

Raport końcowy projektu z przedmiotu Dedykowane Algorytmy Diagnostyki Medycznej

Ł. autorzy

12 stycznia 2017



Klasyfikacja uderzeń serca

Spis treści

1	Abstrakt	3
2	Linear SVM	4
2.1	Opis algorytmu	4
2.1.1	Metoda wektorów wspierających (SVM)	4
2.1.2	Sekwencyjna minimalna optymalizacja (SMO)	8
2.1.3	Poszukiwanie współczynników Lagrange’a	8
2.1.4	Heurystyka wyboru współczynników do optymalizacji	9
2.1.5	Obliczanie progu	10
2.2	Opis sposobu implementacji algorytmu	10
2.2.1	Schematy blokowe działania algorytmu	10
2.3	Wizualizacja działania algorytmu	14
2.3.1	Wizualizacja dla dwóch cech	14
2.3.2	Wizualizacja dla trzech cech	15
2.4	Opis informatyczny procedur	16
3	Klasyfikator Bayesa	21
3.1	Opis algorytmu	21
3.2	Implementacja	21
3.3	Wykorzystanie klasyfikatora do rozpoznawania uderzeń serca	22
4	k-Nearest Neighbours	24
4.1	Założenia wstępne metody	24
4.2	Opis metody [1]	24
4.3	Klasy	24
4.4	Implementacja prototypu algorytmu w środowisku MATLAB	25
4.5	Walidacja algorytmu	25
5	Extended Nearest Neighbours	25
5.1	Ograniczenia metody k-NN [1]	25
5.2	Opis metody eNN [2] [3]	25
5.3	Implementacja w środowisku MatLab	26
5.4	Podsumowanie	26
6	Radial Basis Function Kernel SVM	28
6.1	Wstęp	28
6.2	Zarys proponowanego rozwiązania	28
6.3	Obliczenie cech kompleksów QRS	28
6.3.1	Matematyczny sposób obliczenia cech	28
6.3.2	Klasyfikacja przy użyciu obliczonych cech	29
6.4	Metoda maszyny wektorów nośnych (SVM)	32
6.4.1	Podstawowe założenia metody	32
6.4.2	Radial Basis Function	33
6.4.3	Matematyczne podstawy implementacji	33
6.4.4	Implementacja w C++	34
6.5	Wyniki	34
6.6	Wnioski	37
7	Porównanie algorytmów	39
7.1	Opis zbiorów danych	39
7.1.1	Zbiór danych 1	39

1 Abstrakt

Celem projektu jest detekcja oraz klasyfikacja kardiologicznych stanów pacjentów na podstawie sygnału EKG. Poprawne sklasyfikowanie występujących uderzeń serca jest bardzo ważne i tak naprawdę może być podstawą do stwierdzenia o występowaniu arytmii. Wykrywając niepokojące zmiany w przebiegu EKG u danego pacjenta można odpowiednio wcześniej zastosować leczenie, co na pewno pozwoli uniknąć poważniejszych problemów natury kardiologicznej w przyszłości.

Arytmie serca, czyli wszystkie odchylenia od normy w przebiegu EKG można podzielić na dwie grupy: te, które wymagają natychmiastowej interwencji lekarza oraz takie, w których natychmiastowe leczenie nie jest konieczne. Jednak pominięcie leczenia w drugim przypadku również może w przyszłości prowadzić do poważniejszych stanów, w tym arytmii pierwszej grupy. Klasyfikacja uderzeń, która zostanie przedstawiona w tym projekcie może być pomocą do rozpoznawania arytmii serca należącej do drugiej grupy. Sklasyfikowanie występujących rodzajów bicia serca jest podstawowym krokiem do stwierdzenia wystąpienia odchyleń w tej dziedzinie. Klasyfikacja ta jest bardzo czasochłonna i dlatego podjęto wiele prób w celu zautomatyzowania tego procesu .

W tej pracy do rozpoznania typów uderzeń serca wykorzystano różne klasyfikatory. Dla każdego przedstawiono ich opisy oraz metodę implantacji. Następnie w celu znalezienia optymalnego klasyfikatora do rozpoznawania typów uderzeń serca porówna efekty działania każdego z nich.. Porównano je pod względem skuteczności jaki i czasu potrzebnego na wykonanie algorytmu.

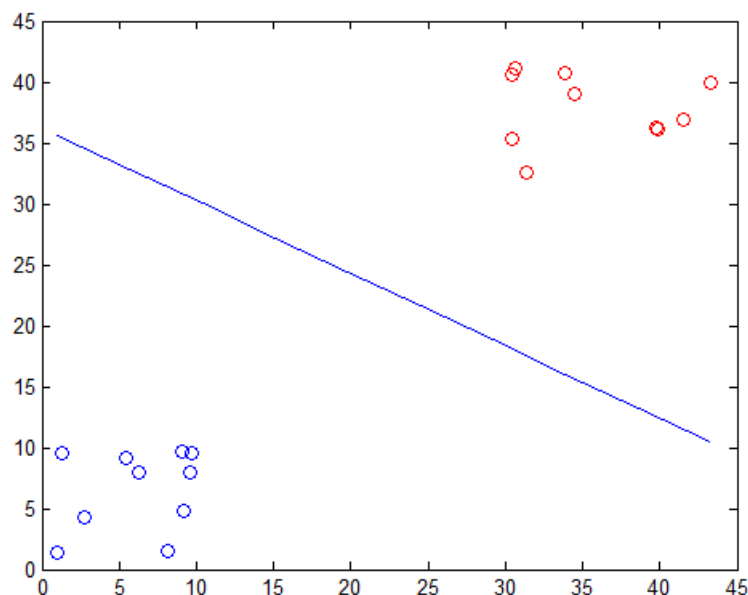
2 Linear SVM

2.1 Opis algorytmu

2.1.1 Metoda wektorów wspierających (SVM)

Maszyny wektorów wspierających (support vector machines) są modelami uczenia nadzorowanego, które analizują dane użyte do klasyfikacji i analizy regresji. Wykorzystując zbiór danych uczących, każdy odpowiednio oznaczony zgodnie z klasą do której przynależy, algorytm SVM tworzy model, który potrafi przyporządkować analizowane dane do jednej z kategorii.

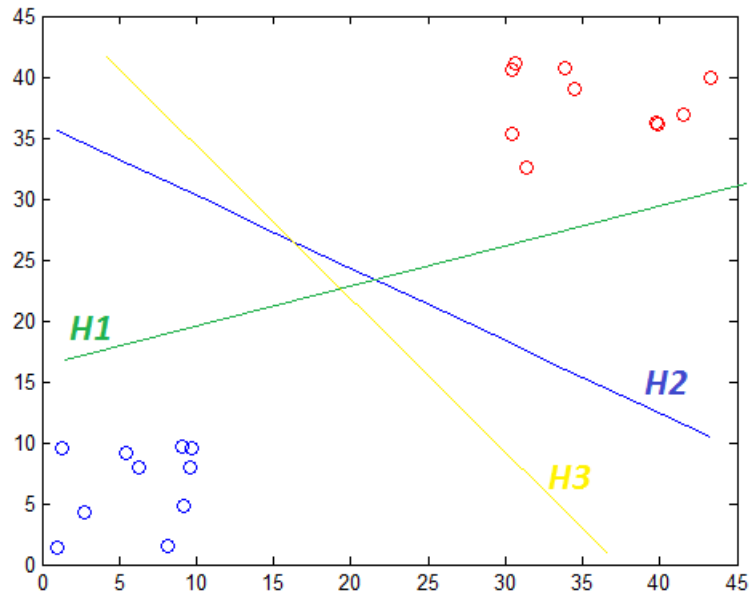
Model SVM jest reprezentacją danych w postaci punktów w przestrzeni. Punkty należące do różnych klas znajdują się w innych obszarach przestrzeni i są rozdzielone za pomocą luki o jak największej możliwej szerokości. Kolejno, analizowany nowy punkt jest odpowiednio przyporządkowywany do jednej z kategorii na podstawie tego, z której strony luki się znajduje. Na rysunku nr 1 został przedstawiony rozkład punktów płaszczyzny należących do dwóch różnych kategorii. W tym wypadku na osiach znajdują się cechy, dzięki którym klasyfikowane są analizowane przypadki.



