołu wynosi:  $ERR_{sum} = 73$ ,  $SEN = 90.19\%$ , natomiast średni wynik dla wszystkich składowych klasyfikatorów pierwszej warstwy wynosi:  $ERR_{sum} = 77$ ,  $SEN = 89.65\%$ . Z kolei wynik dla całego genetycznego zespołu klasyfikatorów wynosi:  $ERR_{sum} = 64$ ,  $SEN = 91.40\%$ .

Przytoczona, według tabeli nr 3.1 skuteczność całego genetycznego zespołu klasyfikatorów, wynosi:  $ERR_{sum} = 64$ ,  $SEN = 91.40\%$  i jest ona zdecydowanie większa od skuteczności osiągniętej dla najlepszego pojedynczego klasycznego klasyfikatora z *Eksperymentów nr 1-3*, wynoszącej:  $ERR_{sum} = 73$ ,  $SEN = 90.19\%$ .

Przytoczone wyniki jednoznacznie potwierdzają słuszność zastosowania nowatorskiego zespołu klasyfikatorów optymalizowanego za pomocą genetycznego treningu.

Należy również wspomnieć, że pomimo faktu, że cały zespół składa się z 11 klasyfikatorów, czas klasyfikowania pojedynczego fragmentu sygnału EKG wynosi jedynie: **0.0186[s]**.

## 6.4. Nowatorski system - głęboki genetyczny zespół klasyfikatorów

### EKSPERYMENT NR 6 - GŁĘBOKI GENETYCZNY ZESPÓŁ KLASYFIKATORÓW

Na podstawie wyników przedstawionych w tabelach 5.7 i 5.4, można stwierdzić, że najlepszy wynik dla składowego klasyfikatora pierwszej warstwy zespołu wynosi:  $EE R_{sum} = 73$ ,  $SEN = 90.19\%$ , a dla drugiej warstwy zespołu wynosi:  $EE R_{sum} = 51$ ,  $SEN = 93.15\%$ , natomiast średni wynik dla wszystkich składowych klasyfikatorów pierwszej warstwy wynosi:  $EE R_{sum} = 96.25$ ,  $SEN = 87.06\%$ , a dla drugiej warstwy wynosi:  $EE R_{sum} = 54.75$ ,  $SEN = 92.64\%$ . Z kolei wynik dla całego głębokiego genetycznego zespołu klasyfikatorów wynosi:  $EE R_{sum} = 40$ ,  $SEN = 94.62\%$ .

Przytoczona, według tabeli nr 3.1 skuteczność całego genetycznego zespołu klasyfikatorów, wynosi:  $EE R_{sum} = 40$ ,  $SEN = 94.62\%$  i jest ona zdecydowanie większa od skuteczności osiągniętej dla najlepszego z pozostałych dwóch nowatorskich genetycznych zespołów klasyfikatorów (z Eksperymentów nr 4-5), wynoszącej:  $EE R_{sum} = 64$ ,  $SEN = 91.40\%$ .

Przytoczone wyniki jednoznacznie potwierdzają słuszność zastosowania nowatorskiego głębokiego zespołu klasyfikatorów optymalizowanego za pomocą genetycznego treningu.

Należy również wspomnieć, że pomimo faktu, że cały zespół składa się z 53 klasyfikatorów, czas klasyfikowania pojedynczego fragmentu sygnału EKG wynosi jedynie: **0.8736[s]**.

## 6.5. Pozostałe eksperymenty

W ramach prac badawczych zostało przeprowadzonych wiele eksperymentów, jednak dokładniej opisanych zostało 6 doświadczeń przytoczonych we wcześniejszej części niniejszego rozdziału. Pozostałe eksperymenty nr 7-13, nie zostały dokładniej opisane ponieważ nie zakończyły się sukcesem. Poniżej zostały przedstawione, dla eksperymentów 7-13, krótkie uzasadnienia napotkanych trudności.

**Eksperyment nr 7 - System ewolucyjno-rozmyty** - Zbyt duża złożoność obliczeniowa uniemożliwiła przeprowadzenie poprawnego procesu uczenia. Po wielu dniach obliczeń w zbiorach uczących ciągle występowały błędy. System nie potrafił poprawnie rozpoznawać klas sygnału EKG.

**Eksperyment nr 8 - Genetycznie dobrany klasyczny zespół klasyfikatorów** - Po zastosowanej genetycznej optymalizacji, wybrany (najlepszy) zespół klasyfikatorów - *drzewa decyzyjne + bagging* uzyskał czułość na poziomie 86% (106 błędów). Przy tak zaawansowanej metodzie treningu, uzyskany wynik, równy czułości uzyskanej dla dużo mniej złożonego najlepszego pojedynczego klasycznego klasyfikatora (z Eksperymentu nr 1) można uznać za niepowodzenie.

**Eksperyment nr 9 - Głęboki zespół klasyfikatorów z systemem ewolucyjno-neuronowym** - Zbyt duża złożoność obliczeniowa uniemożliwiła przeprowadzenie poprawnego procesu uczenia. Po wielu dniach obliczeń w zbiorach uczących ciągle występowały błędy. System nie potrafił poprawnie rozpoznawać klas sygnału EKG.

**Eksperyment nr 10 - Klasyczny zespół klasyfikatorów** - Wytrenowany według metody *bagging* zespół klasyfikatorów uzyskał czułość na poziomie 90% (75 błędów). Biorąc pod uwagę fakt, że

poszczególne (składowe) klasyfikatory zespołu uzyskały wyższą czułość oraz, że zaprojektowany przez autora *genetyczny zespół klasyfikatorów* (z *Eksperymentu nr 5*) uzyskał czułość na poziomie 91% (64 błędy), osiągnięty wynik można uznać, za niepowodzenie.

**Eksperyment nr 11 - Genetyczny zespół klasyfikatorów optymalizowanych po klasach** - Zaprojektowany i genetycznie zoptymalizowany zespół klasyfikatorów uzyskał czułość, odpowiednio dla 4-krotnej i 10-krotnej walidacji krzyżowej równą 86% (106 błędów) i 88% (88 błędów). Biorąc pod uwagę, fakt, że najlepszy pojedynczy klasyczny klasyfikator z *Eksperymentu nr 2*, uzyskał czułość, odpowiednio dla 4-krotnej i 10-krotnej walidacji krzyżowej równą 87% (97 błędów) i 89% (81 błędów), osiągnięty wynik można uznać, za niepowodzenie.

**Eksperyment nr 12 - Genetyczny zespół klasyfikatorów** - Zaprojektowany i genetycznie zoptymalizowany zespół klasyfikatorów uzyskał czułość równą 93% (53 błędy). Biorąc pod uwagę fakt, że zaprojektowany przez autora *głęboki genetyczny zespół klasyfikatorów* (z *Eksperymentu nr 6*) uzyskał czułość równą 95% (40 błędów), osiągnięty wynik można uznać, za niepowodzenie.

**Eksperyment nr 13 - Głęboki zespół klasyfikatorów z systemem ewolucyjno-neuronowym optymalizowany po klasach** - Zbyt duża złożoność obliczeniowa uniemożliwiła przeprowadzenie poprawnego procesu uczenia. Po wielu dniach obliczeń w zbiorach uczących ciągle występowały błędy. System nie potrafił poprawnie rozpoznawać klas sygnału EKG.

## 6.6. Algorytmy uczenia maszynowego

Na podstawie trzech pierwszych eksperymentów, dla których uzyskane wyniki zebrano w tabeli nr 5.10, oraz wniosków przedstawionych w sekcji 6.2, możemy stwierdzić, że we wszystkich *eksperymentach nr 1-3*, najlepszym pojedynczym klasyfikatorem jest **SVM**. Wyniki przez niego uzyskane, dla kolejnych trzech eksperymentów: 1, 2a (4-krotna walidacja), 2b (10-krotna walidacja), 3, wynoszą odpowiednio:  $ERR_{sum} = 106, 97, 81, 73$ ; średni  $ERR_{sum} = 122, 110, 92, 88$ ;  $SEN = 85.75\%, 86.96\%, 89.11\%, 90.19\%$  i średnie  $SEN = 83.62\%, 85.26\%, 87.60\%, 88.19\%$ . Kolejne miejsca, wraz z osiągniętymi wynikami, zajęły odpowiednio klasyfikatory: **PNN**:  $ERR_{sum} = 107, 98, 85, 77$ ; średni  $ERR_{sum} = 129, 123, 105, 98$ ;  $SEN = 85.62\%, 86.83\%, 88.58\%, 89.65\%$  i średnie  $SEN = 82.63\%, 83.41\%, 85.90\%, 86.90\%$ , **kNN**:  $ERR_{sum} = 122, 102, 85, 79$ ; średni  $ERR_{sum} = 138, 126, 111, 103$ ;  $SEN = 83.60\%, 86.29\%, 88.58\%, 89.38\%$  i średnie  $SEN = 81.47\%, 83.08\%, 85.14\%, 86.16\%$  i **RBFNN**:  $ERR_{sum} = 120, 108, 92, 79$ ; średni  $ERR_{sum} = 136, 125, 111, 97$ ;  $SEN = 83.87\%, 85.48\%, 87.63\%, 89.38\%$  i średnie  $SEN = 81.71\%, 83.19\%, 85.10\%, 87.01\%$ .

## 6.7. Wstępne przetwarzanie sygnału (normalizacja)

Dzięki zastosowaniu zaprojektowanego algorytmu wstępnego przetwarzania sygnału (normalizacji) zmniejszono złożoność, a co za tym idzie czas obliczeń oraz zwiększono skuteczność procesu uczenia i rozpoznawania klasyfikatorów. Wstępne przetwarzanie sygnału (normalizacja) wzmocniło cechy

charakterystyczne analizowanych klas, co wpłynęło na zwiększenie odseparowania pomiędzy rozpoznawanymi klasami (chorobami) oraz zwiększyło koncentrację sygnałów (próbek) wewnątrz danych klas. W ramach badań zastosowano i porównano 3 warianty przetwarzania wstępnego sygnału (normalizacji): brak, przeskalowanie i standaryzację, których porównanie zostało przedstawione na rysunkach nr 5.2, 5.5 i 5.6. Na podstawie przytoczonych rysunków trudno jednoznacznie ocenić skuteczność zastosowanych metod normalizacji sygnału. Natomiast na rysunku nr 5.14 przedstawiono wizualizację kolejnych etapów przetwarzania sygnału EKG dla optymalnej kombinacji metod.

Na podstawie trzech pierwszych eksperymentów, dla których uzyskane wyniki zebrano w tabeli nr 5.11, oraz wniosków przedstawionych w sekcji 6.2, możemy stwierdzić, że we wszystkich *eksperymentach nr 1-3*, najlepszą metodą normalizacji jest **przeskalowanie** (wizualizacje wszystkich klas po przeskalowaniu przedstawiono na rysunku nr 5.3). Wyniki dla niego uzyskane, dla kolejnych trzech eksperymentów: 1, 2a (4-krotna walidacja), 2b (10-krotna walidacja), 3, wynoszą odpowiednio:  $ERR_{sum} = 106, 97, 81, 73$ ; średni  $ERR_{sum} = 120, 109, 93, 85$ ;  $SEN = 85.75\%, 86.96\%, 89.11\%, 90.19\%$  i średnie  $SEN = 83.89\%, 85.36\%, 87.55\%, 88.58\%$ . Kolejne miejsca, wraz z osiągniętymi wynikami, zajęły odpowiednio metody: **brak normalizacji**:  $ERR_{sum} = 118, 108, 85, 83$ ; średni  $ERR_{sum} = 135, 126, 109, 100$ ;  $SEN = 84.14\%, 85.48\%, 88.58\%, 88.84\%$  i średnie  $SEN = 81.88\%, 83.12\%, 85.30\%, 86.60\%$  i **standaryzacja**:  $ERR_{sum} = 126, 109, 87, 81$ ; średni  $ERR_{sum} = 139, 129, 112, 104$ ;  $SEN = 83.06\%, 85.35\%, 88.31\%, 89.11\%$  i średnie  $SEN = 81.29\%, 82.72\%, 84.95\%, 86.00\%$ .

## 6.8. Ekstrakcja cech

W ramach badań zastosowano i porównano 4 warianty ekstrakcji cech, polegające na estymowaniu widmowej gęstości mocy na podstawie 4 szerokości okna Hamminga: 128 próbek, 256 próbek, 512 próbek i 1024 próbki, których porównanie zostało przedstawione na rysunkach nr 5.5 i 5.6. Na podstawie przytoczonych rysunków trudno jednoznacznie ocenić skuteczność zastosowanych metod ekstrakcji cech (szerokości okien Hamminga).

Na podstawie trzech pierwszych eksperymentów, dla których uzyskane wyniki zebrano w tabeli nr 5.11, oraz wniosków przedstawionych w sekcji 6.2, możemy stwierdzić, że we wszystkich *eksperymentach nr 1-3*, najwyższą skuteczność osiągnęła ekstrakcja cech bazująca na szerokości okna Hamminga wynoszącej **512 próbek**. Wyniki uzyskane dla tej szerokości okna, dla kolejnych trzech eksperymentów: 1, 2a (4-krotna walidacja), 2b (10-krotna walidacja), 3, wynoszą odpowiednio:  $ERR_{sum} = 107, 97, 81, 73$ ; średni  $ERR_{sum} = 125, 118, 102, 93$ ;  $SEN = 85.62\%, 86.96\%, 89.11\%, 90.19\%$  i średnie  $SEN = 83.14\%, 84.12\%, 86.26\%, 87.56\%$ . Kolejne miejsca, wraz z osiągniętymi wynikami, zajęły odpowiednio szerokości okna wynoszące: **1024 próbki**:  $ERR_{sum} = -, 98, 85, 74$ ; średni  $ERR_{sum} = -, 112, 97, 85$ ;  $SEN = -, 86.83\%, 88.58\%, 90.05\%$  i średnie  $SEN = -, 84.91\%, 86.93\%, 88.63\%$ , **256 próbek**:  $ERR_{sum} = 112, 104, 89, 86$ ; średni  $ERR_{sum} = 134, 128, 109, 102$ ;  $SEN = 84.95\%, 86.02\%, 88.04\%, 88.44\%$  i średnie  $SEN = 81.96\%, 82.86\%, 85.37\%, 86.28\%$  i **128 próbek**:  $ERR_{sum} = 106, 99, 92, 91$ ; średni  $ERR_{sum} = 134, 126, 110, 106$ ;  $SEN = 85.75\%, 86.69\%, 87.63\%, 87.77\%$  i średnie  $SEN = 81.97\%, 83.04\%, 85.18\%, 85.79\%$ .



Należy zauważyć, że wyniki osiągnięte dla dwóch optymalnych szerokości okna, wynoszących 512 i 1024 próbek, są bardzo podobne. Jednak dość wyraźnie lepsze od dwóch kolejnych szerokości okna, wynoszących 256 i 128 próbek, które również osiągnęły bardzo podobne, pomiędzy sobą, wyniki.

Uzyskany wynik oznacza, że najlepsze rezultaty osiągnięto dla dwóch najszerszych okien Hamminga = 512 i 1024 próbek. Wspomniane szerokości odpowiadają analizie okien o czasie trwania, odpowiednio, około 1.25 [s] (około 2 ewolucji serca) i 2.50 [s] (około 4 ewolucji serca). Przy założeniu, że jedna ewolucja serca trwa około 310 próbek sygnału EKG. Uzyskany wynik potwierdza słuszność metodologii badań, bazującej na analizie dłuższych (10-sekundowych) fragmentów sygnału EKG, ponieważ wyniki dla węższych okien Hamminga (256 próbek), odpowiadających pojedynczej ewolucji serca odznaczały się zdecydowanie niższą skutecznością rozpoznawania dysfunkcji serca.

## 6.9. Selekcja cech

### EKSPERYMENT NR 3

W ramach *eksperymentu nr 3* przebadano skutek zastosowania genetycznej selekcji cech składowych częstotliwościowych widmowej gęstości mocy sygnału EKG. Wyniki optymalnej selekcji cech dla 4 klasyfikatorów (SVM, kNN, PNN, RBFNN) zostały przedstawione, odpowiednio, na rysunkach nr 5.10, 5.11, 5.12 i 5.13. Zastosowanie selekcji cech zwiększyło czułość diagnozowania patologii serca ze względu na usunięcie nadmiarowych lub błędnych informacji. Kolejnym pozytywnym skutkiem jej zastosowania było zredukowanie długości wejściowego wektora cech, dzięki czemu został zwiększony efekt generalizacji wiedzy przez klasyfikatory, obniżony efekt przeuczenia oraz skrócony czas treningu, optymalizacji i klasyfikowania. Autor w niniejszej pracy do selekcji cech zastosował algorytm genetyczny realizujący również optymalizację parametrów klasyfikatorów. Algorytm genetyczny został sprzężony z 10-krotną metodą walidacji krzyżowej podczas trenowania i testowania klasyfikatorów. Celem genetycznej selekcji cech było wyeliminowanie składowych częstotliwości odpowiadających: szumom, błędom pomiarowym, składowym zasilania sieciowego, wpływającej izolacji oraz nadmiarowym informacjom.