Rysunek 1: Wizualizacja punktów należących do dwóch klas wraz z rozdzielającą je hiperpłaszczyzną
(opracowanie własne)

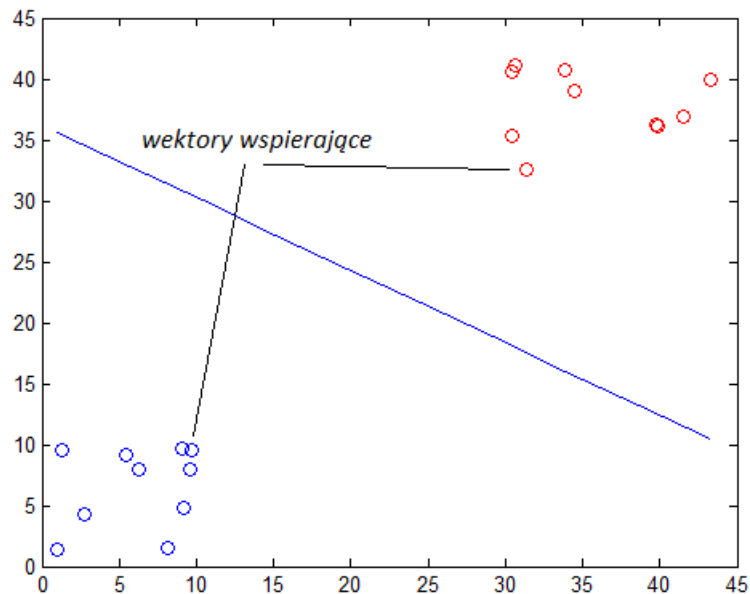
Klasyfikacja danych jest najważniejszym zadaniem uczenia maszynowego. W metodzie wektorów wspierających dane są postaci wektora o rozmiarze p . Celem działania algorytmu jest wyznaczenie optymalnej hiperpłaszczyzny rozmiaru $p - 1$, która rozdzielałaby dane należące do poszczególnych klas. Tego typu podejście jest nazywane klasyfikacją liniową.

Istnieje wiele hiperpłaszczyzn, które mogą rozdzielać dwie klasy. Przykładowo na rysunku 2 przedstawiono dwie klasy rozdzielone trzema różnymi hiperpłaszczyznami H_1, H_2, H_3 . Problem polega na tym, aby wybrać jak najlepszą hiperpłaszczyznę, która w sposób najbardziej optymalny będzie rozdzielać dwie klasy. Taka hiperpłaszczyzna zostaje wybrana w taki sposób, aby była jak najbardziej oddalona zarówno od jednej jak i drugiej klasy.



Rysunek 2: Wizualizacja trzech różnych hiperpłaszczyzn mogących rozdzielać dwie klasy
(opracowanie własne)

Klasyfikator maksymalnego marginesu znajduje hiperpłaszczyznę rozdzielającą dane treningowe na dwie klasy w ten sposób, że maksymalizuje wartość marginesu geometrycznego dla wszystkich punktów treningowych. Marginesem geometrycznym hiperpłaszczyzny jest jej odległość od najbliższych punktów. Punkty położone najbliżej hiperpłaszczyzny są nazywane wektorami wspierającymi (ang. *support vectors*). Wektory wspierające zostały zaznaczone na rysunku 3.



Rysunek 3: Wektory wspierające oznaczone wśród punktów treningowych
(opracowanie własne)

Klasyfikator maksymalnego marginesu jest klasyfikatorem liniowym i może być użyty do klasyfikacji danych, które są liniowo separowalne. W niniejszym projekcie przyjęto założenie, że separowane dane należą do dwóch klas. Klasyfikator maksymalnego marginesu jest klasyfikatorem binarnym. Załóżmy teraz, że mamy zbiór danych uczących składających się z n punktów postaci:

$$(\vec{x}_1, y_1), (\vec{x}_2, y_2), \dots, (\vec{x}_n, y_n) \quad (1)$$

gdzie y_i to 1 lub -1 w zależności od klasy, do której należą, czyli od położenia po dodatniej lub ujemnej stronie hiperpłaszczyzny H . Każdy wektor \vec{x}_i jest rozmiaru p . Działanie algorytmu SVM polega na znalezieniu hiperpłaszczyzny o maksymalnym marginesie geometrycznym, która dzieli grupy punktów \vec{x}_i , dla których $y_i = -1$ od grupy punktów \vec{x}_i , dla których $y_i = 1$. Hiperpłaszczyzna H , n -wymiarowa określona jest wzorem:

$$(H)y(\vec{x}) = 0 \quad (2)$$

gdzie $(y(\vec{x}) = w^t + b$, w - wektor wagowy, b - wyraz wolny. Po przedstawionym wcześniej założeniu, że $y(x) = -1$ lub $y(x) = 1$, możemy przedstawić wzór na odległość punktu x od danej hiperpłaszczyzny H . Przedstawia się on następująco:

$$d(x, H) = \frac{|y(x)|}{||w||} \quad (3)$$

margines geometryczny natomiast, będzie dany wzorem:

$$\gamma = \frac{1}{||w||} \quad (4)$$

Klasyfikator maksymalnego marginesu znajduje hiperpłaszczyznę, która maksymalizuje wartość marginesu geometrycznego czyli taką, dla której wartość $||w||$ jest minimalna. Maksymalizacja marginesu może zostać zapisana w postaci poniżej przedstawionego problemu optymalizacyjnego:

$$\text{minimalizacja } ||\vec{w}||^2$$

przy warunkach:

$$y_i(\vec{w} * \vec{x}_i - b) \geq 1$$

gdzie $i \in \{1..N\}$ oraz istnieje założenie o liniowej separowalności wektorów.

Można następnie dla powyższego problemu optymalizacyjnego zapisać lagranżjan postaci:

$$L(w, b, \vec{\alpha}) = \frac{1}{2} \cdot ||\vec{w}||^2 - \sum_{i=1}^N \alpha_i (y_i(\vec{w} * \vec{x}_i + b) - 1) \quad (5)$$

gdzie $\vec{\alpha}$ to wektor mnożników Lagrange'a, o rozmiarze N .