Potwierdzeniem przytoczonych wniosków są uzyskane wyniki, przedstawione w tabelach nr 5.4, 5.9, 5.10 i 5.11, z których jasno wynika, że zastosowanie selekcji cech zwiększyło skuteczność diagnozowania zaburzeń serca oraz zmniejszyło czas treningu i klasyfikacji próbek. Wyniki uzyskane dla *eksperymentu nr 3 - genetyczna selekcja cech*:  $ERR_{sum} = 73$ ; średni  $ERR_{sum} = 96$ ;  $SEN = 90.19\%$ , średnie  $SEN = 87.06\%$ ,  $C_t = 11.35$  [s], średnie  $C_t = 17.11$  [s],  $C_k = 0.0018$  [s], średnie  $C_k = 0.0182$  [s] oraz dla porównania dla *eksperymentu nr 2b* (10-krotna walidacja krzyżowa):  $ERR_{sum} = 81$ ; średni  $ERR_{sum} = 105$ ;  $SEN = 89.11\%$  i średnie  $SEN = 85.93\%$ ,  $C_t = 30.11$ , średnie  $C_t = 35.76$  [s],  $C_k = 0.0041$  [s], średnie  $C_k = 0.0297$  [s].

Na podstawie uzyskanych wyników, przedstawionych w tabelach nr 5.4, 5.9, 5.10 i 5.11 można zauważyć, że średnia liczba pozostawionych cech, dla *eksperymentu nr 3*, wynosi  $W_c = 49.09\%$  co oznacza, że optymalne wyniki (najwyższą czułość) uzyskano po odrzuceniu ponad połowy cech (składowych częstotliwościowych widmowej gęstości mocy sygnału EKG) z wektora wejściowego.

### EKSPERYMENTY NR 4-6

W ramach badań, w *eksperymentach nr 4-6*, zastosowano selekcję cech do genetycznego treningu (optymalizowania) klasyfikatorów wyższych warstw (2 i 3) - w wyniku czego odrzucono błędne odpowiedzi klasyfikatorów z pierwszej warstwy zespołu. Rezultaty takiej selekcji odpowiedzi klasyfikatorów zostały przedstawione na rysunkach nr 5.35, 5.40, 5.45, 5.46, 5.47, 5.48 i 5.49. Uzyskane wyniki, przedstawione w tabeli nr 5.9, jednoznacznie wskazują na słuszność takiego postępowania: wartości współczynników odpowiednio dla eksperymentu nr 3, 4, 5 i 6:  $ERR_{sum} = 73, 65, 64, 40$ ;  $SEN = 90.19\%, 91.26\%, 91.40\%, 94.62\%$ . Zaproponowane rozwiązanie w zdecydowany sposób zwiększyło skuteczność oraz skróciło czas klasyfikowania zespołu klasyfikatorów.

Na podstawie uzyskanych wyników, przedstawionych w tabeli nr 5.9, można zauważyć, że średnia liczba pozostawionych cech (składowych częstotliwościowych i odpowiedzi klasyfikatorów), dla **1 warstwy zespołu**, dla *eksperymentu nr 4*, wynosi  $W_c = 46.63\%$ , dla *eksperymentu nr 5* wynosi  $W_c = 46.44\%$ , a dla *eksperymentu nr 6* wynosi  $W_c = 47.31\%$ , co oznacza, że optymalne wyniki (najwyższą czułość) uzyskano po odrzuceniu ponad połowy cech (składowych częstotliwościowych widmowej gęstości mocy sygnału EKG i odpowiedzi klasyfikatorów) z wektorów wejściowych.

Na podstawie uzyskanych wyników, przedstawionych w tabelach nr 5.5, 5.6 i 5.7, można zauważyć, że średnia liczba pozostawionych cech (tylko odpowiedzi klasyfikatorów), dla *eksperymentu nr 4*, dla **2 warstwy zespołu**, wynosi  $W_c = 7.61\%$ , dla *eksperymentu nr 5*, dla **2 warstwy zespołu**, wynosi  $W_c = 22.35\%$ , a dla *eksperymentu nr 6*, dla **2 i 3 warstwy zespołu**, wynosi  $W_c = 30.19\%$ , co oznacza, że optymalne wyniki (najwyższą czułość) uzyskano po odrzuceniu większości cech (niepoprawnych odpowiedzi klasyfikatorów) z wektorów wejściowych.

Na podstawie rysunków nr 5.35, 5.40, 5.45, 5.46, 5.47, 5.48 i 5.49 możemy zauważyć, że dla zespołu z *eksperymentu nr 4*, zupełnie odrzucono 9 klasyfikatorów (wszystkie ich odpowiedzi) o numerach: K5, K6, K10, K11, K12, K14, K15, K16 i K17. Co oznacza, że ten zespół mógłby działać z taką samą skutecznością tylko na podstawie odpowiedzi z 8 pozostawionych klasyfikatorów, co w praktyce oznacza zdecydowanie skrócenie złożoności tego zespołu, a co za tym idzie skrócenie czasu treningu, klasyfikowania i optymalizowania.

## 6.10. Walidacja krzyżowa

W ramach badań przetestowano 3 warianty walidacji krzyżowej: 4-krotny sprawdzian krzyżowy, 10-krotny sprawdzian krzyżowy oraz walidację minus jednego elementu.

Metoda *4-krotnej walidacji krzyżowej* jest najmniej złożona obliczeniowo, jednak wyniki na jej podstawie uzyskane wykazywały mniejszą skuteczność. Było to spowodowane faktem, że stworzone na jej podstawie modele klasyfikatorów uczyły się na mniejszej liczbie elementów ze zbioru uczącego, przez co modele były gorzej dopasowane do rozpoznawanych klas.

Z kolei metoda *walidacji minus jednego elementu* jest bardzo złożona obliczeniowo przez co optymalizacja parametrów klasyfikatorów na niej bazująca trwała bardzo długo (optymalizacja jednego klasyfikatora przy pomocy algorytmu genetycznego sprzężonego z metodą walidacji minus jednego elementu trwała około 2 miesięcy) co uniemożliwiło przeprowadzenie badań.



Istotnym kryterium wpływającym na ocenę wariantów walidacji była miarodajność uzyskanych wyników w której najlepiej wypada metoda *walidacji minus jednego elementu* zbliżona do zastosowań praktycznych. Tworzymy w tej metodzie wiele modeli klasyfikatorów (744 modeli), kolejno na podstawie wszystkich (743) elementów ze zbioru uczącego, oprócz jednego elementu na którym testujemy model. Tworzone modele bazują na takim samym zestawie parametrów klasyfikatora dobranym w celu zminimalizowaniu sumy błędów we wszystkich 744 zbiorach uczących i 744 zbiorach testowych. Dzięki takiemu podejściu model jest utworzony na maksymalnej liczbie elementów oraz nie jest przeuczony i potrafi dobrze generalizować wiedzę ponieważ testowany jest dla każdego pojedynczego elementu. Kolejną z przebadanych metod, pod względem kryterium miarodajności, była metoda *10-krotnej walidacji krzyżowej* (10 modeli), natomiast najgorzej w tym kryterium wypada metoda *4-krotnej walidacji krzyżowej* (4 modele), bazując na uzasadnieniu przytoczonym powyżej.

Podsumowując, mimo najlepszych efektów treningu, ze względu na bardzo dużą złożoność i bardzo długi czas obliczeń odrzucono walidację minus jednego elementu. Na podstawie uzyskanych wyników badań, przedstawionych w tabeli nr 5.10, można jednoznacznie stwierdzić, że zdecydowanie lepsze wyniki uzyskano dla **10-krotnej walidacji krzyżowej**. Wyniki uzyskane, odpowiednio dla 4-krotnej i 10-krotnej walidacji (na podstawie *eksperymentu nr 2*), wynoszą:  $ERR_{sum} = 97$  i **81**; **średni**  $ERR_{sum} = 121$  i **105**;  $SEN = 86.96\%$  i **89.11%**, **średnie**  $SEN = 83.73\%$  i **85.93%**.

Na rysunkach nr 5.16, 5.20, 5.24, 5.28, 5.32, 5.37 i 5.51, przedstawiono błędy procentowe ( $ERR_p$ ) dla poszczególnych zbiorów testowych. Na ich podstawie można zauważyć, że dla wariantu 10-krotnej walidacji błąd dla pojedynczego zbioru nie przekracza 16%, natomiast dla wariantu 4-krotnej walidacji, błąd nie przekracza 40%. Można również zauważyć, że zwykle największe błędy występują w ostatnim (4 lub 10) zbiorze testowym, co wynika z faktu, że jest w nim inna, niż w pozostałych zbiorach, liczba elementów (sekcja: 3.2.4).

## 6.11. Optymalizacja parametrów

W ramach badań przetestowano 3 rodzaje optymalizacji parametrów: metodę przeszukiwania siatki, algorytm genetyczny oraz optymalizację rojem cząstek. Ze względu na podobne ale trochę gorsze wyniki optymalizacji dla PSO w porównaniu z GA, dokładnie przebadano metody bazujące na przeszukiwaniu siatki i algorytmie genetycznym.

Na podstawie uzyskanych wyników, przedstawionych w tabeli nr 5.9, możemy jednoznacznie stwierdzić, że zdecydowanie lepsze wyniki uzyskał **algorytm genetyczny**. Uzyskane wyniki, odpowiednio dla metody przeszukiwania siatki i algorytmu genetycznego (na podstawie *eksperymentu nr 1* i 2, dla 4-krotnej walidacji krzyżowej), wynoszą:  $ERR_{sum} = 106$  i **97**; **średni**  $ERR_{sum} = 131$  i **121**;  $SEN = 85.75\%$  i **86.96%**, **średnie**  $SEN = 82.36\%$  i **83.73%**.

Uzyskany wynik, jest jak najbardziej zgodny z oczekiwaniami. Dzięki zastosowaniu algorytmu genetycznego możliwe było przeszukanie dużo większej przestrzeni rozwiązań w tym samym czasie, w porównaniu z metodą przeszukiwania siatki. Kolejną zaletą była dużo większa rozdzielczość (mniejszy krok) testowanych parametrów. Te dwa argumenty wpłynęły na zdecydowanie lepszy wynik GA (szczegóły można znaleźć w tabelach z rozdziału nr 4).

## 6.12. Klasy/zaburzenia

Jedną z największych trudności analizy sygnału EKG, uwidocznioną podczas badań, jest zmienność cech morfologicznych i dynamicznych w obrębie danej klasy (zaburzenia) dla różnych pacjentów. Problem ten został przedstawiony dla klasy - *prawidłowy rytm zatokowy* dla 14 różnych pacjentów na rysunku nr 5.4 - sygnały EKG przed DFT na 14 wykresach, na rysunku nr 5.9 - sygnały EKG po DFT na 14 wykresach oraz na rysunku nr 5.8 - sygnały EKG po DFT na 1 wykresie. Z kolei na rysunku nr 5.7 zostały przedstawione, na 17 wykresach, sygnały EKG po DFT dla wszystkich rozpoznawanych klas, a w ich obrębie różnymi kolorami zaznaczono sygnały pochodzące od innych pacjentów. Ze wspomnianych rysunków wynika, że zmienność sygnałów w obrębie jednej klasy dla różnych pacjentów jest bardzo duża i porównywalna ze zmiennością kształtów sygnałów EKG dla różnych klas, przedstawionych na rysunku nr 5.3. W związku z tym faktem, bardzo ważnym zagadnieniem przy projektowaniu badań dotyczących analizy sygnałów EKG jest stworzenie odpowiednio dużej bazy danych (zawierającej dla każdej klasy sygnały od wielu pacjentów). Takie postępowanie, pozwoli na przeprowadzenie odpowiedniego treningu w wyniku którego stworzone modele klasyfikatorów będą dobrze generalizować wiedzę oraz będą odporne na przeuczenie (dopasowanie do poszczególnych pacjentów zamiast do klas rozpoznawanego sygnału EKG).

Na rysunkach nr 5.17, 5.21, 5.25, 5.29, 5.33, 5.38, 5.52, przedstawiono skuteczność rozpoznawania poszczególnych klas przez najlepsze klasyfikatory z poszczególnych eksperymentów. Na podstawie tabeli nr 5.8 możemy stwierdzić, bardzo wysoką skuteczność rozpoznawania praktycznie wszystkich klas: **SEN powyżej 70%** i **PPV powyżej 70%**. Najgorszy wynik dotyczy: *częstoskurczu nadkomorowego* ( $SEN = 72.73\%$ ) oraz *fuzji* ( $PPV = 73.33\%$ ).

Na podstawie tabeli nr 5.8 dokonano selekcji klas, bazując na współczynnikach:  $SEN$  i  $PPV$ . W wyniku selekcji odrzucono zaburzenia z najmniejszą wartością  $SEN$  i  $PPV$  zostawiając 15 klas (po odrzuceniu klas: *częstoskurcz nadkomorowy* i *fuzja*) i 12 klas (po odrzuceniu klas: *pobudzenia przedwczesne przedsionkowe*, *częstoskurcz nadkomorowy*, *trigeminia komorowa*, *częstoskurcz komorowy* oraz *fuzja*). Najlepszy z klasyfikatorów - *głęboki genetyczny zespół klasyfikatorów*, odpowiednio dla **17, 15 i 12 klas** uzyskał następującą czułość rozpoznawania patologii serca:  $SEN = 94.62\%, 95.40\%, 98.25\%$  oraz  $\kappa = 93.84\%, 94.68\%, 97.92\%$ .

## 6.13. Czasy

### EKSPERYMENTY

Na podstawie tabeli nr 5.9 możemy zauważyć, że dla **obydwu metod optymalizacji parametrów**: przeszukiwania siatki i algorytmu genetycznego (*eksperyment E1* i *eksperyment E2a*) **uzyskano porównywalne czasy** optymalizacji, odpowiednio:  $C_o[h] = 15$  i  $10$  (dla SVM, 2 parametry) oraz średnie:  $C_o[h] = 5.5$  i  $12$ , co potwierdza wyższość algorytmu genetycznego, który w porównywalnym czasie uzyskał lepsze wyniki. Należy również zwrócić uwagę na fakt, **znacznego skrócenia czasów** treningu i klasyfikacji, dzięki zastosowaniu **selekcji cech**, odpowiednio bez selekcji (*eksperyment E2b*) i z selekcją cech (*eksperyment E3*), uzyskano czasy:  $C_t[s] = 30.11$  i  $11.35$ ;  $C_k[s] = 0.0041$  i  $0.0018$  oraz średnie:  $C_t[s] =$

35.76 i 17.11;  $C_k[s] = 0.0297$  i  $0.0182$ . Godny odnotowania jest również fakt, że **zespoły klasyfikatorów z eksperymentów: E4, E5 i E6**, pomimo dużej złożoności, **uzyskały korzystne (krótkie) czasy treningu i klasyfikowania**, odpowiednio:  $C_t[s] = 207.34, 115.85, 821.59$ ;  $C_k[s] = 0.0321, 0.0186, 0.8736$ .

Podsumowując, na podstawie czasu optymalizacji ( $C_o$ ), możemy zauważyć, że zdecydowanie najdłużej trwała optymalizacja klasyfikatorów dla *eksperymentów: E3 i E6*, która była równa odpowiednio: 220 i 221 dni, z kolei najkrócej, 8 dni, trwał *eksperyment E1*. Całkowity **czas uczenia i optymalizowania klasyfikatorów**, dla wszystkich 6 eksperymentów, **wyniósł 631 dni** (niecałe dwa lata).

#### KLASYFIKATORY

Na podstawie tabeli nr 5.10, możemy stwierdzić, że **najszybciej uczył się** klasyfikator **kNN**, a **najwolniej** klasyfikator **RBFNN**, dla *eksperymentu nr 3*, odpowiednio: średnie  $C_t[s] = 0.1253$  i  $56.0443$ . Z kolei **najszybciej klasyfikował próbki** sygnału EKG, klasyfikator **SVM**, a najwolniej klasyfikator **kNN**, dla *eksperymentu nr 3*, odpowiednio: średnie  $C_k[s] = 0.0018$  i  $0.0577$ . Natomiast **najszybciej optymalizowały się** klasyfikatory: **SVM i PNN**, a **najwolniej** klasyfikator **kNN**, dla *eksperymentu nr 3*, odpowiednio: średnie  $C_o[h] = 100$  i  $125$ .

#### WALIDACJA

Na podstawie tabeli nr 5.10, możemy stwierdzić, co jest zgodne z oczekiwaniami, że **zdecydowanie dłużej trwa trening, klasyfikowanie oraz optymalizacja parametrów dla 10-krotnej walidacji krzyżowej niż dla 4-krotnej walidacji krzyżowej**. Uzyskano następujące wyniki, dla *eksperymentu nr 2*, odpowiednio dla 4-krotnej i 10-krotnej walidacji krzyżowej, średnie:  $C_t[s] = 10.18$  i  $35.76$ ;  $C_k[s] = 0.0250$  i  $0.0297$ ;  $C_o[h] = 12$  i  $24$ .

#### NORMALIZACJA

Na podstawie tabeli nr 5.11, możemy stwierdzić, że dla 3 rodzajów normalizacji wszystkie czasy (treningu, klasyfikowania i optymalizacji), dla *eksperymentów nr 1, 2 i 3* są porównywalne i nie można jednoznacznie stwierdzić dla której z zastosowanych rodzajów normalizacji trening i symulacja klasyfikatorów jest najszybsza/najwolniejsza.

#### EKSTRAKCJA

Na podstawie tabeli nr 5.11, możemy stwierdzić, że dla 4 szerokości okna Hamminga wszystkie czasy (treningu, klasyfikowania i optymalizacji), dla *eksperymentów nr 1, 2 i 3* są porównywalne i nie można jednoznacznie stwierdzić dla której z zastosowanych szerokości okna Hamminga trening i symulacja klasyfikatorów jest najszybsza/najwolniejsza.

## 6.14. Ocena uzyskanych wyników

Uzyskany, przez najlepszy klasyfikator: (*głęboki genetyczny zespół klasyfikatorów*) wynik na poziomie:  **$SEN = 94.62\%$**  ( $ACC = 99.37\%$ ,  $SPE = 99.66\%$ ), jest bardzo dobrym wynikiem na tle aktualnej literatury naukowej (w dziedzinie analizy sygnałów EKG, rozdział: 2, tabele nr: 2.5 i 2.6). Jest to drugi najwyższy wynik przedstawionym w literaturze naukowej, w której trzy najlepsze wyniki wynoszą odpowiednio:  $Acc/SEN = 98\%$ ,  $94\%$  i  $93\%$ , natomiast średnie  $Acc/SEN$  wynosi  **$84.79\%$** . Należy również zwrócić uwagę na fakt, że uzyskany przez autora wynik dotyczy rozpoznawania aż **17 klas**, natomiast wyniki przedstawione w literaturze dotyczą rozpoznawania jedynie **5 klas**. Najlepszy z

klasyfikatorów - *głęboki genetyczny zespół klasyfikatorów*, dla **mniejszej liczby klas: 15 i 12** uzyskał następującą czułość rozpoznawania patologii serca:  $SEN = 95.40\%$  i  $98.25\%$ . Uzyskany czas klasyfikowania pojedynczej próbki sygnału EKG, wynoszący:  $C_k = 0.8736$  [s] jest również bardzo korzystny.

Należy podkreślić fakty: rozpoznawania aż **17 klas**, zastosowania **10-krotnej walidacji krzyżowej** (podobnej do **schematu walidacji zorientowanej na pacjentów**) oraz **prawidłowego zbalansowania ilości danych** w poszczególnych klasach (sekcja: 2.7.2 i 3.2.4), co w zdecydowany sposób podnosi poziom przeprowadzonych badań i wzmacnia wartość uzyskanych wyników.

## 7. Podsumowanie

Badania prowadzone w ramach niniejszej rozprawy doktorskiej dotyczyły bardzo istotnej, ze społecznego punktu widzenia, tematyki - zapobiegania chorobom układu krążenia, które są najczęstszą przyczyną zgonów na świecie. Celem prowadzonych badań było stworzenie algorytmów służących do skutecznego, automatycznego rozpoznawania dysfunkcji mięśnia sercowego (prawidłowego rytmu zatokowego, rytmu z rozrusznika oraz 15 zaburzeń pracy serca). Algorytmy były projektowane z myślą o ich zastosowaniu w telemedycynie i urządzeniach mobilnych, wspomagających profilaktykę leczenia chorób układu krążenia. Główny nacisk został położony na skuteczność projektowanego rozwiązania, jednak ze względu na zamiar wykorzystania zaprojektowanych algorytmów w urządzeniach mobilnych dodatkowym kryterium oceny był czas trwania analizy która powinna odbywać się w czasie rzeczywistym. Należy nadmienić, że obecnie opisane, w literaturze naukowej, rozwiązania nie wykazują zadowalającej skuteczności.

Do zaprojektowania i przebadania algorytmów została stworzona baza danych zawierająca 744 fragmenty (10 sekundowe) sygnałów EKG od 29 pacjentów pochodzące z ogólnodostępnej bazy: MIH-BIH Arrhythmia Database. Analizowane fragmenty sygnałów EKG pochodziły tylko z jednego odprowadzenia: MLII.

W badaniach zastosowano oryginalną metodologię polegającą na analizie dłuższych (10 sekundowych) fragmentów sygnału EKG. W celu wzmocnienia charakterystycznych cech sygnału EKG estymowano widmową gęstość mocy za pomocą metody Welch'a i dyskretnej transformacji Fouriera.

W ramach badań przeprowadzono 6 eksperymentów (rozdział nr 4) obejmujących podstawową analizę sygnałów EKG, genetyczną optymalizację parametrów i genetyczną selekcję cech oraz różne typy oryginalnych zespołów klasyfikatorów. Na podstawie przeprowadzonych eksperymentów przeanalizowano i wskazano najlepsze metody dotyczące: przetwarzania wstępnego sygnału, normalizacji, ekstrakcji i selekcji cech (składowych częstotliwościowych), walidacji krzyżowej, klasyfikatorów (SVM, kNN, PNN, RBFNN) i zespołów klasyfikatorów oraz optymalizacji parametrów. W wyniku szczegółowych badań została wytyczona ścieżka (kombinacja metod) dla której uzyskano najwyższą czułość rozpoznawania zaburzeń pracy mięśnia sercowego. Wyniki zweryfikowano za pomocą wyznaczonych współczynników (sumy błędów, czułości, współczynnika  $\kappa$ , czasu klasyfikacji, itp.) uzyskanych na podstawie macierzy pomyłek.

Otrzymane wyniki w pełni potwierdzają słuszność prowadzonych badań i stawiane hipotezy oraz udowadniają zrealizowanie celu - skutecznego i szybkiego rozpoznawania patologii pracy mięśnia sercowego. Najlepszy system - **głęboki genetyczny zespół klasyfikatorów**, uzyskał czułość identyfikowania,

aż **17 dysfunkcji mięśnia sercowego**, na poziomie:  $SEN = 94.62\%$  ( $ERR_{sum} = 40$  błędów na 744 klasyfikacje,  $ACC = 99.37\%$ ,  $SPE = 99.66\%$ ), przy czasie klasyfikowania jednej próbki sygnału EKG na poziomie:  $C_k = 0.8736$  [s]. Na tle aktualnej literatury naukowej (rozdział 2, tabele: 2.5 i 2.6) jest to bardzo dobry wynik (drugi najlepszy), potwierdzający sens prowadzenia dalszych badań w tej dziedzinie na podstawie zaproponowanej metodologii.

## 7.1. Oryginalne elementy rozprawy

Na podstawie przytoczonego przeglądu literatury (rozdział 2) oraz aktualnych artykułów przeglądowych (np. [96]), można stwierdzić, że do oryginalnych elementów rozprawy doktorskiej należą:

- Zastosowana i opisana poniżej metodologia badań jest oryginalna w dziedzinie analizy sygnałów EKG. Podobne rozwiązania zostały opisane w pracach autora: [258], [262].

**Metodologia** – zaprojektowano nowe podejście do analizy sygnału EKG. Głównym założeniem autora było stworzenie inteligentnego systemu automatycznie analizującego sygnał EKG w celu wspomagania lekarzy w diagnozowaniu dysfunkcji mięśnia sercowego. Zaprojektowany system był wzorowany na pracy lekarza kardiologa polegającej na analizie kolejnych fragmentów sygnału EKG. Do najważniejszych założeń metodologii należą:

- analiza dłuższych (10-sekundowych) fragmentów sygnału EKG, zawierających wiele ewolucji serca,
  - duża liczba rozpoznawanych klas: prawidłowy rytm zatokowy, rytm z rozrusznika oraz 15 zaburzeń serca,
  - brak filtrowania sygnału ze względu na wykorzystanie oryginalnej ekstrakcji i selekcji cech które niwelują szumy i składową napięcia sieciowego,
  - trzy rodzaje normalizacji sygnału,
  - brak detekcji zespołów QRS i segmentacji sygnału EKG,
  - zastosowanie 10-krotnej walidacji krzyżowej w celu zredukowania efektu przeuczenia oraz uzyskania miarodajnych wyników.
- Zastosowane i opisane poniżej metody ekstrakcji i selekcji cech są oryginalne w dziedzinie analizy długich (10-sekundowych) fragmentów sygnałów EKG. Podobne rozwiązania zostały opisane w pracy autora: [258].

**Ekstrakcja cech** – zaprojektowano ekstrakcję cech polegającą na wzmocnieniu cech charakterystycznych sygnału poprzez estymowanie widmowej gęstości mocy za pomocą metody Welch’a i dyskretnej transformacji Fouriera (analiza danych w dziedzinie częstotliwości dla 4 szerokości okna Hamminga).

**Genetyczna selekcja cech** – zaprojektowano selekcję cech polegającą na eliminowaniu nadmiarowych cech (składowych częstotliwościowych widmowej gęstości mocy sygnału EKG) za pomocą algorytmu genetycznego.



- Zastosowane i opisane poniżej zespoły klasyfikatorów oraz metoda ich treningu są oryginalne. Podobne rozwiązania zostały opisane w pracach autora: [260], [263].

**Genetyczny trening i optymalizacja klasyfikatorów** – zaprojektowano trening, testowanie i optymalizację parametrów klasyfikatorów za pomocą algorytmu genetycznego sprzężonego z metodą walidacji krzyżowej oraz genetyczną selekcją cech.

**Genetyczny zespół klasyfikatorów optymalizowany po klasach** – zaprojektowano dwu-warstwowy zespół, składający się z: 17 klasyfikatorów SVM (nu-SVC, odpowiadających 17 klasom) + 1 klasyfikatora SVM (C-SVC). W zespole każdy klasyfikator warstwy wejściowej optymalizowany jest w celu zmaksymalizowania czułości rozpoznawania poszczególnych zaburzeń serca. Klasyfikator warstwy wyjściowej na podstawie odpowiedzi klasyfikatorów wejściowych oraz genetycznej selekcji podejmuje ostateczną decyzję. Zespół uczony warstwowo z genetyczną selekcją i optymalizacją parametrów klasyfikatorów.

**Genetyczny zespół klasyfikatorów optymalizowany po zestawach zbiorów** – zaprojektowano dwu-warstwowy zespół, składający się z: 10 klasyfikatorów SVM (nu-SVC, odpowiadających 10 zbiorom testowym) + 1 klasyfikatora SVM (C-SVC), zmodyfikowana metoda *bagging*. W zespole każdy klasyfikator warstwy wejściowej optymalizowany jest w celu zmaksymalizowania czułości rozpoznawania zaburzeń serca dla poszczególnych zbiorów testowych. Klasyfikator warstwy wyjściowej na podstawie odpowiedzi klasyfikatorów wejściowych oraz genetycznej selekcji podejmuje ostateczną decyzję. Zespół uczony warstwowo z genetyczną selekcją i optymalizacją parametrów klasyfikatorów.

**Głęboki genetyczny zespół klasyfikatorów** – zaprojektowano trzy-warstwowy zespół, składający się z: 48 klasyfikatorów (SVM nu-SVC, kNN, PNN, RBFNN) + 4 klasyfikatorów SVM (C-SVC) + 1 klasyfikatora SVM (C-SVC). W zespole każdy klasyfikator warstwy wejściowej optymalizowany jest w celu zmaksymalizowania czułości rozpoznawania zaburzeń serca. Poszczególne klasyfikatory warstwy wejściowej uczone są na podstawie 3 rodzajów przetwarzania wstępnego sygnału i 4 rodzajów ekstrakcji cech (4 szerokości okna Hamminga). W dwóch warstwach wyjściowych, na podstawie odpowiedzi klasyfikatorów wejściowych oraz bazując na metodzie głębokiego uczenia oraz genetycznej selekcji cech, zachodzi proces wydobywania wiedzy prowadzący do podjęcia ostatecznej decyzji przez system. Zespół uczony warstwowo z genetyczną selekcją i optymalizacją parametrów klasyfikatorów.

## 7.2. Napotkane trudności

Warto nadmienić, że w porównaniu z badaniami prowadzonymi przez autora na innych sygnałach/danych [259, 260, 263, 258, 261, 262], analiza sygnału EKG cechuje się specyficznymi trudnościami, wymienionymi poniżej:

- Okresowość.
- Zmienność w tej samej klasie wynikająca z aparatury i przede wszystkim od cech pacjentów (inne cechy morfologiczne i dynamiczne tego samego zaburzenia dla różnych pacjentów).



- Problemy z jakością sygnału: zakłócenia/szumy od aparatury, sieci czy wpływającej izolinii od akcji oddechowej.
- Bardzo duża liczba podobnych do siebie klas.
- Dynamiczność sygnału (zmienność w czasie).
- Duża liczba odprowadzeń (czujników) - standardowo 12.
- Przygotowanie odpowiednio dużej i różnorodnej bazy danych.

### 7.3. Kierunki dalszych badań

Bardzo obiecujące wyniki uzyskane w ramach przeprowadzonych eksperymentów potwierdzają celowość prowadzenia dalszych badań. Oryginalny charakter zaproponowanej metodologii otwiera szerokie możliwości kontynuowania prac nad ulepszeniem i rozwinięciem zaprojektowanych algorytmów do automatycznego diagnozowania dysfunkcji mięśnia sercowego. Poniżej zostały przedstawione proponowane kierunki dalszych badań:

- Stworzenie większej bazy danych, we współpracy z kliniką kardiologii, zawierającą większą liczbę fragmentów sygnałów EKG, pacjentów oraz analizowanych klas.
- Analiza sygnałów EKG zawierających wiele klas w pojedynczym fragmencie sygnału EKG (wiele rozpoznawanych klas, nie tylko jedna, w pojedynczym fragmencie sygnału EKG).
- Analiza nakładających się na siebie fragmentów sygnału EKG.
- Analiza fragmentów sygnałów EKG pochodzących z większej liczby odprowadzeń (2-12).
- Zastosowanie ekstrakcji cech bazującej na analizie falkowej.
- Zastosowanie walidacji krzyżowej całkowicie zorientowanej na pacjentów (testowanie klasyfikatorów zawsze wykonywane na sygnałach EKG pochodzących od innych pacjentów niż uczenie klasyfikatorów).
- Analiza sekwencji kolejnych fragmentów sygnału EKG poprzez zastosowanie systemu neurodynamicznego w postaci rekurencyjnej sieci neuronowej.

## Publikacje autora

### PUBLIKACJE NAUKOWE POWIĄZANE Z TEMATYKĄ ROZPRAWY DOKTORSKIEJ:

1. **P. Pławiak**, W. Maziarz; *Comparison of artificial intelligence methods on the example of tea classification based on signals from e-nose sensors*; HRPUB, Advances in Signal Processing; 1(2): 19-32; 10/2013; IF = 0.0, MNiSW = 0 pkt.
2. **P. Pławiak**, W. Maziarz; *Classification of tea specimens using novel hybrid artificial intelligence methods*; Elsevier, Sensors and Actuators B: Chemical; 192: 117-125; 03/2014; IF = 4.3, MNiSW = 40 pkt.
3. **P. Pławiak**, R. Tadeusiewicz; *Approximation of phenol concentration using novel hybrid computational intelligence methods*; International Journal of Applied Mathematics and Computer Science; 24(1): 165-181; 03/2014; IF = 1.3, MNiSW = 25 pkt.
4. **P. Pławiak**; *An estimation of the state of consumption of a positive displacement pump based on dynamic pressure or vibrations using neural networks*; Elsevier, Neurocomputing; 144: 471-483; 11/2014; IF = 2.3, MNiSW = 30 pkt.
5. **P. Pławiak**, K. Rzecki; *Approximation of Phenol Concentration Using Computational Intelligence Methods Based on Signals From the Metal-Oxide Sensor Array*; IEEE, Sensors Journal; 15(3): 1770-1783; 03/2015; IF = 1.9, MNiSW = 30 pkt.
6. **P. Pławiak**, T. Sońnicki, M. Niedźwiecki, Z. Tabor, K. Rzecki; *Hand Body Language Gesture Recognition Based on Signals From Specialized Glove and Machine Learning Algorithms*; IEEE, Transactions on Industrial Informatics; 12(3): 1104-1113; 06/2016; IF = 6.9, MNiSW = 50 pkt.