Korzystając z lagranżjanu, przedstawiony problem optymalizacyjny może zostać zamieniony na formę dualną, w której funkcja celu jest wyłącznie zależna od mnożników Lagrange'a:

minimalizacja funkcji :

$$\frac{1}{2} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N y_i y_j (\vec{x}_i \cdot \vec{x}_j) \alpha_i \alpha_j - \sum_{i=1}^N \alpha_i$$

gdzie N to liczba punktów treningowych

przy warunkach:

$$\alpha_i \geq 0, \forall i$$

$$\sum_{i=1}^N y_i \alpha_i = 0$$

Kiedy współczynniki Lagrange'a zostaną wyznaczone, wektor \vec{w} oraz wyraz wolny b może zostać obliczony przy ich pomocy:

$$\vec{w} = \sum_{i=1}^N y_i \alpha_i \vec{x}_i, \quad (6)$$

$$b = \vec{w} \cdot \vec{x}_i - y_i \quad (7)$$

dla pewnych $\alpha_i > 0$

Oczywiście, nie wszystkie zbiory danych mogą być liniowo separowalne. Może się okazać, że nie istnieje hiperpłaszczyzna, które rozdziela wszystkie punkty należące do jednej klasy od punktów należących do drugiej klasy. W takim właśnie przypadku można skorzystać z pewnej modyfikacji oryginalnego problemu optymalizacyjnego. Prezentuje się ona następująco:

$$\text{minimalizacja } \|\vec{w}\|^2 + C \sum_{i=1}^N \xi_i$$

przy warunkach:

$$y_i(\vec{w} \cdot \vec{x}_i - b) \geq 1 - \xi_i, \forall i$$

gdzie ξ_i to tak zwana zmienna luzu, która pozwala na błąd marginesu.

Klasyfikator w tym wypadku bierze pod uwagę możliwe wahania wartości danych. Wektory wspierające w tym wypadku to nie tylko punkty znajdujące się najbliżej hiperpłaszczyzny, ale również dalsze.

Forma dualna powyższego problemu przedstawia się następująco:

minimalizacja funkcji :

$$\frac{1}{2} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N y_i y_j K(\vec{x}_i \cdot \vec{x}_j) \alpha_i \alpha_j - \sum_{i=1}^N \alpha_i$$

gdzie N to liczba punktów treningowych

przy warunkach:

$$0 \leq \alpha_i \leq C, \forall i$$

$$\sum_{i=1}^N y_i \alpha_i = 0$$

W tym wypadku współczynniki α będą również ograniczone z góry.

Powyższy problem optymalizacyjny może zostać rozwiązany przy pomocy algorytmu *sekwencyjnej minimalnej optymalizacji* który został szczegółowo opisany w kolejnym podrozdziale.

2.1.2 Sekwencyjna minimalna optymalizacja (SMO)

SMO jest jednym z algorytmów pozwalających rozwiązać główny problem w nauczaniu SVM, czyli problem programowania kwadratowego (oznaczany jako QP). SMO pozwala na uniknięcie problemów związanych z optyimizacją numeryczną poprzez rozkład całościowego problemu na podproblemy.

W każdym kroku SMO rozwiązuje najmniejszy możliwy problem optymalizacji, czyli przypadek dwóch współczynników Lagrange'a, które są ograniczone liniowo. Oba współczynniki są jednocześnie optymalizowane, po czym aktualizowana jest cała maszyna wektorów nośnych i następnie algorytm wybiera dwa kolejne współczynniki do optymalizacji.

SMO jest proste w implementacji oraz nie wymaga dużych zasobów pamięci do przechowywania zmiennych.

SMO składa się z dwóch części - analitycznego poszukiwania pary współczynników Lagrange'a oraz heurystyki służącej wybieraniu kolejnych współczynników do optymalizacji.

2.1.3 Poszukiwanie współczynników Lagrange'a

Pierwszą czynnością, którą realizuje SMO, jest obliczenie ograniczeń współczynników. Po ich obliczeniu możliwa jest poszukiwanie minimum w ograniczonej przestrzeni.

Liniowy warunek równości powoduje, że współczynniki Lagrange'a leżą na prostej, przez co minimum optymalizowanej funkcji również musi na niej leżeć. Aby SMO spełniało ten warunek w każdym kroku, konieczne jest użycie dwóch współczynników.

Algorytm oblicza drugi współczynnik Lagrange'a α_2 , po czym oblicza końce odcinka leżącego na prostej spełniającej warunek równości. Jeżeli koniec y_1 nie jest równy końcowi y_2 , wtedy stosuje się następujące ograniczenia dla α_2 :

$$L = \max(0, \alpha_2 - \alpha_1), \quad H = (C, C + \alpha_2 - \alpha_1) \quad (8)$$

Jeżeli koniec y_1 jest równy końcowi y_2 , wtedy ograniczenia α_2 zmieniają się następująco:

$$L = \max(0, \alpha_2 + \alpha_1 - C), \quad H = (C, \alpha_2 + \alpha_1) \quad (9)$$

Drugą pochodną funkcji docelowej wzdłuż odcinka można wyrazić jako:

$$\eta = K(\vec{x}_1, \vec{x}_1) + K(\vec{x}_2, \vec{x}_2) - 2K(\vec{x}_1, \vec{x}_2) \quad (10)$$

W normalnych warunkach funkcja docelowa będzie określona dodatnio, minimum wystąpi wzdłuż prostej określonej liniowym warunkiem równości i η będzie większe od zera. W takim przypadku SMO oblicza nieograniczone minimum wzdłuż całej prostej zgodnie z równaniem:

$$\alpha_2^{nowy} = \alpha_2 + \frac{y_2(E_1 - E_2)}{\eta}, \quad (11)$$

w którym $E_i = u_i - y_i$ oznacza błąd i -tej próbki ze zbioru uczącego. W kolejnym kroku znajduwane jest ograniczenie minimum poprzez porównanie z obliczonymi wcześniej końcami odcinka.

$$\alpha_2^{nowy, ograniczony} = \begin{cases} H & \text{jeżeli } \alpha_2^{nowy} \geq H \\ \alpha_2^{nowy} & \text{jeżeli } L < \alpha_2^{nowy} < H \\ L & \text{jeżeli } \alpha_2^{nowy} \leq L \end{cases} \quad (12)$$

Używając oznaczenia $s = y_1 y_2$ wartość α_1 można obliczyć wykorzystując nowy, ograniczony współczynnik α_2 :

$$\alpha_1^{nowy} = \alpha_1 + s(\alpha_2 - \alpha_2^{nowy, ograniczony}). \quad (13)$$

W niezwykle przypadkach η nie będzie dodatnie. Ujemne η wystąpi, gdy jądro K nie spełni warunku Mercera, przez co funkcja docelowa może stać się nieoznaczona. Zerowe η może wystąpić nawet z poprawnym jądrem, gdy więcej niż jedna próbka ucząca ma taki sami wektor wejściowy x . SMO zadziała nawet gdy η nie jest dodatnie, w takim przypadku funkcja docelowa Ψ powinna zostać policzona na każdym z końców odcinka:

$$f_1 = y_1(E_1 + b) - \alpha_1 \quad (14)$$

$$f_2 = y_2(E_2 + b) - s\alpha_1 \quad (15)$$

$$K(\vec{x}_1, \vec{x}_2) - \alpha_2 K(\vec{x}_2, \vec{x}_2), \quad (16)$$

$$L_1 = \alpha_1 + s(\alpha_2 - L), \quad (17)$$

$$H_1 = \alpha_1 + s(\alpha_2 - H), \quad (18)$$

$$\Psi_L = L_1 f_1 + L f_2 + \frac{1}{2} L_1^2 K(\vec{x}_1, \vec{x}_1) + \frac{1}{2} L^2 K(\vec{x}_2, \vec{x}_2) + s L L_1 K(\vec{x}_1, \vec{x}_2), \quad (19)$$

$$\Psi_H = H_1 f_1 + H f_2 + \frac{1}{2} H_1^2 K(\vec{x}_1, \vec{x}_1) + \frac{1}{2} H^2 K(\vec{x}_2, \vec{x}_2) + s H H_1 K(\vec{x}_1, \vec{x}_2). \quad (20)$$

SMO przesunie współczynniki Lagrange'a na ten koniec odcinka, w którym wartość funkcji docelowej jest najmniejsza. Jeżeli funkcja docelowa ma takie same wartości na obu końcach odcinka (uwzględniając mały błąd ϵ z powodu błędów zaokrągleń) i jądro spełnia warunki Mercera, to optymalizacja nie może się zakończyć. Ten przypadek opisano poniżej.