### PUBLIKACJE NAUKOWE NIEZWIĄZANE Z TEMATYKĄ ROZPRAWY DOKTORSKIEJ:

7. T. Wójtowicz, K. Rzecki, **P. Pławiak**, M. Niedźwiecki, T. Sońnicki, K. Smelcerz, T. Wojtoń, Z. Tabor; *Emergence of cooperation as a result of mutation and inheritance in PD/PG-like game*; Politechnika Krakowska, Czasopismo Techniczne; 1(19): 71-84; 02/2016; IF = 0.0, MNiSW = 13 pkt.
8. T. Wójtowicz, K. Rzecki, **P. Pławiak**, M. Niedźwiecki, T. Sońnicki, T. Wojtoń, K. Smelcerz, Z. Tabor; *The Dynamics of the Distribution of co-authors*; Politechnika Krakowska, Czasopismo Techniczne; 1(19): 85-104; 02/2016; IF = 0.0, MNiSW = 13 pkt.

**mgr inż. Paweł Pławiak:** E-mail: [plawiak@agh.edu.pl](mailto:plawiak@agh.edu.pl); [plawiak@pk.edu.pl](mailto:plawiak@pk.edu.pl); WWW: <http://home.agh.edu.pl/plawiak/>; ResearchGate; Google Scholar; LinkedIn; <http://siaa.iti.pk.edu.pl/>;

# Bibliografia

- [1] Algorytm genetyczny: [https://en.wikipedia.org/wiki/Genetic\\_algorithm](https://en.wikipedia.org/wiki/Genetic_algorithm).
- [2] Algorytm genetyczny: [https://pl.wikipedia.org/wiki/Algorytm\\_genetyczny](https://pl.wikipedia.org/wiki/Algorytm_genetyczny).
- [3] Analiza widmowa: [http://www.sound.eti.pg.gda.pl/student/amowy/AM\\_03\\_analiza\\_widmowa.pdf](http://www.sound.eti.pg.gda.pl/student/amowy/AM_03_analiza_widmowa.pdf).
- [4] Anatomia człowieka: [http://www.anatomia.gmo.pl/ukl\\_kra.html](http://www.anatomia.gmo.pl/ukl_kra.html).
- [5] The basis of ecg diagnosis: <http://www.bem.fi/book/19/19.htm>.
- [6] Deep learning: <http://deeplearning.net/>.
- [7] Deep learning: [https://en.wikipedia.org/wiki/Deep\\_learning](https://en.wikipedia.org/wiki/Deep_learning).
- [8] Deep learning: [http://www.scholarpedia.org/article/Deep\\_Learning](http://www.scholarpedia.org/article/Deep_Learning).
- [9] Dyskretny sygnały stochastyczne: <http://ztmapc.el.pcz.pl/stud/dsp/DSP-Lab-cw3.pdf>.
- [10] Ecg interpretation: <http://www.ceufast.com/courses/viewcourse.asp?id=239>.
- [11] Ecg rhythms: <http://www.ambulancetechnicianstudy.co.uk/rhythms.html>.
- [12] Ekg: [http://www.luxcordis.org/LuxCordis/content/heart/1\\_Zdrowe\\_serce/](http://www.luxcordis.org/LuxCordis/content/heart/1_Zdrowe_serce/).
- [13] Electrocardiography: <https://en.wikipedia.org/wiki/Electrocardiography>.
- [14] Elektrokardiografia: <http://pl.wikipedia.org/wiki/Elektrokardiografia>.
- [15] Elektrokardiografia: <http://www.ekg.net.pl/>.
- [16] Elektrokardiografia: <http://www.elektrodiagnostyka.republika.pl/ekg.html>.
- [17] Ensemble learning: [https://en.wikipedia.org/wiki/Ensemble\\_learning](https://en.wikipedia.org/wiki/Ensemble_learning).
- [18] Ensemble learning: [http://www.scholarpedia.org/article/Ensemble\\_learning](http://www.scholarpedia.org/article/Ensemble_learning).
- [19] Ensembles of classifiers: [https://en.wikipedia.org/wiki/Ensembles\\_of\\_classifiers](https://en.wikipedia.org/wiki/Ensembles_of_classifiers).
- [20] Fala pardeego: [http://pl.wikipedia.org/wiki/Fala\\_Pardeego](http://pl.wikipedia.org/wiki/Fala_Pardeego).
- [21] Fleiss' kappa: [https://en.wikipedia.org/wiki/Fleiss%27\\_kappa](https://en.wikipedia.org/wiki/Fleiss%27_kappa).
- [22] Klasyfikatory dyskryminacyjne: [https://en.wikipedia.org/wiki/Discriminative\\_model](https://en.wikipedia.org/wiki/Discriminative_model).

- [23] Klasyfikatory generatywne: [https://en.wikipedia.org/wiki/Generative\\_model](https://en.wikipedia.org/wiki/Generative_model).
- [24] Normalizacja: [http://microarray.republika.pl/pdf/r5\\_1\\_3.pdf](http://microarray.republika.pl/pdf/r5_1_3.pdf).
- [25] Okno czasowe: [https://pl.wikipedia.org/wiki/Okno\\_czasowe](https://pl.wikipedia.org/wiki/Okno_czasowe).
- [26] Optymalizacja rojem cząstek: [http://achilles.tu.kielce.pl/Members/ppaduch/wykl42ady/obliczenia-naturalne/wyklad\\_08.pdf/view](http://achilles.tu.kielce.pl/Members/ppaduch/wykl42ady/obliczenia-naturalne/wyklad_08.pdf/view).
- [27] Optymalizacja rojem cząstek: [https://en.wikipedia.org/wiki/Particle\\_swarm\\_optimization](https://en.wikipedia.org/wiki/Particle_swarm_optimization).
- [28] Optymalizacja rojem cząstek: [http://zsi.ii.us.edu.pl/~mboryczka/IntStad/pso\\_informacje.php](http://zsi.ii.us.edu.pl/~mboryczka/IntStad/pso_informacje.php).
- [29] Podstawy akwizycji i cyfrowego przetwarzania sygnałów: [http://www.kmet.agh.edu.pl/wp-content/uploads/dyd\\_Elektrotechnika/cw\\_11\\_teoria.pdf](http://www.kmet.agh.edu.pl/wp-content/uploads/dyd_Elektrotechnika/cw_11_teoria.pdf).
- [30] Przeszukiwanie siatki: [https://en.wikipedia.org/wiki/Hyperparameter\\_optimization](https://en.wikipedia.org/wiki/Hyperparameter_optimization).
- [31] Receiver operating characteristic: [https://en.wikipedia.org/wiki/Receiver\\_operating\\_characteristic](https://en.wikipedia.org/wiki/Receiver_operating_characteristic).
- [32] Sieć z głębokim zaufaniem: [https://en.wikipedia.org/wiki/Deep\\_belief\\_network](https://en.wikipedia.org/wiki/Deep_belief_network).
- [33] Składowa stała: <http://www.eis.com.pl/pl/modules.php?name=Sections&sop=viewarticle&artid=487>.
- [34] Statsoft - sieci neuronowe: <http://www.statsoft.pl/textbook/stathome.html>.
- [35] Widmo mocy: [http://brain.fuw.edu.pl/edu/index.php/Nieparametryczne\\_widmo\\_mocy](http://brain.fuw.edu.pl/edu/index.php/Nieparametryczne_widmo_mocy).
- [36] Widmo sygnału: [https://pl.wikipedia.org/wiki/Widmo\\_sygna%C5%82u](https://pl.wikipedia.org/wiki/Widmo_sygna%C5%82u).
- [37] Widmowa gęstość mocy: [https://pl.wikipedia.org/wiki/Widmowa\\_g%C4%99sto%C5%9B%C4%87\\_mocy](https://pl.wikipedia.org/wiki/Widmowa_g%C4%99sto%C5%9B%C4%87_mocy).
- [38] Współczynnik kappa: <http://home.agh.edu.pl/~galia/students/NS/Analiza%20dokladnosc%20klasyfikacji.pdf>.
- [39] Współczynnik kappa: <http://www.harrisgeospatial.com/docs/CalculatingConfusionMatrices.html>.
- [40] Zasada działania algorytmu kNN: <http://bdewilde.github.io/blog/blogger/2012/10/26/classification-of-hand-written-digits-3/>.
- [41] ANSI/AAMI, Testing and reporting performance results of cardiac rhythm and ST segment measurement algorithms; American National Standards Institute, Inc. (ANSI), Association for the Advancement of Medical Instrumentation (AAMI); ANSI/AAMI/ISO EC57,1998-(R)2008, 2008.
- [42] Massachusetts Institute of Technology, MIT-BIH ECG database, 2011.
- [43] 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.

- [44] ABBASPOUR, S., FALLAH, A., LINDÉN, M., AND GHOLAMHOSSEINI, H. A novel approach for removing ECG interferences from surface EMG signals using a combined ANFIS and wavelet. *Journal of Electromyography and Kinesiology* 26 (2016), 52 – 59.
- [45] ABE, S. *Support Vector Machines for Pattern Classification*. Springer Verlag, New York, 2010.
- [46] ADDISON, P. S. Wavelet transforms and the ECG: a review. *Physiological Measurement* 26, 5 (2005), R155.
- [47] AEHLERT, B. *EKG Łatwo zrozumieć*. Elsevier, 2011.
- [48] AFKHAMI, R. G., AZARNIA, G., AND TINATI, M. A. Cardiac arrhythmia classification using statistical and mixture modeling features of ECG signals. *Pattern Recognition Letters* 70 (2016), 45 – 51.
- [49] AFONSO, V. X., TOMPKINS, W. J., NGUYEN, T. Q., AND LUO, S. Ecg beat detection using filter banks. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 46, 2 (Feb 1999), 192–202.
- [50] AHMED, R., AND ARAFAT, S. Cardiac arrhythmia classification using hierarchical classification model. In *Computer Science and Information Technology (CSIT), 2014 6th International Conference on* (March 2014), pp. 203–207.
- [51] AL-JUMEILY, HUSSAIN, AND MALLUCCI. *Applied Computing in Medicine and Health, 1st Edition*. Elsevier, 2015.
- [52] AL-NASHASH, H. A dynamic fourier series for the compression of ECG using FFT and adaptive coefficient estimation. *Medical Engineering & Physics* 17, 3 (1995), 197 – 203.
- [53] ALCARAZ, R., SANDBERG, F., SORNMO, L., AND RIETA, J. J. Classification of paroxysmal and persistent atrial fibrillation in ambulatory ECG recordings. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 58, 5 (May 2011), 1441–1449.
- [54] ALICKOVIC, E., AND SUBASI, A. Effect of multiscale pca de-noising in ecg beat classification for diagnosis of cardiovascular diseases. *Circuits, Systems, and Signal Processing* 34, 2 (2014), 513–533.
- [55] ALONSO-ATIENZA, F., MORGADO, E., FERNANDEZ-MARTINEZ, L., GARCIA-ALBEROLA, A., AND ROJO-ALVAREZ, J. Combination of ECG parameters with support vector machines for the detection of life-threatening arrhythmias. In *Computing in Cardiology (CinC), 2012* (Sept 2012), pp. 385–388.
- [56] ALPAYDIN, E. *Introduction to Machine Learning*. MIT Press, 2014.
- [57] ALTMAN, N. S. An introduction to kernel and nearest-neighbor nonparametric regression. *The American Statistician* 46, 3 (1992), 175–185.
- [58] ALVARADO, A. S., LAKSHMINARAYAN, C., AND PRINCIPE, J. C. Time-based compression and classification of heartbeats. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 59, 6 (June 2012), 1641–1648.
- [59] ANDREA O, R. V., DORIZZI, B., AND BOUDY, J. ECG signal analysis through hidden Markov models. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 53, 8 (Aug 2006), 1541–1549.
- [60] AREL, I., ROSE, D. C., AND KARNOWSKI, T. P. Deep machine learning - a new frontier in artificial intelligence research [research frontier]. *IEEE Computational Intelligence Magazine* 5, 4 (Nov 2010), 13–18.

- [61] ASL, B. M., SETAREHDAN, S. K., AND MOHEBBI, M. Support vector machine-based arrhythmia classification using reduced features of heart rate variability signal. *Artificial Intelligence in Medicine* 44, 1 (2008), 51 – 64.
- [62] AUGUSTYNIAK, P. *Transformacje falkowe w zastosowaniach elektrodiagnostycznych*. AGH Uczelniane wydawnictwa naukowo-dydaktyczne, 2003.
- [63] AUGUSTYNIAK, P. *Adaptacyjna rozproszona interpretacja elektrokardiogramu*. EXIT, 2012.
- [64] AUGUSTYNIAK, P. A robust heartbeat detector not depending on ECG sampling rate. In *Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC), 2015 37th Annual International Conference of the IEEE* (Aug 2015), pp. 7861–7864.
- [65] BAHOURA, M., HASSANI, M., AND HUBIN, M. DSP implementation of wavelet transform for real time ECG wave forms detection and heart rate analysis. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 52, 1 (1997), 35 – 44.
- [66] BANERJEE, S., AND MITRA, M. Application of cross wavelet transform for ECG pattern analysis and classification. *IEEE Transactions on Instrumentation and Measurement* 63, 2 (Feb 2014), 326–333.
- [67] BARAM, Y. Partial classification: the benefit of deferred decision. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 20, 8 (Aug 1998), 769–776.
- [68] BARNI, M., FAILLA, P., LAZZERETTI, R., SADEGHI, A. R., AND SCHNEIDER, T. Privacy-preserving ECG classification with branching programs and neural networks. *IEEE Transactions on Information Forensics and Security* 6, 2 (June 2011), 452–468.
- [69] BAZI, Y., ALAJLAN, N., ALHICHRI, H., AND MALEK, S. Domain adaptation methods for ECG classification. In *Computer Medical Applications (ICCMA), 2013 International Conference on* (Jan 2013), pp. 1–4.
- [70] BENGIO, Y. Learning deep architectures for ai. *Found. Trends Mach. Learn.* 2, 1 (Jan. 2009), 1–127.
- [71] BENGIO, Y., COURVILLE, A., AND VINCENT, P. Representation learning: A review and new perspectives. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 35, 8 (Aug 2013), 1798–1828.
- [72] BERETA, M., AND BURCZYŃSKI, T. Comparing binary and real-valued coding in hybrid immune algorithm for feature selection and classification of ECG signals. *Engineering Applications of Artificial Intelligence* 20, 5 (2007), 571 – 585. Soft Computing Applications.
- [73] BISHOP, C. *Pattern Recognition and Machine Learning, 1sted*. Springer, 2006.
- [74] BOGDANOVA, I., RINCON, F., AND ATIENZA, D. A multi-lead ECG classification based on random projection features. In *Acoustics, Speech and Signal Processing (ICASSP), 2012 IEEE International Conference on* (March 2012), pp. 625–628.
- [75] BORTOLAN, G., CHRISTOV, I. I., AND PEDRYCZ, W. Hyperbox classifiers for ECG beat analysis. In *Computers in Cardiology, 2007* (Sept 2007), pp. 145–148.
- [76] BREIMAN, L. Bagging predictors. *Mach. Learn.* 24, 2 (Aug. 1996), 123–140.
- [77] BROOMHEAD, D. S., AND LOWE, D. Radial basis functions, multi-variable functional interpolation and adaptive networks. *Complex Systems* 2 (1988).