2.1.4 Heurystyka wyboru współczynników do optymalizacji

Wartość funkcji docelowej zmniejszy się w każdym kroku działania algorytmu SMO, jeżeli zostanie zoptymalizowana para współczynników Lagrange'a i co najmniej jeden z nich przed optymalizacją łamał warunki KKT. To gwarantuje zbieżność algorytmu, której uzyskanie można przyspieszyć stosując heurystykę do wyboru pary współczynników do jednoczesnej optymalizacji.

Stosowane do tego są dwie różne heurystyki wyboru współczynników. Wybór pierwszego współczynnika gwarantuje zewnętrzną pętlę algorytmu - iteruje po całym zbiorze uczącym sprawdzając które z przypadków naruszają warunki KKT. Jeżeli dana próbka nie spełnia tych warunków, może być zoptymalizowana. Po przejściu przez cały zbiór uczący, zewnętrzna pętla ponownie iteruje po wszystkich próbkach, dla których współczynniki Lagrange'a są różne od 0 i różne od C (przypadki niegraniczne). Ponownie dla każdego z takich przypadków są sprawdzane warunki KKT i optymalizacji mogą podlegać te, które ich nie spełniają. Zewnętrzna pętla powtarza przejścia po wszystkich przypadkach niegranicznych dopóki wszystkie przypadki naruszające warunki KKT nie będą leżały w granicach błędu ϵ . Następnie zewnętrzna pętla cofa się i ponownie iteruje po całym zbiorze uczącym. Pętla ta przełącza się między pojedynczymi przejściami po całym zbiorze uczącym i wielokrotnymi przejściami po podzbiorze niegranicznym do momentu, w którym cały zbiór spełnia warunki KKT w granicach ϵ . W tym momencie algorytm kończy działanie.

Heurystyka pierwszego wyboru skupia się na przypadkach, dla których prawdopodobieństwo złamania warunków KKT jest największe, czyli dla zbioru niegranicznego. Przypadki, które znajdują się na granicy, najprawdopodobniej na niej pozostaną, a te, które nie są na granicy, mogą się przesunąć. SMO optymalizuje więc najpierw podzbiór danych, a następnie przeszukuje cały zbiór w poszukiwaniu punktów, które mogły zacząć łamać warunki KKT w wyniku wcześniejszych zmian.

Typowa wartość błędu ϵ , dla którego warunki KKT są spełnione, to 10^{-3} . Zmniejszenie wartości dopuszczalnego błędu może spowodować wydłużenie czasu potrzebnego na optymalizację, jednak jest to typowe dla wszystkich algorytmów stosowanych do nauki SVM.

Po wyborze pierwszego współczynnika Lagrange'a, wybierany jest drugi współczynnik w taki sposób, aby zmaksymalizować wielkość kroku podczas optymalizacji pary. Obliczanie funkcji jądra K jest czasochłonne, więc SMO przybliża wielkość kroku o wartość bezwzględną licznika w równaniu 11: $|E_1 - E_2|$. SMO zapisuje wartość błędu E dla każdego przypadku niegranicznego w zbiorze uczącym i wybiera błąd tak, aby zmaksymalizować wielkość kroku. Jeżeli E_1 jest dodatnie, SMO wybierze przypadek z najmniejszą wartością błędu E_2 . Jeżeli E_1 jest ujemne, SMO wybierze przypadek z największym błędem E_2 .

W wyjątkowych sytuacjach SMO nie może znaleźć odpowiedniego współczynnika przy wykorzystaniu opisanej heurystyki drugiego wyboru, np. w przypadku, gdy dwie próbki mają takie same wartości cech. W takim przypadku SMO stosuje hierarchię heurystyki drugiego wyboru aż znajdzie parę współczynników Lagrange'a, które mogą być zoptymalizowane. Warunkiem skutecznej optymalizacji jest wykonanie niezerowego kroku. Hierarchię w tym przypadku można przedstawić następująco - jeżeli optymalizacja nie jest skuteczna, SMO iteruje po przypadkach niegranicznych, poszukując przypadku, który pozwoli na sukces. Jeżeli żaden z niegranicznych przypadków na to nie pozwala, SMO zaczyna iterować po całym zbiorze uczącym aż zostanie znaleziony przypadek pozwalający na skuteczną optymalizację. Iterowanie zarówno w przypadku podzbioru przypadków niegranicznych jak i całego zbioru rozpoczyna się od losowo wybranego elementu zbioru. Pozwala to uniknąć obciążenia SMO przez elementy znajdujące się na początku zbioru. W najgorszym przypadku żaden z pozostałych przypadków nie będzie się nadawał do optymalizacji. W takiej sytuacji dana próbka jest pomijana i SMO przechodzi do kolejnej wybranej próbki.

2.1.5 Obliczanie progu

Próg b jest obliczany w każdym kroku, dzięki czemu warunki KKT są spełnione dla obu optymalizowanych próbek. Przedstawiony na równaniu próg b_1 jest prawidłowy, gdy nowy współczynnik α_1 nie jest na granicy, ponieważ zmusza SVM, aby wyjściem było y_1 dla wejścia x_1 :

$$b_1 = E_1 + y_1(\alpha_1^{nowy} - \alpha_1)K(\vec{x}_1, \vec{x}_1) + y_2(\alpha_2^{nowy} - \alpha_2)K(\vec{x}_1, \vec{x}_2) + b \quad (21)$$

Opisany poniżej próg b_2 jest prawidłowy, gdy nowy współczynnik α_2 nie leży na granicy, ponieważ zmusza SVM, aby wyjściem było y_2 dla wejścia x_2 :