- [78] BUGDOL, M. D., AND MITAS, A. W. Multimodal biometric system combining ECG and sound signals. *Pattern Recognition Letters* 38 (2014), 107 – 112.
- [79] CASTELLS, F., LAGUNA, P., SÖRNMO, L., BOLLMANN, A., AND ROIG, J. M. Principal component analysis in ecg signal processing. *EURASIP J. Appl. Signal Process.* 2007, 1 (Jan. 2007), 98–98.
- [80] CEYLAN, R., AND OZBAY, Y. Comparison of fcm, PCA and WT techniques for classification ECG arrhythmias using artificial neural network. *Expert Systems with Applications* 33, 2 (2007), 286 – 295.
- [81] CEYLAN, R., OZBAY, Y., AND KARLIK, B. A novel approach for classification of ECG arrhythmias: Type-2 fuzzy clustering neural network. *Expert Systems with Applications* 36, 3, Part 2 (2009), 6721 – 6726.
- [82] 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>.
- [83] CHANG, P.-C., LIN, J.-J., HSIEH, J.-C., AND WENG, J. Myocardial infarction classification with multi-lead ECG using hidden markov models and gaussian mixture models. *Applied Soft Computing* 12, 10 (2012), 3165 – 3175.
- [84] CHAWLA, M. A comparative analysis of principal component and independent component techniques for electrocardiograms. *Neural Computing and Applications* 18, 6 (2009), 539–556.
- [85] CHEN, H., CHENG, B.-C., LIAO, G.-T., AND KUO, T.-C. Hybrid classification engine for cardiac arrhythmia cloud service in elderly healthcare management. *Journal of Visual Languages & Computing* 25, 6 (2014), 745 – 753. Distributed Multimedia Systems {DMS2014} Part I.
- [86] CHEN, S.-W., CLARKSON, P. M., AND FAN, Q. A robust sequential detection algorithm for cardiac arrhythmia classification. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 43, 11 (Nov 1996), 1120–1124.
- [87] CHEN, T., MAZOMENOS, E. B., MAHARATNA, K., DASMAHAPATRA, S., AND NIRANJAN, M. Design of a low-power on-body ECG classifier for remote cardiovascular monitoring systems. *IEEE Journal on Emerging and Selected Topics in Circuits and Systems* 3, 1 (March 2013), 75–85.
- [88] CHMIELNICKI, W. *Efektywne metody selekcji cech i rozwiązywania problemu wieloklasowego w nadzorowanej klasyfikacji danych*. PhD thesis, Instytut Podstawowych Problemów Techniki Polskiej Akademii Nauk, 2012.
- [89] CHRISTOV, I., AND BORTOLAN, G. Ranking of pattern recognition parameters for premature ventricular contractions classification by neural networks. *Physiological Measurement* 25, 5 (2004), 1281.
- [90] CHRISTOV, I. I., AND SIMOVA, I. I. Fully automated method for QT interval measurement in ECG. In *Computers in Cardiology, 2006* (Sept 2006), pp. 321–324.
- [91] CLIFFORD, G., AZUAJE, F., AND MCSHARRY, P. *Advanced Methods And Tools for ECG Data Analysis*. 1st ed., Artech House Publishers, 2006.



- [92] COAST, D. A., STERN, R. M., CANO, G. G., AND BRILLER, S. A. An approach to cardiac arrhythmia analysis using hidden Markov models. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 37, 9 (Sept 1990), 826–836.
- [93] CORTES, C., AND VAPNIK, V. Support-vector networks. *Machine Learning* 20, 3 (1995), 273–297.
- [94] CRISTIANINI, N., AND SCHÖLKOPF, B. Support vector machines and kernel methods: The new generation of learning machines. *AI Mag.* 23, 3 (Sept. 2002), 31–41.
- [95] DA S. LUZ, E. J., NUNES, T. M., DE ALBUQUERQUE, V. H. C., PAPA, J. P., AND MENOTTI, D. ECG arrhythmia classification based on optimum-path forest. *Expert Systems with Applications* 40, 9 (2013), 3561 – 3573.
- [96] DA S. LUZ, E. J., SCHWARTZ, W. R., CÁMARA-CHÁVEZ, G., AND MENOTTI, D. ECG-based heartbeat classification for arrhythmia detection: A survey. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 127 (2016), 144 – 164.
- [97] DAAMOUCHE, A., HAMAMI, L., ALAJLAN, N., AND MELGANI, F. A wavelet optimization approach for ECG signal classification. *Biomedical Signal Processing and Control* 7, 4 (2012), 342 – 349.
- [98] DE CHAZAL, P. Detection of supraventricular and ventricular ectopic beats using a single lead ECG. In *Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC), 2013 35th Annual International Conference of the IEEE* (July 2013), pp. 45–48.
- [99] 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.
- [100] DE CHAZAL, P., AND REILLY, R. B. A patient-adapting heartbeat classifier using ECG morphology and heartbeat interval features. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 53, 12 (Dec 2006), 2535–2543.
- [101] DE CHAZAL, P., AND REILLY, R. B. A comparison of the ECG classification performance of different feature sets. In *Computers in Cardiology 2000* (2000), pp. 327–330.
- [102] DE LAMMOY, G., FRANCOIS, D., DELBEKE, J., AND VERLEYSSEN, M. *Weighted SVMs and feature relevance assessment in supervised heart beat classification*, vol. 127 of *Communications in Computer and Information Science*. Springer, 2010, ch. Biomedical Engineering Systems and Technologies, pp. 212–223.
- [103] DE LANNOY, G., FRANCOIS, D., DELBEKE, J., AND VERLEYSSEN, M. Weighted conditional random fields for supervised interpatient heartbeat classification. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 59, 1 (Jan 2012), 241–247.
- [104] DE OLIVEIRA, L. S. C., ANDREAIO, R. V., AND SARCINELLI-FILHO, M. Premature ventricular beat classification using a dynamic bayesian network. In *Engineering in Medicine and Biology Society, EMBC, 2011 Annual International Conference of the IEEE* (Aug 2011), pp. 4984–4987.
- [105] DEEPU, C. J., ZHANG, X., LIEW, W. S., WONG, D. L. T., AND LIAN, Y. An ECG-on-chip with 535 nw/channel integrated lossless data compressor for wireless sensors. *IEEE Journal of Solid-State Circuits* 49, 11 (Nov 2014), 2435–2448.

- [106] DENG, L., AND YU, D. Deep learning: Methods and applications. *Found. Trends Signal Process.* 7 (June 2014), 197–387.
- [107] DIETTERICH, T. G. Ensemble methods in machine learning. In *Proceedings of the First International Workshop on Multiple Classifier Systems* (London, UK, UK, 2000), MCS '00, Springer-Verlag, pp. 1–15.
- [108] DILMAC, S., AND KORUREK, M. ECG heart beat classification method based on modified ABC algorithm. *Applied Soft Computing* 36 (2015), 641 – 655.
- [109] DOQUIRE, G., DE LANNOY, G., FRANCOIS, D., AND VERLEYSSEN, M. Feature selection for interpatient supervised heart beat classification. *Computational Intelligence and Neuroscience* 2011 (2011), 1–9.
- [110] DUDA, R., HART, P., AND STORK, D. *Pattern Classification, 2nd Edition*. Wiley-Interscience, 2000.
- [111] DUTTA, S., CHATTERJEE, A., AND MUNSHI, S. Correlation technique and least square support vector machine combine for frequency domain based ECG beat classification. *Medical Engineering & Physics* 32, 10 (2010), 1161 – 1169.
- [112] EBERHART, R., AND KENNEDY, J. A new optimizer using particle swarm theory. In *Micro Machine and Human Science, 1995. MHS '95., Proceedings of the Sixth International Symposium on* (Oct 1995), pp. 39–43.
- [113] EDLA, S., KOVVALI, N., AND PAPANDREOU-SUPPAPPOLA, A. Electrocardiogram signal modeling with adaptive parameter estimation using sequential bayesian methods. *IEEE Transactions on Signal Processing* 62, 10 (May 2014), 2667–2680.
- [114] EFRON, B., AND TIBSHIRANI, R. *An Introduction to the Bootstrap*. Chapman & Hall, New York, 1993.
- [115] ELHAJ, F. A., SALIM, N., HARRIS, A. R., SWEE, T. T., AND AHMED, T. Arrhythmia recognition and classification using combined linear and nonlinear features of ECG signals. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 127 (2016), 52 – 63.
- [116] ENGELBRECHT, A. P. *Computational Intelligence: An Introduction, 2nd Edition*. Wiley, 2007.
- [117] ENGIN, M. ECG beat classification using neuro-fuzzy network. *Pattern Recognition Letters* 25, 15 (2004), 1715 – 1722.
- [118] ESCALONA-MORAN, M. A., SORIANO, M. C., FISCHER, I., AND MIRASSO, C. R. Electrocardiogram classification using reservoir computing with logistic regression. *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics* 19, 3 (May 2015), 892–898.
- [119] EXARCHOS, T. P., TSIPOURAS, M. G., EXARCHOS, C. P., PAPALOUKAS, C., FOTIADIS, D. I., AND MICHALIS, L. K. A methodology for the automated creation of fuzzy expert systems for ischaemic and arrhythmic beat classification based on a set of rules obtained by a decision tree. *Artificial Intelligence in Medicine* 40, 3 (2007), 187 – 200.
- [120] EXARCHOS, T. P., TSIPOURAS, M. G., NANOU, D., BAZIOS, C., ANTONIOU, Y., AND FOTIADIS, D. I. A platform for wide scale integration and visual representation of medical intelligence in cardiology: the decision support framework. In *Computers in Cardiology, 2005* (Sept 2005), pp. 167–170.

- [121] FAEZIPOUR, M., SAEED, A., BULUSU, S. C., NOURANI, M., MINN, H., AND TAMIL, L. A patient-adaptive profiling scheme for ECG beat classification. *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine* 14, 5 (Sept 2010), 1153–1165.
- [122] FAWCETT, T. An introduction to ROC analysis. *Pattern Recogn. Lett.* 27, 8 (June 2006), 861–874.
- [123] FAYN, J. A classification tree approach for cardiac ischemia detection using spatiotemporal information from three standard ECG leads. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 58, 1 (Jan 2011), 95–102.
- [124] FERNANDEZ-DELGADO, M., AND AMENEIRO, S. B. Mart: a multichannel art-based neural network. *IEEE Transactions on Neural Networks* 9, 1 (Jan 1998), 139–150.
- [125] FERRARA, E. R., AND WIDRAW, B. Fetal electrocardiogram enhancement by time-sequenced adaptive filtering. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering BME-29*, 6 (June 1982), 458–460.
- [126] FLASIŃSKI, M. *Wstęp do sztucznej inteligencji*. Wydawnictwo Naukowe PWN, 2011.
- [127] FORYŚ, P. Zastosowanie metody roju cząstek w optymalnym projektowaniu elementów konstrukcji. *Czasopismo Techniczne* 4 (2008), 31–42.
- [128] FREUND, Y. Boosting a weak learning algorithm by majority. *Information and Computation* 121, 2 (1995), 256 – 285.
- [129] FRIESEN, G. M., JANNETT, T. C., JADALLAH, M. A., YATES, S. L., QUINT, S. R., AND NAGLE, H. T. A comparison of the noise sensitivity of nine QRS detection algorithms. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 37, 1 (Jan 1990), 85–98.
- [130] GACEK, A., AND PEDRYCZ, W. A genetic segmentation of ECG signals. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 50, 10 (Oct 2003), 1203–1208.
- [131] GHAFARI, A., HOMAEINEZHAD, M., AKRAMINIA, M., ATAROD, M., AND DAEVAEIIHA, M. A robust wavelet-based multi-lead electrocardiogram delineation algorithm. *Medical Engineering & Physics* 31, 10 (2009), 1219 – 1227.
- [132] GOMES, P. R., SOARES, F. O., CORREIA, J. H., AND LIMA, C. S. ECG data-acquisition and classification system by using wavelet-domain hidden Markov models. In *Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC), 2010 Annual International Conference of the IEEE* (Aug 2010), pp. 4670–4673.
- [133] GONEN, M. Receiver operating characteristic (ROC) curves. *Statistics and Data Analysis* 210, 31, 1–18.
- [134] GRABOWSKI, S. *Konstrukcja klasyfikatorów minimalnoodległościowych o strukturze sieciowej*. PhD thesis, Politechnika Łódzka, 2003.
- [135] GREGG, R. E., ZHOU, S. H., AND DUBIN, A. M. Automated detection of ventricular pre-excitation in pediatric 12-lead ECG. *Journal of Electrocardiology* 49, 1 (2016), 37 – 41.
- [136] GULER, I., AND UBEYLI, E. D. ECG beat classifier designed by combined neural network model. *Pattern Recognition* 38, 2 (2005), 199 – 208.
- [137] GUPTA, K. O., AND CHATUR, P. N. ECG signal analysis and classification using data mining and artificial neural networks. *International Journal of Emerging Technology and Advanced Engineering* 2, 1 (2012), 56–60.

- [138] HADZIEVSKI, L., BOJOVIC, B., VUKCEVIC, V., BELICEV, P., PAVLOVIC, S., VASILJEVIC-POKRAJCIC, Z., AND OSTOJIC, M. A novel mobile transtelephonic system with synthesized 12-lead ECG. *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine* 8, 4 (Dec 2004), 428–438.
- [139] HAM, F. M., AND HAN, S. Classification of cardiac arrhythmias using fuzzy ARTMAP. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 43, 4 (April 1996), 425–429.
- [140] HAMDI, T., SLIMANE, A. B., AND KHALIFA, A. B. A novel feature extraction method in ECG biometrics. In *Image Processing, Applications and Systems Conference (IPAS), 2014 First International* (Nov 2014), pp. 1–5.
- [141] HAMILTON, P. Open source ECG analysis. In *Computers in Cardiology, 2002* (Sept 2002), pp. 101–104.
- [142] HAMILTON, P. S., AND TOMPKINS, W. J. Quantitative investigation of QRS detection rules using the MIT/BIH arrhythmia database. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering BME-33*, 12 (Dec 1986), 1157–1165.
- [143] HAMPTON, J. R. *150 problemów EKG*. Elsevier, 2008.
- [144] HAMPTON, J. R. *EKG w praktyce*. Elsevier, 2008.
- [145] HE, H., AND MA, Y. *Imbalanced Learning: Foundations, Algorithms, and Applications*. Wiley-IEEE Press, 2013.
- [146] HEALTHSQUARE. Heart disease. In *Conference on Computational Intelligence for Modelling Control and Automation* (2007), pp. 179–182.
- [147] HEDEN, B., OHLIN, H., RITTNER, R., AND EDENBRANDT, L. Acute myocardial infarction detected in the 12-lead ECG by artificial neural networks. *Circulation* 96, 6 (1997), 1798–1802.
- [148] HERON, M. P., AND SMITH, B. L., Eds. *Deaths: Leading causes for 2003*. Hyattsville, MD: National Center for Health Statistics, 2003.
- [149] HINTON, G., AND SALAKHUTDINOV, R. Reducing the dimensionality of data with neural networks. *Science* 313, 5786 (2006), 504–507.
- [150] HINTON, G. E., OSINDERO, S., AND TEH, Y.-W. A fast learning algorithm for deep belief nets. *Neural Comput.* 18, 7 (July 2006), 1527–1554.
- [151] HO, T. K. The random subspace method for constructing decision forests. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 20, 8 (Aug 1998), 832–844.
- [152] HOLLAND, J. H. *Adaptation in Natural and Artificial Systems*. MIT Press, Cambridge, MA, USA, 1992.
- [153] HU, Y., TOMPKINS, W., URRUSTI, J., AND AFONSO, V. Application of artificial neural networks for ECG signal detection and classification. *J. Eletrocardiol* 26 (1990), 66–73.
- [154] HUANG, H., LIU, J., ZHU, Q., WANG, R., AND HU, G. A new hierarchical method for inter-patient heartbeat classification using random projections and RR intervals. *Biomed. Eng. Online* 13 (2014), 1–26.
- [155] IAN GOODFELLOW, Y. B., AND COURVILLE, A. Deep learning. Book in preparation for MIT Press, 2016.

- [156] INCE, T., KIRANYAZ, S., AND GABBOUJ, M. A generic and robust system for automated patient-specific classification of ECG signals. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 56, 5 (May 2009), 1415–1426.
- [157] ISLAM, M. K., HAQUE, A. N. M. M., TANGIM, G., AHAMMAD, T., AND KHONDOKAR, M. R. H. Study and analysis of ECG signal using MATLAB & LABVIEW as effective tools. *International Journal of Computer and Electrical Engineering (IJCEE)* 4, 3 (2012), 404–408.
- [158] JAMES, G., WITTEN, D., HASTIE, T., AND TIBSHIRANI, R. *An Introduction to Statistical Learning*. Springer, 2013.
- [159] JAVADI, M., ARANI, S. A. A. A., SAJEDIN, A., AND EBRAHIMPOUR, R. Classification of ECG arrhythmia by a modular neural network based on mixture of experts and negatively correlated learning. *Biomedical Signal Processing and Control* 8, 3 (2013), 289 – 296.
- [160] JIANG, W., AND KONG, S. G. Block-based neural networks for personalized ECG signal classification. *IEEE Transactions on Neural Networks* 18, 6 (Nov 2007), 1750–1761.
- [161] JIANG, X., ZHANG, L., ZHAO, Q., AND ALBAYRAK, S. ECG arrhythmias recognition system based on independent component analysis feature extraction. In *TENCON 2006. 2006 IEEE Region 10 Conference* (Nov 2006), pp. 1–4.
- [162] JUNG, Y., AND TOMPKINS, W. J. Detecting and classifying life-threatening ECG ventricular arrhythmias using wavelet decomposition. In *Engineering in Medicine and Biology Society, 2003. Proceedings of the 25th Annual International Conference of the IEEE* (Sept 2003), vol. 3, pp. 2390–2393 Vol.3.
- [163] JUSZCZAK, P., TAX, D. M. J., AND DUIN, R. P. W. Feature scaling in support vector data description.
- [164] KADAMBE, S., MURRAY, R., AND BOUDREAUX-BARTELS, G. F. Wavelet transform-based QRS complex detector. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 46, 7 (July 1999), 838–848.
- [165] KALLAS, M., FRANCIS, C., HONEINE, P., AMOUD, H., AND RICHARD, C. Modeling electrocardiogram using Yule-Walker equations and kernel machines. In *Telecommunications (ICT), 2012 19th International Conference on* (April 2012), pp. 1–5.
- [166] KAMATH, C. ECG beat classification using features extracted from teager energy functions in time and frequency domains. *IET Signal Processing* 5, 6 (September 2011), 575–581.
- [167] KANAAN, L., MERHEB, D., KALLAS, M., FRANCIS, C., AMOUD, H., AND HONEINE, P. PCA and KPCA of ECG signals with binary SVM classification. In *Signal Processing Systems (SiPS), 2011 IEEE Workshop on* (Oct 2011), pp. 344–348.
- [168] KANJILAL, P. P., PALIT, S., AND SAHA, G. Fetal ECG extraction from single-channel maternal ECG using singular value decomposition. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 44, 1 (Jan 1997), 51–59.
- [169] KARIMIFARD, S., AHMADIAN, A., KHOSHNEVISAN, M., AND NAMBAKHS, M. S. Morphological heart arrhythmia detection using hermitian basis functions and kNN classifier. In *Engineering in Medicine and Biology Society, 2006. EMBS '06. 28th Annual International Conference of the IEEE* (Aug 2006), pp. 1367–1370.

- [170] KARLEN, W., MATTIUSI, C., AND FLOREANO, D. Sleep and wake classification with ECG and respiratory effort signals. *IEEE Transactions on Biomedical Circuits and Systems* 3, 2 (April 2009), 71–78.
- [171] KARPAGACHELVI, S., ARTHANARI, M., AND SIVAKUMAR, M. Classification of ECG signals using extreme learning machine. *Computer and Information Science* 4, 1 (2011), 42–52.
- [172] KEARNS, M. J., SCHAPIRE, R. E., AND SELLIE, L. M. Toward efficient agnostic learning. *Machine Learning* 17, 2 (1994), 115–141.
- [173] KENNEDY, J., AND EBERHART, R. C. *Swarm Intelligence*. Morgan Kaufmann Publishers Inc., San Francisco, CA, USA, 2001.
- [174] KHAZAEI, A. Heart beat classification using particle swarm optimization. *International Journal of Intelligent Systems and Applications (IJISA)* 5, 6 (2013), 25–33.
- [175] KHAZAEI, A., AND EBRAHIMZADEH, A. Classification of electrocardiogram signals with support vector machines and genetic algorithms using power spectral features. *Biomedical Signal Processing and Control* 5, 4 (2010), 252 – 263.
- [176] KIM, H., KIM, S., HELLEPUTTE, N. V., ARTES, A., KONIJNENBURG, M., HUISKEN, J., HOOF, C. V., AND YAZICIOGLU, R. F. A configurable and low-power mixed signal soc for portable ECG monitoring applications. *IEEE Transactions on Biomedical Circuits and Systems* 8, 2 (April 2014), 257–267.
- [177] KIM, H., YAZICIOGLU, R. F., MERKEN, P., HOOF, C. V., AND YOO, H. J. ECG signal compression and classification algorithm with quad level vector for ECG holter system. *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine* 14, 1 (Jan 2010), 93–100.
- [178] KIM, J., SHIN, H. S., SHIN, K., AND LEE, M. Robust algorithm for arrhythmia classification in ECG using extreme learning machine. *BioMedical Engineering OnLine* 8, 1 (2009), 1–12.
- [179] KIRANYAZ, S., INCE, T., AND GABBOUJ, M. Real-time patient-specific ECG classification by 1-D convolutional neural networks. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 63, 3 (March 2016), 664–675.
- [180] KIRANYAZ, S., INCE, T., PULKKINEN, J., AND GABBOUJ, M. Personalized long-term ECG classification: A systematic approach. *Expert Systems with Applications* 38, 4 (2011), 3220 – 3226.
- [181] KISHORE, N., AND SINGH, S. Cardiac analysis and classification of ECG signal using GA and NN. *International Journal of Computer Applications* 127, 12 (October 2015), 23–27. Published by Foundation of Computer Science (FCS), NY, USA.
- [182] KITTLER, J., HATEF, M., DUIN, R. P. W., AND MATAS, J. On combining classifiers. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 20, 3 (Mar 1998), 226–239.
- [183] KLEMPOUS, R., NIKODEM, J., JACAK, W., AND CHACZKO, Z., Eds. *Advanced Methods and Applications in Computational Intelligence*. Springer, 2014.
- [184] KOŁODZIEJCZYK, J. *Podstawy sztucznej inteligencji*. Uniwersytet Techniczny w Szczecinie, 2011.

- [185] KORUREK, M., AND DOGAN, B. ECG beat classification using particle swarm optimization and radial basis function neural network. *Expert Systems with Applications* 37, 12 (2010), 7563 – 7569.
- [186] KORUREK, M., AND NIZAM, A. A new arrhythmia clustering technique based on ant colony optimization. *Journal of Biomedical Informatics* 41, 6 (2008), 874 – 881.
- [187] KOULAOUZIDIS, G., DAS, S., CAPIELLO, G., MAZOMENOS, E. B., MAHARATNA, K., PUDDU, P. E., AND MORGAN, J. M. Prompt and accurate diagnosis of ventricular arrhythmias with a novel index based on phase space reconstruction of ECG. *International Journal of Cardiology* 182 (2015), 38 – 43.
- [188] KULKARNI, P. *Reinforcement and Systemic Machine Learning for Decision Making*. Wiley-IEEE Press, 2012.
- [189] KUMAR, R. G., AND KUMARASWAMY, Y. S. Investigation and classification of ECG beat using input output additional weighted feed forward neural network. In *Signal Processing Image Processing Pattern Recognition (ICSIPR), 2013 International Conference on* (Feb 2013), pp. 200–205.
- [190] KUNCHEVA, L. I. Clustering-and-selection model for classifier combination. In *Knowledge-Based Intelligent Engineering Systems and Allied Technologies, 2000. Proceedings. Fourth International Conference on* (2000), vol. 1, pp. 185–188 vol.1.
- [191] KUNCHEVA, L. I. *Combining Pattern Classifiers: Methods and Algorithms*. Wiley-Interscience, 2004.
- [192] KUNCHEVA, L. I., BEZDEK, J. C., AND DUIN, R. P. Decision templates for multiple classifier fusion: an experimental comparison. *Pattern Recognition* 34, 2 (2001), 299 – 314.
- [193] KUNDU, M., NASIPURI, M., AND BASU, D. K. Knowledge-based ECG interpretation: a critical review. *Pattern Recognition* 33, 3 (2000), 351 – 373.
- [194] KUTLU, Y., AND KUNTALP, D. Feature extraction for ECG heartbeats using higher order statistics of WPD coefficients. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 105, 3 (2012), 257 – 267.
- [195] 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.
- [196] LAGUNA, P., JANÉ, R., AND CAMINAL, P. Automatic detection of wave boundaries in multi-lead ECG signals: Validation with the CSE database. *Computers and Biomedical Research* 27, 1 (1994), 45 – 60.
- [197] LAM, L. Classifier combinations: Implementations and theoretical issues. In *Proceedings of the First International Workshop on Multiple Classifier Systems* (London, UK, UK, 2000), MCS '00, Springer-Verlag, pp. 77–86.
- [198] LANATA, A., VALENZA, G., MANCUSO, C., AND SCILINGO, E. Robust multiple cardiac arrhythmia detection through bispectrum analysis. *Expert Systems with Applications* 38, 6 (2011), 6798 – 6804.
- [199] LANNOY, G., FRANÇOIS, D., DELBEKE, J., AND VERLEYSSEN, M. *Biomedical Engineering Systems and Technologies: Third International Joint Conference, BIOSTEC 2010, Valencia, Spain,*



- January 20-23, 2010, Revised Selected Papers*. Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Heidelberg, 2011, ch. Weighted SVMs and Feature Relevance Assessment in Supervised Heart Beat Classification, pp. 212–223.
- [200] LECUN, Y., BENGIO, Y., AND HINTON, G. Deep learning. *Nature* 521 (2015), 436–444.
- [201] LEE, J., JEONG, K., YOON, J., AND LEE, M. A simple real-time QRS detection algorithm. In *Engineering in Medicine and Biology Society, 1996. Bridging Disciplines for Biomedicine. Proceedings of the 18th Annual International Conference of the IEEE* (Oct 1996), vol. 4, pp. 1396–1398 vol.4.
- [202] LESSMANN, S., STAHLBOCK, R., AND CRONE, S. F. Genetic algorithms for support vector machine model selection. In *Neural Networks, 2006. IJCNN '06. International Joint Conference on* (2006), pp. 3063–3069.
- [203] LI, C., ZHENG, C., AND TAI, C. Detection of ECG characteristic points using wavelet transforms. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 42, 1 (Jan 1995), 21–28.
- [204] LI, Q., RAJAGOPALAN, C., AND CLIFFORD, G. D. A machine learning approach to multi-level ECG signal quality classification. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 117, 3 (2014), 435 – 447.
- [205] LIN, C. C., AND YANG, C. M. Heartbeat classification using normalized RR intervals and wavelet features. In *Computer, Consumer and Control (IS3C), 2014 International Symposium on* (June 2014), pp. 650–653.
- [206] LIN, C.-H. Frequency-domain features for ECG beat discrimination using grey relational analysis-based classifier. *Computers & Mathematics with Applications* 55, 4 (2008), 680 – 690.
- [207] LIN, C.-H., DU, Y.-C., AND CHEN, T. Adaptive wavelet network for multiple cardiac arrhythmias recognition. *Expert Systems with Applications* 34, 4 (2008), 2601 – 2611.
- [208] LIN, S.-W., YING, K.-C., CHEN, S.-C., AND LEE, Z.-J. Particle swarm optimization for parameter determination and feature selection of support vector machines. *Expert Systems with Applications* 35, 4 (2008), 1817 – 1824.
- [209] LIU, T., SI, Y., WEN, D., ZANG, M., AND LANG, L. Dictionary learning for VQ feature extraction in ECG beats classification. *Expert Systems with Applications* 53 (2016), 129 – 137.
- [210] ŁĘSKI, J. *Systemy neuronowo-rozmyte*. Wydawnictwo Naukowo-Techniczne, 2008.
- [211] LLAMEDO, M., AND MARTINEZ, J. P. Heartbeat classification using feature selection driven by database generalization criteria. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 58, 3 (March 2011), 616–625.
- [212] LLAMEDO, M., AND MARTINEZ, J. P. An automatic patient-adapted ECG heartbeat classifier allowing expert assistance. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 59, 8 (Aug 2012), 2312–2320.
- [213] LYNN, P. Recursive digital filters for biological signals. *Med.Biol. Eng. Comput.* 9, 1 (1979), 37–43.
- [214] MADEIRO, J. P., CORTEZ, P. C., OLIVEIRA, F. I., AND SIQUEIRA, R. S. A new approach to QRS segmentation based on wavelet bases and adaptive threshold technique. *Medical Engineering & Physics* 29, 1 (2007), 26 – 37.

- [215] MAHESH, V., KANDASWAMY, A., VIMAL, C., AND SATHISH, B. ECG arrhythmia classification based on logistic model tree. *Journal of Biomedical Science and Engineering* 2 (2009), 405–411.
- [216] MAJEWICZ, A., AND MARCINKOWSKI, J. Epidemiologia chorób układu krążenia. dlaczego w polsce jest tak małe zainteresowanie istniejącymi programami profilaktycznymi? *Probl Hig Epidemiol* 89, 3 (2008), 322–325.
- [217] MAR, T., ZAUNSEDER, S., MARTINEZNEZ, J. P., LLAMEDO, M., AND POLL, R. Optimization of ECG classification by means of feature selection. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 58, 8 (Aug 2011), 2168–2177.
- [218] MARTINEZ, A., ALCARAZ, R., AND RIETA, J. J. Application of the phasor transform for automatic delineation of single-lead ECG fiducial points. *Physiological Measurement* 31, 11 (2010), 1467.
- [219] MARTINEZ, J. P., ALMEIDA, R., OLMOS, S., ROCHA, A. P., AND LAGUNA, P. A wavelet-based ECG delineator: evaluation on standard databases. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 51, 4 (April 2004), 570–581.
- [220] MARTIS, R. J., ACHARYA, U. R., AND MIN, L. C. ECG beat classification using PCA, LDA, ICA and Discrete Wavelet Transform. *Biomedical Signal Processing and Control* 8, 5 (2013), 437 – 448.
- [221] MATEO, J., TORRES, A., APARICIO, A., AND SANTOS, J. An efficient method for ECG beat classification and correction of ectopic beats. *Computers & Electrical Engineering* (2016), –.
- [222] MEAU, Y. P., IBRAHIM, F., NARAINASAMY, S. A., AND OMAR, R. Intelligent classification of electrocardiogram (ECG) signal using extended Kalman filter (EKF) based neuro fuzzy system. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 82, 2 (2006), 157 – 168.
- [223] MEHTA, S., AND LINGAYAT, N. SVM-based algorithm for recognition of QRS complexes in electrocardiogram. *{IRBM}* 29, 5 (2008), 310 – 317.
- [224] MELGANI, F., AND BAZI, Y. Classification of electrocardiogram signals with support vector machines and particle swarm optimization. *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine* 12, 5 (Sept 2008), 667–677.
- [225] MERT, A., KILIÇ, N., AND AKAN, A. Evaluation of bagging ensemble method with time-domain feature extraction for diagnosing of arrhythmia beats. *Neural Computing and Applications* 24, 2 (2012), 317–326.
- [226] METZ, C. E. Receiver operating characteristic analysis: A tool for the quantitative evaluation of observer performance and imaging systems. *Journal of the American College of Radiology* 3, 6 (2006), 413 – 422. Special Issue: Image PerceptionSpecial Issue: Image Perception.
- [227] MISHRA, A., THAKKAR, F., MODI, C., AND KHER, R. Comparative analysis of wavelet basis functions for ECG signal compression through compressive sensing. *International Journal of Computer Science and Telecommunications* 3, 5 (2012), 23–31.
- [228] MISHRA, A. K., AND RAGHAV, S. Local fractal dimension based ECG arrhythmia classification. *Biomedical Signal Processing and Control* 5, 2 (2010), 114 – 123.