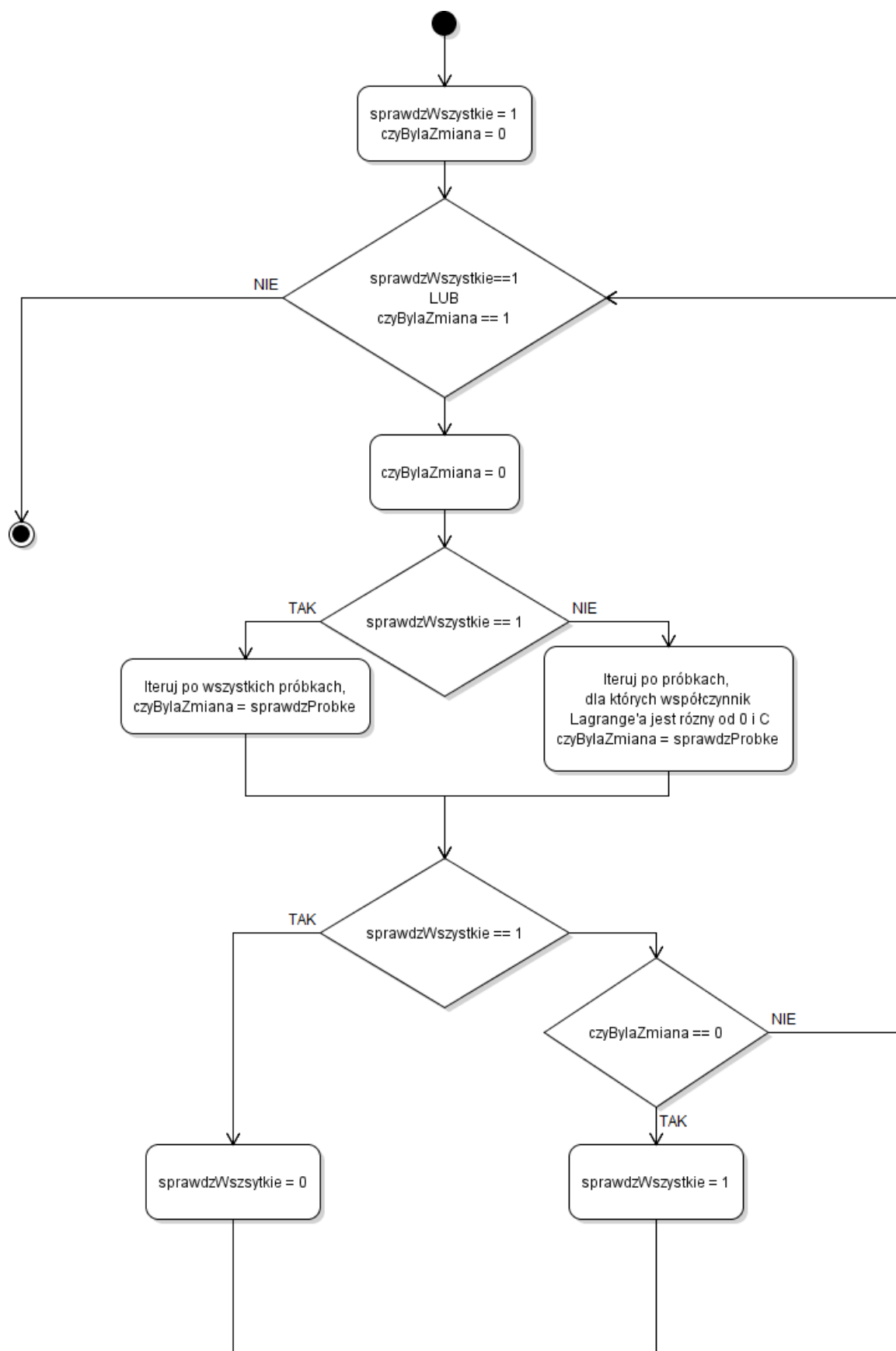
$$b_2 = E_2 + y_1(\alpha_1^{nowy} - \alpha_1)K(\vec{x}_1, \vec{x}_2) + y_2(\alpha_2^{nowy} - \alpha_2)K(\vec{x}_2, \vec{x}_2) + b \quad (22)$$

Jeżeli oba progi b_1 i b_2 są prawidłowe, to są sobie równe. Gdy oba współczynniki Lagrange’a leżą na granicy i gdy L nie jest równe H , wtedy odległością między b_1 i b_2 są wszystkie progi, które są zgodne z warunkami KKT. SMO wybiera wtedy próg leżący pośrodku między b_1 oraz b_2 .

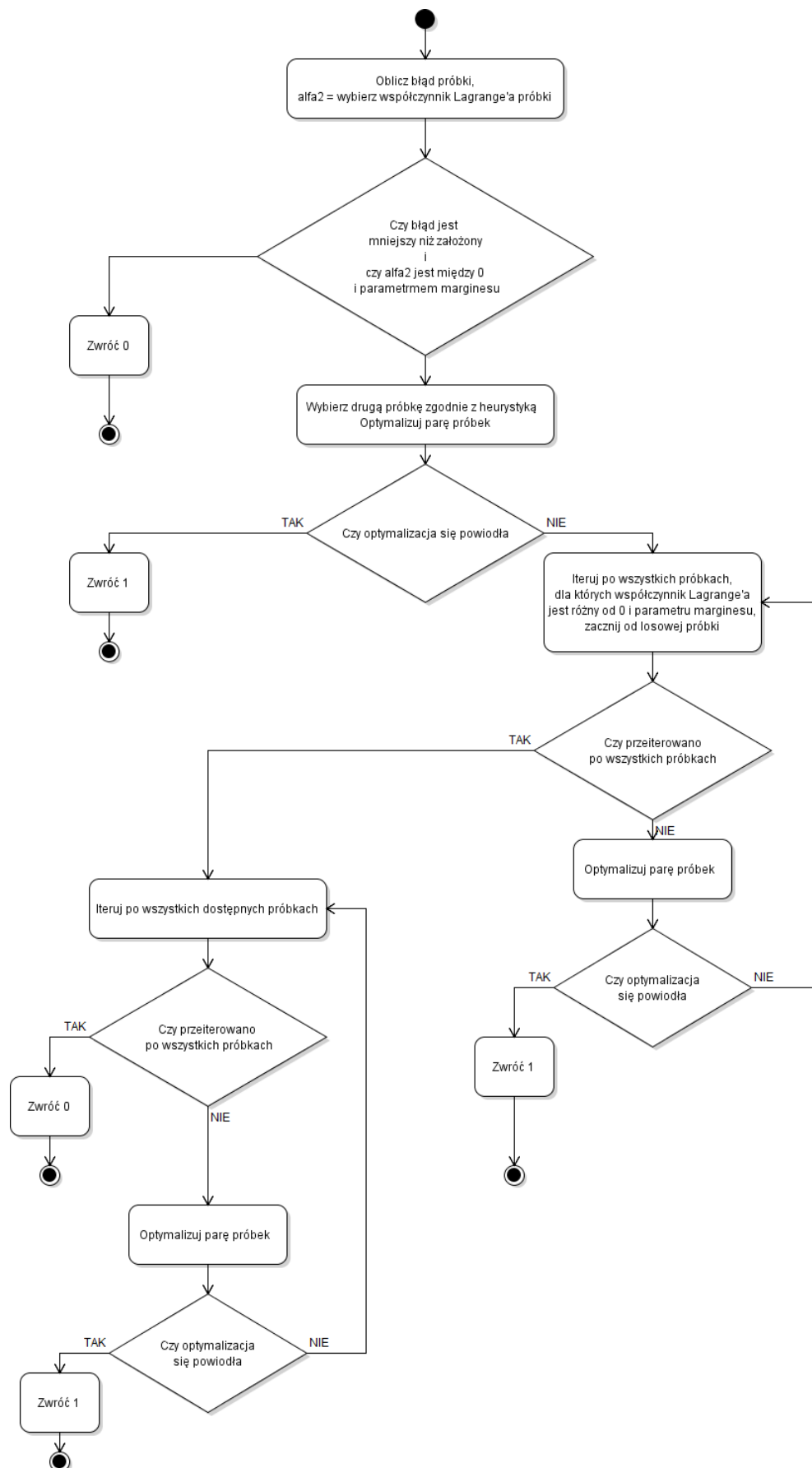
2.2 Opis sposobu implementacji algorytmu

2.2.1 Schematy blokowe działania algorytmu

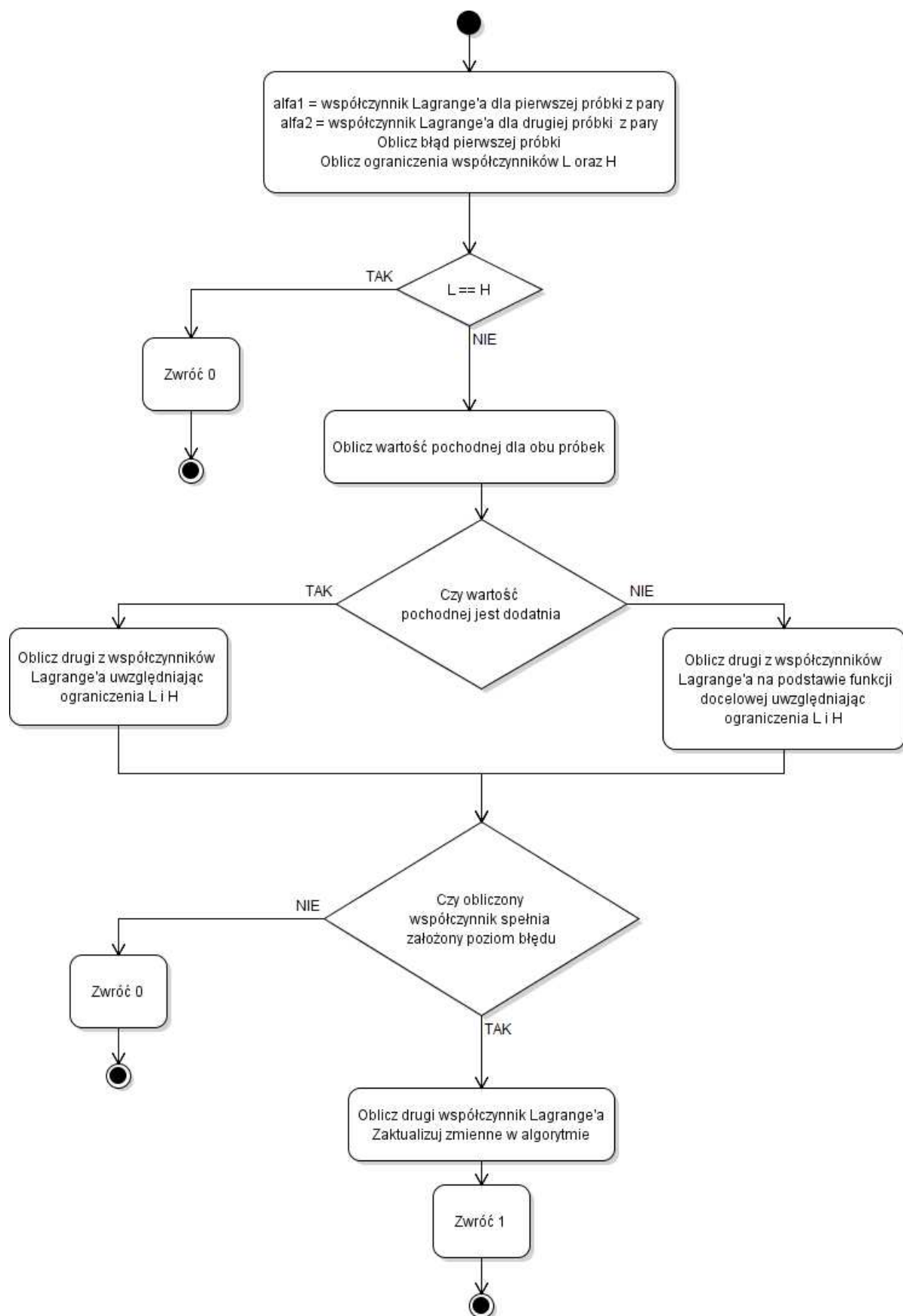
Sposób działania algorytmu przedstawiono za pomocą trzech schematów blokowych, które znajdują się poniżej:



Rysunek 4: Schemat blokowy głównej pętli programu
(opracowanie własne)



Rysunek 5: Schemat blokowy badania pojedynczej obserwacji
(opracowanie własne)



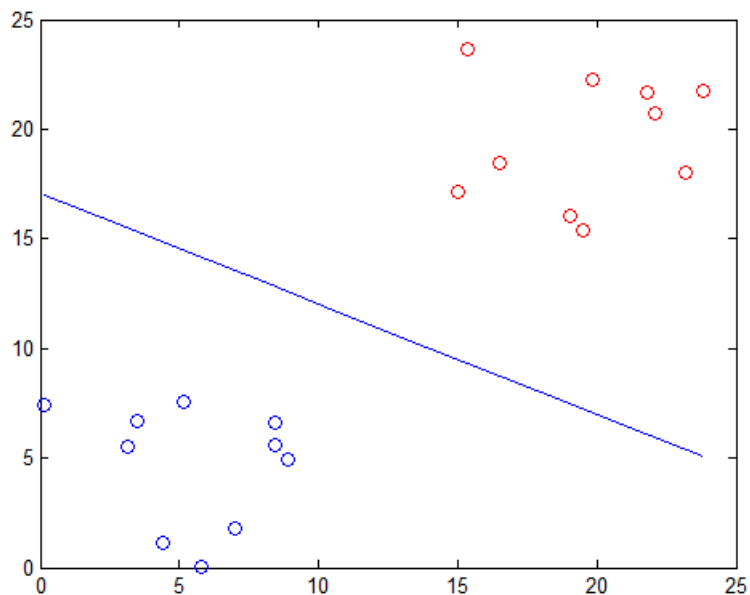
Rysunek 6: Schemat blokowy optymalizacji pary próbek
(opracowanie własne)

2.3 Wizualizacja działania algorytmu

W celu zobrazowania sposobu działania prototypu algorytmu opracowanego w środowisku MATLAB, dokonano wizualizacji wyznaczonej hiperpłaszczyzny. Dane należące do dwóch różnych kategorii zostały wylosowane przy pomocy funkcji `rand()`.

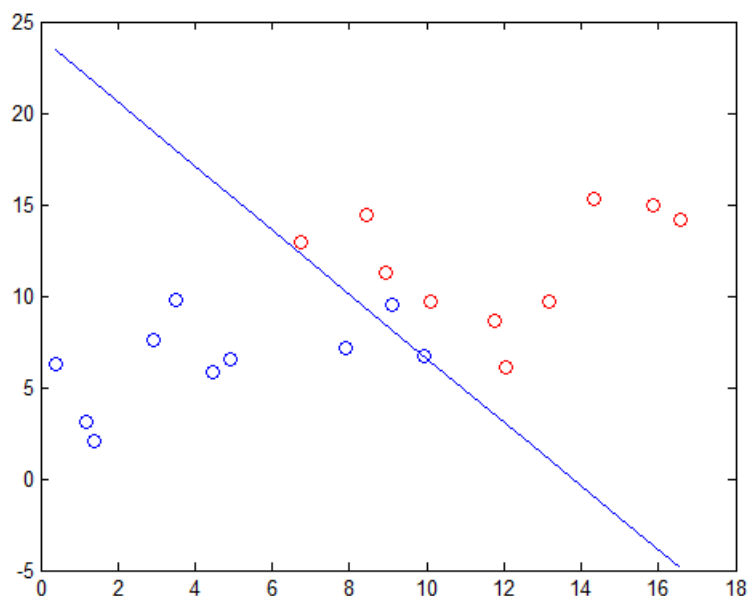
2.3.1 Wizualizacja dla dwóch cech

Na rysunku nr 4 przedstawiono dwa zbiory punktów należących do dwóch różnych klas, które zostały rozdzielone przy pomocy obliczonej hiperpłaszczyzny. W tym wypadku użyto dwóch cech, a przedstawione dane były liniowo separowalne.