- [229] MITRA, S., MITRA, M., AND CHAUDHURI, B. B. A rough-set-based inference engine for ECG classification. *IEEE Transactions on Instrumentation and Measurement* 55, 6 (Dec 2006), 2198–2206.
- [230] MOAVENIAN, M., AND KHORRAMI, H. A qualitative comparison of artificial neural networks and support vector machines in ECG arrhythmias classification. *Expert Systems with Applications* 37, 4 (2010), 3088 – 3093.
- [231] MOODY, G., AND MARK, R. Development and evaluation of a 2-lead ECG analysis program. *Comput. Cardiol* (1982), 39–44.
- [232] MORAES, J. C. T. B., FREITAS, M. M., VILANI, F. N., AND COSTA, E. V. A QRS complex detection algorithm using electrocardiogram leads. In *Computers in Cardiology, 2002* (Sept 2002), pp. 205–208.
- [233] NASEHI, S., AND POURGHASSEM, H. RETRACTED: A novel real-time patient-specific seizure diagnosis algorithm based on analysis of EEG and ECG signals using spectral and spatial features and improved particle swarm optimization classifier. *Computers in Biology and Medicine* 42, 8 (2012), 848 – 856.
- [234] NASIRI, J. A., NAGHIBZADEH, M., YAZDI, H. S., AND NAGHIBZADEH, B. ECG arrhythmia classification with support vector machines and genetic algorithm. In *Computer Modeling and Simulation, 2009. EMS '09. Third UKSim European Symposium on* (Nov 2009), pp. 187–192.
- [235] NATIONAL CENTER FOR HEALTH STATISTICS, Ed. *Health, United States, 2005 with chartbook on the health of Americans*. Hyattsville, MD, 2005.
- [236] NG, A., AND JORDAN, M. On discriminative vs. generative classifiers: a comparison of logistic regression and naive bayes. *NIPS 14* (2001), 841 – 848.
- [237] 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.
- [238] OH, I.-S., LEE, J.-S., AND MOON, B.-R. Hybrid genetic algorithms for feature selection. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 26, 11 (Nov 2004), 1424–1437.
- [239] OPITZ, D., AND MACLIN, R. Popular ensemble methods: An empirical study. *Journal of Artificial Intelligence Research* 11 (1999), 169–198.
- [240] OPOLSKI, G., ZDROJEWSKI, T., AND WYRZYKOWSKI, B. Aktualna sytuacja epidemiologiczna w Polsce w dziedzinie chorób serca i naczyń. *Poradnik Medyczny, polski portal zdrowia dla rodziny*. (2004).
- [241] OSOWSKI, S. *Sieci neuronowe do przetwarzania informacji*. Oficyna Wydawnicza Politechniki Warszawskiej, Warszawa, 2006.
- [242] OSOWSKI, S., HOAI, L. T., AND MARKIEWICZ, T. Support vector machine-based expert system for reliable heartbeat recognition. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 51, 4 (April 2004), 582–589.
- [243] OSOWSKI, S., AND LINH, T. H. ECG beat recognition using fuzzy hybrid neural network. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 48, 11 (Nov 2001), 1265–1271.
- [244] OSOWSKI, S., MARKIEWICZ, T., AND HOAI, L. T. Recognition and classification system of arrhythmia using ensemble of neural networks. *Measurement* 41, 6 (2008), 610 – 617.

- [245] OSTER, J., BEHAR, J., SAYADI, O., NEMATI, S., JOHNSON, A. E. W., AND CLIFFORD, G. D. Semisupervised ECG ventricular beat classification with novelty detection based on switching kalman filters. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 62, 9 (Sept 2015), 2125–2134.
- [246] OWIS, M. I., ABOU-ZIED, A. H., YOUSSEF, A. B. M., AND KADAH, Y. M. Study of features based on nonlinear dynamical modeling in ECG arrhythmia detection and classification. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 49, 7 (July 2002), 733–736.
- [247] 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.
- [248] OZBAY, Y., AND TEZEL, G. A new method for classification of ECG arrhythmias using neural network with adaptive activation function. *Digital Signal Processing* 20, 4 (2010), 1040 – 1049.
- [249] OZCAN, N. O., AND GURGEN, F. Fuzzy support vector machines for ECG arrhythmia detection. In *Pattern Recognition (ICPR), 2010 20th International Conference on* (Aug 2010), pp. 2973–2976.
- [250] 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.
- [251] PAN, J., AND TOMPKINS, W. J. A real-time QRS detection algorithm. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering BME-32*, 3 (March 1985), 230–236.
- [252] PANDYA, U. T., AND DESAI, U. B. A novel algorithm for bluetooth ECG. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 59, 11 (Nov 2012), 3148–3154.
- [253] PARK, K. S., CHO, B. H., LEE, D. H., SONG, S. H., LEE, J. S., CHEE, Y. J., KIM, I. Y., AND KIM, S. I. Hierarchical support vector machine based heartbeat classification using higher order statistics and hermite basis function. In *Computers in Cardiology, 2008* (Sept 2008), pp. 229–232.
- [254] PASOLLI, E., AND MELGANI, F. Active learning methods for electrocardiographic signal classification. *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine* 14, 6 (Nov 2010), 1405–1416.
- [255] PASOLLI, E., AND MELGANI, F. Genetic algorithm-based method for mitigating label noise issue in ECG signal classification. *Biomedical Signal Processing and Control* 19 (2015), 130 – 136.
- [256] PLATT, J. C. Probabilistic outputs for support vector machines and comparisons to regularized likelihood methods. In *ADVANCES IN LARGE MARGIN CLASSIFIERS* (1999), MIT Press, pp. 61–74.
- [257] PŁAWIAK, P. Porównanie systemów analizy danych opartych na metodach sztucznej inteligencji w zastosowaniu do przetwarzania sygnałów z e-nosów. Master's thesis, Akademia Górniczo-Hutnicza w Krakowie, 2012.
- [258] PŁAWIAK, P. An estimation of the state of consumption of a positive displacement pump based on dynamic pressure or vibrations using neural networks. *Neurocomputing* 144, 0 (2014), 471 – 483.

- [259] PŁAWIAK, P., AND MAZIARZ, W. Comparison of artificial intelligence methods on the example of tea classification based on signals from e-nose sensors. *Advances in Signal Processing* 1, 2 (2013), 19–32.
- [260] PŁAWIAK, P., AND MAZIARZ, W. Classification of tea specimens using novel hybrid artificial intelligence methods. *Sensors and Actuators B: Chemical* 192, 0 (2014), 117 – 125.
- [261] PŁAWIAK, P., AND RZECKI, K. Approximation of phenol concentration using computational intelligence methods based on signals from the metal-oxide sensor array. *IEEE Sensors Journal* 15, 3 (March 2015), 1770–1783.
- [262] PŁAWIAK, P., SOŚNICKI, T., NIEDŹWIECKI, M., TABOR, Z., AND RZECKI, K. Hand body language gesture recognition based on signals from specialized glove and machine learning algorithms. *IEEE Transactions on Industrial Informatics* 12, 3 (June 2016), 1104–1113.
- [263] PŁAWIAK, P., AND TADEUSIEWICZ, R. Approximation of phenol concentration using novel hybrid computational intelligence methods. *International Journal of Applied Mathematics and Computer Science* 24, 1 (2014), 165–181.
- [264] POLANIA, L. F., CARRILLO, R. E., BLANCO-VELASCO, M., AND BARNER, K. E. Exploiting prior knowledge in compressed sensing wireless ECG systems. *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics* 19, 2 (March 2015), 508–519.
- [265] POLAT, K., AND GUNES, S. Detection of ECG arrhythmia using a differential expert system approach based on principal component analysis and least square support vector machine. *Applied Mathematics and Computation* 186, 1 (2007), 898 – 906.
- [266] POLI, R., CAGNONI, S., AND VALLI, G. Genetic design of optimum linear and nonlinear QRS detectors. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 42, 11 (Nov 1995), 1137–1141.
- [267] POLIKAR, R. Ensemble based systems in decision making. *IEEE Circuits and Systems Magazine* 6, 3 (Third 2006), 21–45.
- [268] POLIKAR, R. Bootstrap - inspired techniques in computation intelligence. *IEEE Signal Processing Magazine* 24, 4 (July 2007), 59–72.
- [269] POLSKIE TOWARZYSTWO KARDIOLOGICZNE. *Zalecenia dotyczące stosowania rozpoznań elektrokardiograficznych*.
- [270] PRASAD, G. K., AND SAHAMBI, J. S. Classification of ECG arrhythmias using multi-resolution analysis and neural networks. In *TENCON 2003. Conference on Convergent Technologies for the Asia-Pacific Region* (Oct 2003), vol. 1, pp. 227–231 Vol.1.
- [271] PUDIL, P., NOVOTIČOVÁ, J., AND KITTLER, J. Floating search methods in feature selection. *Pattern Recognition Letters* 15, 11 (1994), 1119 – 1125.
- [272] QUINLAN, J. R. Bagging, boosting, and C4.5. In *Proceedings of the Thirteenth National Conference on Artificial Intelligence - Volume 1* (1996), AAAI'96, AAAI Press, pp. 725–730.
- [273] RAHHAL, M. A., BAZI, Y., ALHICHRI, H., ALAJLAN, N., MELGANI, F., AND YAGER, R. Deep learning approach for active classification of electrocardiogram signals. *Information Sciences* 345 (2016), 340 – 354.

- [274] RAHMAN, Q. A., TERESHCHENKO, L. G., KONGKATONG, M., ABRAHAM, T., ABRAHAM, M. R., AND SHATKAY, H. Utilizing ECG-based heartbeat classification for hypertrophic cardiomyopathy identification. *IEEE Transactions on NanoBioscience* 14, 5 (July 2015), 505–512.
- [275] RAINE, D., LANGLEY, P., SHEPHERD, E., LORD, S., MURRAY, S., MURRAY, A., AND BURKE, J. P. Principal component analysis of atrial fibrillation: Inclusion of posterior ECG leads does not improve correlation with left atrial activity. *Medical Engineering & Physics* 37, 2 (2015), 251 – 255.
- [276] REFAELZADEH, P., TANG, L., AND LIU, H. *Encyclopedia of Database Systems*. Springer US, Boston, MA, 2009, ch. Cross-Validation, pp. 532–538.
- [277] RODRIGUEZ, J., GONI, A., AND ILLARRAMENDI, A. Real-time classification of ECGs on a PDA. *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine* 9, 1 (March 2005), 23–34.
- [278] RODRIGUEZ, R., MEXICANO, A., BILA, J., CERVANTES, S., AND PONCE, R. Feature extraction of electrocardiogram signals by applying adaptive threshold and principal component analysis. *Journal of Applied Research and Technology* 13, 2 (2015), 261 – 269.
- [279] ROKACH, L. Ensemble-based classifiers. *Artif. Intell. Rev.* 33, 1-2 (Feb. 2010), 1–39.
- [280] ROMERO, D., RINGBORN, M., LAGUNA, P., AND PUEYO, E. Detection and quantification of acute myocardial ischemia by morphologic evaluation of QRS changes by an angle-based method. *Journal of Electrocardiology* 46, 3 (2013), 204 – 214.
- [281] 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.
- [282] ROONIZI, E. K., AND SASSI, R. A signal decomposition model-based bayesian framework for ECG components separation. *IEEE Transactions on Signal Processing* 64, 3 (Feb 2016), 665–674.
- [283] RUTKOWSKI, L. *Computational intelligence: methods and techniques*. Springer, 2008.
- [284] RUTKOWSKI, L. *Metody i techniki sztucznej inteligencji*. PWN, 2009.
- [285] S, E. J., RAMU, P., AND SWAMINATHAN, R. Imperceptibility—robustness tradeoff studies for ECG steganography using continuous ant colony optimization. *Expert Systems with Applications* 49 (2016), 123 – 135.
- [286] SAINI, I., SINGH, D., AND KHOSLA, A. QRS detection using K-Nearest Neighbor algorithm (KNN) and evaluation on standard ECG databases. *Journal of Advanced Research* 4, 4 (2013), 331 – 344.
- [287] SAMBHU, D., AND UMESH, A. C. Automatic classification of ECG signals with features extracted using wavelet transform and support vector machines. *International Journal of Advanced Research in Electrical, Electronics and Instrumentation Engineering* 2, 1 (2013), 235–241.
- [288] SARFRAZ, M., KHAN, A. A., AND LI, F. F. Using independent component analysis to obtain feature space for reliable ECG arrhythmia classification. In *Bioinformatics and Biomedicine (BIBM), 2014 IEEE International Conference on* (Nov 2014), pp. 62–67.
- [289] SAYADI, O., AND SHAMSOLLAHI, M. Multiadaptive bionic wavelet transform: Application to ECG denoising and baseline wandering reduction. *EURASIP Journal on Advances in Signal Processing* 14 (2007), 1–11.

- [290] SAYADI, O., AND SHAMSOLLAHI, M. B. ECG denoising and compression using a modified extended kalman filter structure. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 55, 9 (Sept 2008), 2240–2248.
- [291] SCHAPIRE, R. E. The strength of weak learnability. *Machine Learning* 5, 2 (1990), 197–227.
- [292] SCHERER, J. A., RUBEL, P., FAYN, J., AND WILLEMS, J. L. Quantitative assessment of 12-lead ECG synthesis using CAVIAR. *Journal of Electrocardiology* 25, Supplement (1992), 137 – 142. Research and Applications in Computerized Electrocardiology.
- [293] SCHMIDHUBER, J. Deep learning in neural networks: An overview. *Neural Networks* 61 (2015), 85 – 117.
- [294] SCHOLKOPF, B., AND SMOLA, A. J. *Learning with Kernels: Support Vector Machines, Regularization, Optimization, and Beyond*. MIT Press, Cambridge, MA, USA, 2001.
- [295] SETHI, A., ARORA, S., AND BALLANEY, A. Frequency domain analysis of ECG signals using auto-associative neural networks. In *2006 International Conference on Biomedical and Pharmaceutical Engineering* (Dec 2006), pp. 531–536.
- [296] SHADMAND, S., AND MASHOUFI, B. A new personalized ECG signal classification algorithm using Block-based Neural Network and Particle Swarm Optimization. *Biomedical Signal Processing and Control* 25 (2016), 12 – 23.
- [297] SMITH, S. W. *Cyfrowe przetwarzanie sygnałów. Praktyczny poradnik dla inżynierów i naukowców*. btc, 2007.
- [298] SOKOLOVA, M., AND LAPALME, G. A systematic analysis of performance measures for classification tasks. *Information Processing & Management* 45, 4 (2009), 427 – 437.
- [299] SONG, M., LEE, J., CHO, S., LEE, K., AND YOO, S. Support vector machine based arrhythmia classification using reduced features. *International Journal of Control, Automation, and Systems* 3, 4 (2005), 571–579.
- [300] SONG, M.-H., CHO, S.-P., KIM, W., AND LEE, K.-J. New real-time heartbeat detection method using the angle of a single-lead electrocardiogram. *Computers in Biology and Medicine* 59 (2015), 73 – 79.
- [301] SORIA, M. L., AND MARTINEZ, J. Analysis of multidomain features for ECG classification. In *Computers in Cardiology, 2009* (Sept 2009), pp. 561–564.
- [302] SORNMO, L., AND LAGUNA, P. *Electrocardiogram (ECG) Signal Processing*. John Wiley & Sons, Inc., 2006.
- [303] SPECHT, D. F. Probabilistic neural networks. *Neural Networks* 3, 1 (1990), 109–118.
- [304] 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.
- [305] SUGENO, M. *Industrial applications of fuzzy control*. Elsevier Science Pub. Co., 1985.
- [306] SUN, L., LU, Y., YANG, K., AND LI, S. ECG analysis using multiple instance learning for myocardial infarction detection. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 59, 12 (Dec 2012), 3348–3356.
- [307] SZABATIN, J. *Podstawy teorii sygnałów*. WKŁ, 2003.