Rysunek 7: Rezultat działania algorytmu dla dwóch wymiarów cech i liniowo separowalnych danych
(*opracowanie własne*)

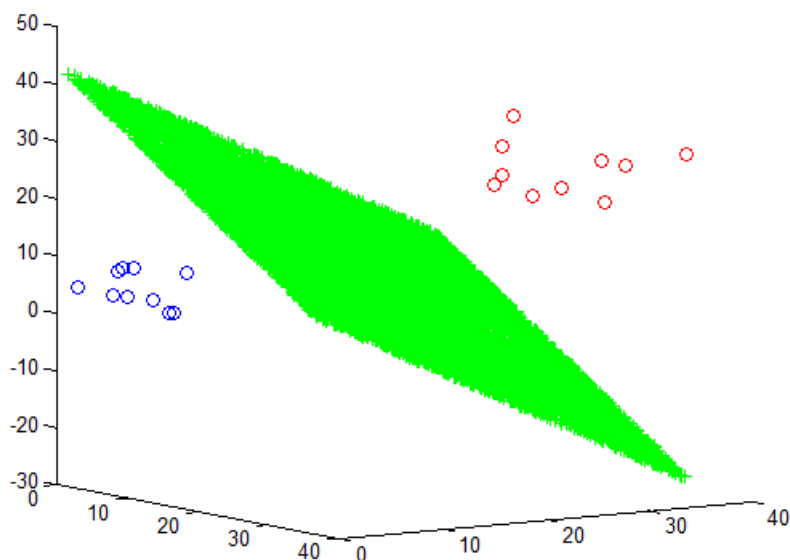
Na rysunku nr 5 przedstawiono dwa zbiory punktów należących do dwóch różnych klas, które zostały rozdzielone przy pomocy obliczonej hiperpłaszczyzny. W tym wypadku użyto dwóch cech, a przedstawione dane nie były liniowo separowalne.



Rysunek 8: Rezultat działania algorytmu dla dwóch wymiarów cech i danych nieseparowalnych liniowo
(*opracowanie własne*)

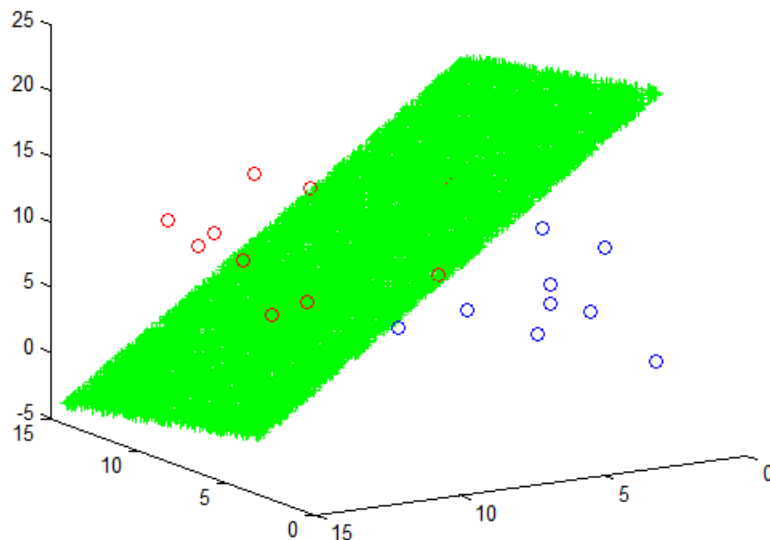
2.3.2 Wizualizacja dla trzech cech

Na rysunku nr 6 przedstawiono dwa zbiory punktów należących do dwóch różnych klas, które zostały rozdzielone przy pomocy obliczonej hiperpłaszczyzny. W tym wypadku użyto trzech cech, a przedstawione dane były liniowo separowalne.



Rysunek 9: Rezultat działania algorytmu dla trzech wymiarów cech i liniowo separowalnych danych
(*opracowanie własne*)

Na rysunku nr 7 przedstawiono dwa zbiory punktów należących do dwóch różnych klas, które zostały rozdzielone przy pomocy obliczonej hiperpłaszczyzny. W tym wypadku użyto trzech cech, a przedstawione dane nie były liniowo separowalne.



Rysunek 10: Rezultat działania algorytmu dla trzech wymiarów cech i danych nieseparowalnych liniowo
(opracowanie własne)

2.4 Opis informatyczny procedur

funkcja `optimizePair`:

```
void optimizePair(MatrixXd labelSet, MatrixXd gramMatrix, int pairFirst, int pairSecond,
MatrixXd sampleError, MatrixXd &lagrangeMultipliers, double const marginParameter,
double &bias, bool &flagOptimizeSuccess)
```

Funkcja pozwala na optymalizację pary współczynników Lagrange'a.

Funkcja przyjmuje:

`labelSet` - macierz typu `MatrixXd` z oznaczeniem cech
`gramMatrix` - macierz typu `MatrixXd` reprezentującą macierz Gramma
`pairFirst` - liczba typu `int` reprezentująca analizowany indeks
`pairSecond` - liczba typu `int` reprezentująca analizowany indeks
`sampleError` macierz typu `MatrixXd` zawierająca wartości błędów dla poszczególnych próbek
`marginParameter` - parametr marginesu

Funkcja przyjmuje w postaci referencji:

`lagrangeMultipliers` - macierz typu `MatrixXd` ze współczynnikami Lagrange'a
`bias` - liczba typu `double` oznaczająca przesunięcie granicy decyzyjności
`flagOptimizeSuccess` - wartość logiczna typu `bool` reprezentująca powodzenie lub niepowodzenie optymalizacji

funkcja `examineSample`:

```
void examineSample(int pairSecond, MatrixXd &sampleError, MatrixXd &lagrangeMultipliers,
MatrixXd gramMatrix, MatrixXd labelSet, double &bias, double const marginParameter,
double const tolerance, bool &flagExamineSuccess)
```

Funkcja pozwala na analizę danej próbki.

Funkcja przyjmuje:

`pairSecond` - liczba typu `int` reprezentująca analizowany indeks

gramMatrix - macierz typu MatrixXd reprezentującą macierz Gramma
labelSet - macierz typu MatrixXd z oznaczeniem cech
marginParameter - parametr marginesu
tolerance - liczba typu double reprezentująca tolerancję

Funkcja przyjmuje w postaci referencji:

sampleError macierz typu MatrixXd zawierająca wartości błędu dla poszczególnych próbek
lagrangeMultipliers - macierz typu MatrixXd ze współczynnikami Lagrange'a
bias - liczba typu double oznaczająca przesunięcie granicy decyzyjności
flagExamineSuccess - wartość logiczna typu bool reprezentująca powodzenie lub niepowodzenie analizy

funkcja smosvm:

void smosvm(MatrixXd trainSet, MatrixXd labelSet, double const marginParameter, MatrixXd &w, double &bias, float &trainingTime)

Funkcja pozwala na wyznaczenie optymalnej hiperpłaszczyzny rozdzielającej dwie klasy.

Funkcja przyjmuje:

trainSet - macierz typu MatrixXd zawierającą cechy do trenowania algorytmu
labelSet - macierz typu MatrixXd zawierającą oznaczenia cech
marginParameter - parametr marginesu

Funkcja przyjmuje w postaci referencji:

w - macierz typu MatrixXd zawierającą współczynniki wyznaczonej hiperpłaszczyzny
bias - liczba typu double oznaczająca przesunięcie granicy decyzyjności
trainingTime - liczbę typu float reprezentującą czas trenowania

funkcja loadData:

bool loadData(std::string filename, MatrixXd &dataSet, MatrixXd &labelSet)

Funkcja pozwala na wczytanie danych treningowych oraz danych testowych.

Funkcja przyjmuje:

filename - string z nazwą pliku

Funkcja przyjmuje w postaci referencji:

dataSet - macierz typu MatrixXd z cechami które zostały wczytane
labelSet - macierz typu MatrixXd z oznaczeniem cech

Funkcja zwraca wartość logiczną typu bool reprezentującą powodzenie lub niepowodzenie procesu wczytywania pliku:

funkcja svmclassify:

MatrixXd svmclassify(MatrixXd w, double bias, MatrixXd &dataSet, float &classificationTime)

Funkcja pozwala na klasyfikację zbioru testowego przy użyciu wcześniej obliczonych współczynników

klasyfikatora.