- [308] TADEUSIEWICZ, R. *Odkrywanie właściwości sieci neuronowych. Przy użyciu programów w języku C#*. 2007.
- [309] TADEUSIEWICZ, R. *Inżynieria biomedyczna*. 2008.
- [310] TADEUSIEWICZ, R. *Neurocybernetyka teoretyczna*. 2009.
- [311] TADEUSIEWICZ, R. Place and Role of Intelligent Systems in Computer Science. *Computer Methods in Materials Science* 10 (2010), 193–206.
- [312] TADEUSIEWICZ, R., AND AUGUSTYNIAK, P. *Podstawy inżynierii biomedycznej*. 2009.
- [313] TADEUSIEWICZ, R., AND MORAJDA, J. *Artificial Intelligence Methods*. Cracov University of Economics Publishing House, Krakow, 2012. Chapter in book: Lula P., Paliwoda-Pekosz G. (eds.): Analysis and Data Processing Computer Methods.
- [314] TALBI, M. L., AND RAVIER, P. Detection of PVC in ECG signals using fractional linear prediction. *Biomedical Signal Processing and Control* 23 (2016), 42 – 51.
- [315] TARALUNGA, D. D., GUSSI, I., AND STRUNGARU, R. Fetal ECG enhancement: Adaptive power line interference cancellation based on Hilbert Huang Transform. *Biomedical Signal Processing and Control* 19 (2015), 77 – 84.
- [316] TAVAKOLI, V., SAHBA, N., AND HAJEBI, N. A fast and accurate method for arrhythmia detection. In *Engineering in Medicine and Biology Society, 2009. EMBC 2009. Annual International Conference of the IEEE* (Sept 2009), pp. 1897–1900.
- [317] THAKOR, N. V., WEBSTER, J. G., AND TOMPKINS, W. J. Optimal QRS detector. *Medical and Biological Engineering and Computing* 21, 3 (1983), 343–350.
- [318] THEODORIDIS, S., AND KOUTROUMBAS, K. *Pattern Recognition, 4th Edition*. Elsevier, 2009.
- [319] THOMAS, M., DAS, M. K., AND ARI, S. Automatic ECG arrhythmia classification using dual tree complex wavelet based features. *AEU - International Journal of Electronics and Communications* 69, 4 (2015), 715 – 721.
- [320] TRAN, H. L., PHAM, V. N., AND VUONG, H. N. Multiple neural network integration using a binary decision tree to improve the ECG signal recognition accuracy. *International Journal of Applied Mathematics and Computer Science* 24, 3 (2014), 647–655.
- [321] TRIGO, J. D., ALESANCO, A., MARTINEZ, I., AND GARCIA, J. A review on digital ECG formats and the relationships between them. *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine* 16, 3 (May 2012), 432–444.
- [322] TSIPOURAS, M. G., FOTIADIS, D. I., AND SIDERIS, D. Arrhythmia classification using the RR-interval duration signal. In *Computers in Cardiology, 2002* (Sept 2002), pp. 485–488.
- [323] TSIPOURAS, M. G., VOGLIS, C., AND FOTIADIS, D. I. A framework for fuzzy expert system creation - application to cardiovascular diseases. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 54, 11 (Nov 2007), 2089–2105.
- [324] UBEYLI, E. Adaptive neuro-fuzzy inference system for classification of ECG signals using lyapunov exponents. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 93, 3 (2009), 313–321.
- [325] UBEYLI, E. D. ECG beats classification using multiclass support vector machines with error correcting output codes. *Digital Signal Processing* 17, 3 (2007), 675 – 684.

- [326] UBEYLI, E. D. Combining recurrent neural networks with eigenvector methods for classification of ECG beats. *Digital Signal Processing* 19, 2 (2009), 320 – 329.
- [327] UETAKE, S., MIYAUCHI, Y., OSAKA, M., HAYASHI, M., KI IWASAKI, Y., YODOGAWA, K., HORIE, T., TSUBOI, I., HAYASHI, H., TAKAHASHI, K., AND SHIMIZU, W. Frequency analysis of surface electrocardiograms (ECGs) in patients with persistent atrial fibrillation: Correlation with the intracardiac ECGs and implications for radiofrequency catheter ablation. *Journal of Arrhythmia* 30, 6 (2014), 453 – 459. Special Issue: Pacing Therapy (part II).
- [328] UL AMIR AFSAR MINHAS, F., AND ARIF, M. Robust electrocardiogram (ECG) beat classification using discrete wavelet transform. *Physiological Measurement* 29, 5 (2008), 555.
- [329] VAFAIE, M., ATAIE, 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.
- [330] VALDERRAMA, M., ALVARADO, C., NIKOLOPOULOS, S., MARTINERIE, J., ADAM, C., NAVARRO, V., AND QUYEN, M. L. V. Identifying an increased risk of epileptic seizures using a multi-feature EEG-ECG classification. *Biomedical Signal Processing and Control* 7, 3 (2012), 237 – 244. BioSignal Processing for Engineering and Computing: the {MEDICON} conference caseSelected Papers from {MEDICON} 2010.
- [331] VALIANT, L. G. A theory of the learnable. *Commun. ACM* 27, 11 (Nov. 1984), 1134–1142.
- [332] VULLINGS, R., MISCHI, M., OEI, S. G., AND BERGMANS, J. W. M. Novel bayesian vectorcardiographic loop alignment for improved monitoring of ECG and fetal movement. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 60, 6 (June 2013), 1580–1588.
- [333] WANG, J.-S., CHIANG, W.-C., HSU, Y.-L., AND YANG, Y.-T. C. ECG arrhythmia classification using a probabilistic neural network with a feature reduction method. *Neurocomputing* 116 (2013), 38 – 45. Advanced Theory and Methodology in Intelligent ComputingSelected Papers from the Seventh International Conference on Intelligent Computing (ICIC 2011).
- [334] WANG, X., YANG, J., TENG, X., XIA, W., AND JENSEN, R. Feature selection based on rough sets and particle swarm optimization. *Pattern Recognition Letters* 28, 4 (2007), 459 – 471.
- [335] 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.
- [336] WEN, C., YEH, M. F., AND CHANG, K. C. ECG beat classification using GreyART network. *IET Signal Processing* 1, 1 (March 2007), 19–28.
- [337] WOŹNIAK, M. *Metody fuzji informacji dla komputerowych systemów rozpoznawania*. Oficyna Wydawnicza Politechniki Wrocławskiej, Wrocław, 2006.
- [338] XIA, H., ASIF, I., AND ZHAO, X. Cloud-ECG for real time ECG monitoring and analysis. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 110, 3 (2013), 253 – 259.
- [339] XUE, Q., HU, Y. H., AND TOMPKINS, W. J. Neural-network-based adaptive matched filtering for QRS detection. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 39, 4 (April 1992), 317–329.
- [340] YADAV, G. S., YADAV, S., AND PRACHI. Time and frequency exploration of ECG signal. *International Journal of Computer Applications* 67, 4 (2013), 5–8.

- [341] YAN, J., AND LU, L. Improved Hilbert-Huang transform based weak signal detection methodology and its application on incipient fault diagnosis and ECG signal analysis. *Signal Processing* 98 (2014), 74 – 87.
- [342] YANG, J., AND HONAVAR, V. Feature subset selection using a genetic algorithm. *IEEE Intelligent Systems and their Applications* 13, 2 (Mar 1998), 44–49.
- [343] YE, C., COIMBRA, M. T., AND KUMAR, B. V. K. V. Arrhythmia detection and classification using morphological and dynamic features of ECG signals. In *Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC), 2010 Annual International Conference of the IEEE* (Aug 2010), pp. 1918–1921.
- [344] YE, C., KUMAR, B. V. K. V., AND COIMBRA, M. T. Combining general multi-class and specific two-class classifiers for improved customized ECG heartbeat classification. In *Pattern Recognition (ICPR), 2012 21st International Conference on* (Nov 2012), pp. 2428–2431.
- [345] YE, C., KUMAR, B. V. K. V., AND COIMBRA, M. T. Heartbeat classification using morphological and dynamic features of ECG signals. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 59, 10 (Oct 2012), 2930–2941.
- [346] 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.
- [347] YEH, Y.-C., AND WANG, W.-J. QRS complexes detection for ECG signal: The Difference Operation Method. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 91, 3 (2008), 245 – 254.
- [348] YEH, Y.-C., WANG, W.-J., AND CHIOU, C. W. Feature selection algorithm for ECG signals using Range-Overlaps Method. *Expert Systems with Applications* 37, 4 (2010), 3499 – 3512.
- [349] YELDERMAN, M., WIDROW, B., CIOFFI, J. M., HESLER, E., AND LEDDY, J. A. ECG enhancement by adaptive cancellation of electrosurgical interference. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering BME-30*, 7 (July 1983), 392–398.
- [350] YOCHUM, M., RENAUD, C., AND JACQUIR, S. Automatic detection of P, QRS and T patterns in 12 leads ECG signal based on CWT. *Biomedical Signal Processing and Control* 25 (2016), 46 – 52.
- [351] YU, S.-N., AND CHEN, Y.-H. Electrocardiogram beat classification based on wavelet transformation and probabilistic neural network. *Pattern Recognition Letters* 28, 10 (2007), 1142 – 1150.
- [352] YU, S.-N., AND CHOU, K.-T. Integration of independent component analysis and neural networks for ECG beat classification. *Expert Systems with Applications* 34, 4 (2008), 2841 – 2846.
- [353] YU, S.-N., AND CHOU, K.-T. Selection of significant independent components for ECG beat classification. *Expert Systems with Applications* 36, 2, Part 1 (2009), 2088 – 2096.
- [354] YU, S.-N., AND LEE, M.-Y. Bispectral analysis and genetic algorithm for congestive heart failure recognition based on heart rate variability. *Computers in Biology and Medicine* 42, 8 (2012), 816 – 825.
- [355] Z. DOKUR, T. O. ECG beat classification by a novel hybrid neural network. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 66, 2 (2001), 167 – 181.

- [356] ZADEH, A., KHAZAEE, A., AND RANAEE, V. Classification of the electrocardiogram signals using supervised classifiers and efficient features. *Comput. Method Programs Biomed* 99, 2 (2010), 179–194.
- [357] ZETTINIG, O., MANSI, T., NEUMANN, D., GEORGESCU, B., RAPAKA, S., SEEGERER, P., KAYVANPOUR, E., SEDAGHAT-HAMEDANI, F., AMR, A., HAAS, J., STEEN, H., KATUS, H., MEDER, B., NAVAB, N., KAMEN, A., AND COMANICIU, D. Data-driven estimation of cardiac electrical diffusivity from 12-lead ECG signals. *Medical Image Analysis* 18, 8 (2014), 1361 – 1376. Special Issue on the 2013 Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention.
- [358] ZHANG, C.-X., AND ZHANG, J.-S. RotBoost: A technique for combining Rotation Forest and AdaBoost. *Pattern Recognition Letters* 29, 10 (2008), 1524 – 1536.
- [359] ZHANG, D. Wavelet approach for ECG baseline wander correction and noise reduction. In *Engineering in Medicine and Biology Society, 2005. IEEE-EMBS 2005. 27th Annual International Conference of the* (2005), pp. 1212–1215.
- [360] ZHANG, Z., DONG, J., LUO, X., CHOI, K.-S., AND WU, X. Heartbeat classification using disease-specific feature selection. *Computers in Biology and Medicine* 46 (2014), 79 – 89.
- [361] ZHANG, Z., AND LUO, X. Heartbeat classification using decision level fusion. *Biomedical Engineering Letters* 4, 4 (2014), 388–395.
- [362] ZIDELMAL, Z., AMIROU, A., ADNANE, M., AND BELOUCHRANI, A. QRS detection based on wavelet coefficients. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 107, 3 (2012), 490 – 496.
- [363] ZIDELMAL, Z., AMIROU, A., OULD-ABDESLAM, D., AND MERCKLE, J. ECG beat classification using a cost sensitive classifier. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 111, 3 (2013), 570 – 577.
- [364] ZIELIŃSKI, T. P. *Cyfrowe przetwarzanie sygnałów. Od teorii do zastosowań*. WKŁ, 2009.
- [365] ZIĘBA, M. *Zespoły klasyfikatorów SVM dla danych niezbilansowanych*. PhD thesis, Politechnika Wrocławska, 2013.

## Lista skrótów

|              |                                          |
|--------------|------------------------------------------|
| <b>ACC</b>   | Accuracy                                 |
| <b>ACO</b>   | Ant Colony Optimization based clustering |
| <b>AIVR</b>  | Accelerated Idioventricular Rhythm       |
| <b>ANN</b>   | Artificial Neural Network                |
| <b>AV</b>    | Atrial tachycardia                       |
| <b>AVNRT</b> | AV nodal reentrant tachycardia           |
| <b>AVRT</b>  | AV reentrant tachycardia                 |
| <b>AWN</b>   | Adaptive Wavelet Network                 |
| <b>BME</b>   | Burges Maximum Entropy                   |
| <b>BPNN</b>  | Back Propagation Neural Network          |
| <b>CIM</b>   | Computational Intelligence Methods       |
| <b>CRF</b>   | Conditional Random Fields                |
| <b>CWT</b>   | Continues Wavelet Transform              |
| <b>DCT</b>   | Discrete Cosine Transform                |
| <b>DFT</b>   | Discrete Fourier Transform               |
| <b>DWT</b>   | Discrete Wavelet Transform               |
| <b>ECOC</b>  | Error correcting output codes            |
| <b>ELM</b>   | Extreme Learning Machine                 |
| <b>ERR</b>   | Sum of errors                            |
| <b>FCM</b>   | Fuzzy C-Means                            |
| <b>FCMT2</b> | Fuzzy C-Means type 2                     |
| <b>FFS</b>   | Floating Feature Selection               |
| <b>FN</b>    | False Negative                           |
| <b>FP</b>    | False Positive                           |
| <b>FPR</b>   | False Positive Rate                      |
| <b>GA</b>    | Genetic Algorithm                        |
| <b>GDA</b>   | Generalized Discriminant Analyses        |
| <b>HBF</b>   | Hermite Basis Function                   |
| <b>HMM</b>   | Hidden Markov modeling                   |
| <b>HOS</b>   | Higher Order Statistics                  |
| <b>HOSC</b>  | High Order Statistics Cummulants         |

|               |                                                                  |
|---------------|------------------------------------------------------------------|
| <b>ICA</b>    | Independent Component Analysis                                   |
| <b>IVR</b>    | Idioventricular Rhythm                                           |
| <b>IWKLR</b>  | Importance Weighted Kernel Logistic Regression                   |
| $\kappa$      | Współczynnik kappa                                               |
| <b>kNN</b>    | k-Nearest Neighbors algorithm                                    |
| <b>LD</b>     | Linear Discriminants                                             |
| <b>LDA</b>    | Linear Discriminant Analysis                                     |
| <b>LFD</b>    | Local Fractal Dimension                                          |
| <b>LPC</b>    | Linear Predictive Coding                                         |
| <b>MLP</b>    | Multilayer perceptron                                            |
| <b>MOG</b>    | Mixture of Gaussian                                              |
| <b>NN</b>     | Neural Network                                                   |
| <b>NNAAF</b>  | Neural Network Adaptive Activation Function                      |
| <b>PCA</b>    | Principal Component Analysis                                     |
| <b>PJC</b>    | Premature Junctional Complex                                     |
| <b>PNN</b>    | Probabilistic Neural Network                                     |
| <b>PPV/+P</b> | Positive Predictive Value                                        |
| <b>PSO</b>    | Particle swarm optimization                                      |
| <b>PVC</b>    | Premature Ventricular Contraction                                |
| <b>QFS</b>    | Qualitative feature selection                                    |
| <b>RBFNN</b>  | Radial Basis Function Neural Network                             |
| <b>RC</b>     | Reservoir Computing                                              |
| <b>SA</b>     | Sinoatrial node                                                  |
| <b>SEN/SE</b> | Sensitivity                                                      |
| <b>SFFS</b>   | Sequential forward floating search                               |
| <b>SOM</b>    | Self-Organizing Maps                                             |
| <b>SOCMAC</b> | Self-Organizing Cerebellar Model Articulation Controller Network |
| <b>SPE</b>    | Specificity                                                      |
| <b>SVM</b>    | Support Vector Machine                                           |
| <b>SVT</b>    | Supraventricular arrhythmia                                      |
| <b>TN</b>     | True Negative                                                    |
| <b>TP</b>     | True Positive                                                    |
| $W_c$         | Współczynnik pozostawionych cech                                 |
| <b>WPW</b>    | Wolff–Parkinson–White syndrome                                   |

# Załączniki

## NA PŁYCCIE DVD DOŁĄCZONEJ DO ROZPRAWY ZNALAZŁY SIĘ:

1. Rozprawa doktorska
  - Pliki wykorzystane do stworzenia rozprawy doktorskiej w języku  $\text{\LaTeX}$ ;
  - Rysunki wykorzystane w pracy;
  - Plik z rozprawą doktorską w formacie pdf;
2. Funkcje i skrypty oraz pliki wynikowe tworzące oprogramowanie wykorzystane do przeprowadzenia zaprojektowanych eksperymentów, napisane w środowisku MATLAB, dotyczące:
  - Wizualizacji;
  - Surowych danych - stworzona przez autora baza danych z fragmentami sygnałów EKG (w formacie *mat*), pozyskanymi z serwisu [PhysioNet](#) z bazy danych MIT-BIH Arrhythmia;
  - Przetwarzania sygnałów;
  - Walidacji krzyżowej i macierzy wzorcowych;
  - Analizy - przeprowadzonych w ramach rozprawy eksperymentów.
3. Pliki z uzyskanymi wynikami w formacie *xlsx*;
4. Pliki z zacytowaną w rozprawie literaturą (artykułami i książkami) w formacie pdf, uszeregowane według nazwiska pierwszego autora i daty.