Funkcja przyjmuje:

w - macierz typu MatrixXd zawierająca współczynniki wyznaczonej hiperpłaszczyzny
bias - liczba typu double oznaczająca przesunięcie granicy decyzyjności

Funkcja przyjmuje w postaci referencji:

dataSet - macierz typu MatrixXd zawierające dane, które mają zostać sklasyfikowane
classificationTime - liczba typu float reprezentująca czas klasyfikacji

Funkcja zwraca macierz typu MatrixXd zawierającą wyniki klasyfikacji uzyskanej przez algorytm:

funkcja checkAccuracy:

float checkAccuracy(MatrixXd const &resultSet, MatrixXd const &trueResultSet)

Funkcja pozwala na sprawdzenie skuteczności klasyfikacji algorytmu.

Funkcja przyjmuje:

resultSet - macierz typu MatrixXd z wynikami klasyfikacji uzyskanymi przez algorytm

Funkcja przyjmuje w postaci referencji:

trueResultSet - macierz typu MatrixXd z poprawnymi wynikami klasyfikacji

Funkcja zwraca liczbę typu float reprezentującą skuteczność klasyfikacji algorytmu:

funkcja saveResult:

void saveResult(float const &trainingTime, float const &classificationTime, float const &accuracy)

Funkcja pozwala na zapisywanie rezultatów treningu oraz klasyfikacji do pliku tekstowego "linear SVM results.txt".

Funkcja przyjmuje w postaci referencji:

trainingTime - czas, którego algorytm potrzebował na nauczanie klasyfikatora

classificationTime - czas, którego algorytm potrzebował do klasyfikacji

accuracy - skuteczność klasyfikacji algorytmu w %

funkcja getBiggerNumber:

double getBiggerNumber(double firstNumber, double secondNumber)

Funkcja pozwala na znalezienie liczby większej spośród dwóch liczb.

Funkcja przyjmuje:

firstNumber - liczbę typu double

secondNumber - liczbę typu double

Funkcja zwraca większą z dwóch analizowanych liczb:

funkcja `getSmallerNumber`:

`double getSmallerNumber(double firstNumber, double secondNumber)`

Funkcja pozwala na znalezienie liczby mniejszej spośród dwóch liczb.

Funkcja przyjmuje:

`firstNumber` - liczbę typu `double`
`secondNumber` - liczbę typu `double`

Funkcja zwraca mniejszą z dwóch analizowanych liczb:

`getNonboundSubset`:

`MatrixXd getNonboundSubset(MatrixXd lagrangeMultipliers, double marginParameter)`

Funkcja przyjmuje:

`lagrangeMultipliers` - macierz typu `MatrixXd` ze współczynnikami Lagrange'a
`marginParameter` - liczba typu `double` z parametrem marginesu

Funkcja zwraca macierz typu `MatrixXd` z indeksami elementów macierzy `lagrangeMultipliers`, których wartość jest różna od 0 lub różna od wartości zmiennej `marginParameter`

funkcja `randomizeIndexOrder`:

`void randomizeIndexOrder(MatrixXd dataSet, MatrixXd &randomizedIndices)`

Funkcja pozwala na losowe ustawienie indeksów.

Funkcja przyjmuje:

`dataSet` - macierz typu `MatrixXd` z indeksami, które mają zostać zrandomizowane

Funkcja przyjmuje w postaci referencji:

`randomizedIndices` - macierz typu `MatrixXd` z indeksami, które zostały zrandomizowane

funkcja `random_data_generator`:

`void random_data_generator(MatrixXd &trainSet, MatrixXd &labelSet)`

Funkcja pozwala na wylosowanie danych do testowania działania algorytmu.

Funkcja przyjmuje w postaci referencji:

`trainSet` - macierz typu `MatrixXd` z cechami do trenowania
`labelSet` - macierz typu `MatrixXd` z oznaczeniem klas

Literatura

- [1] Platt John *Sequential Minimal Optimization: A Fast Algorithm for Training Support Vector Machines* Microsoft Research, Technical Report MSR-TR-98-14, 1998
- [2] de Chazal Philip *A Patient-Adapting Heartbeat Classifier Using ECG Morphology and Heartbeat Interval Features*, IEEE Transactions On Biomedical Engineering, Vol. 53, No. 12, 2006
- [3] Stefanowski Jerzy *Metoda wektorów nośnych - slajdy dodatkowe do wykładu*
<http://www.cs.put.poznan.pl/jstefanowski/ml/SVM.pdf> Institute of Computing Sciences, Poznań University of Technology
- [4] SVM Tutorial *Understanding the math*,
<http://www.svm-tutorial.com/2014/11/svm-understanding-math-part-2/>

3 Klasyfikator Bayesa

3.1 Opis algorytmu

Działanie klasyfikatora Bayesa polega na przyporządkowaniu nowego przypadku do wcześniej zdefiniowanej klasy. Podstawowym założeniem tego klasyfikatora jest niezależność każdej cechy występującej w klasie od reszty cech. Innymi słowy użyty klasyfikator bayesowski jest klasyfikatorem probabilistycznym z założeniem niezależności. Oznacza to, że obecność lub brak danej cechy nie łączy się z występowaniem jakiegokolwiek innej. Omawiany klasyfikator jest statystycznym klasyfikatorem opartym na twierdzeniu Bayesa.

Zakłada się, że dany obiekt X jest reprezentowany przez zbiór cech, którego wartości należą do zbioru $X = (x_1, x_2, \dots, x_n)$. Reguła Bayesa mówi, że obiekt X należy do klasy C_j , dla której wartość prawdopodobieństwa $P(C_j|X)$ jest największa. $P(C|X)$ to prawdopodobieństwo, że obiekt X należy do klasy C . Aby oszacować prawdopodobieństwa a-posteriori $P(C|X)$ należy skorzystać z twierdzenia Bayesa, które ma postać:

$$P(C|X) = P(X|C)P(C)/P(X) \quad (23)$$

gdzie:

$P(C)$ - prawdopodobieństwo a-priori wystąpienia klasy C (czyli prawdopodobieństwo, że dowolny przykład należy do klasy C),

$P(X|C)$ - prawdopodobieństwo a-posteriori, że obiekt X należy do klasy C ,

$P(X)$ - prawdopodobieństwo wystąpienia obiektu X .

Prawdopodobieństwo $P(X)$ jest dla wszystkich klas takie same, więc tak naprawdę klasa C_i , dla której wartość $P(C|X)$ jest największa to klasa dla której prawdopodobieństwo $P(X|C_i)P(C_i)$ jest największe.

Wartość $P(C_i)$ zastępuje się względną częstością klasy C_i lub można założyć, że wszystkie klasy mają takie same prawdopodobieństwo.

Prawdopodobieństwo $P(X|C_i)$ to tak naprawdę iloczyn prawdopodobieństw kolejnych atrybutów:

$$P(X|C_i) = \prod_{j=1}^n P(x_j|C_i) \quad (24)$$

W przypadku wystąpienia ciągłego atrybutu prawdopodobieństwo $P(x_j|C_i)$ należy estymować za pomocą funkcji gęstości prawdopodobieństwa przy założeniu normalnego rozkładu wartości atrybutów:

$$f(x) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}} \quad (25)$$

gdzie:

μ - średnia danego atrybutu w klasie,

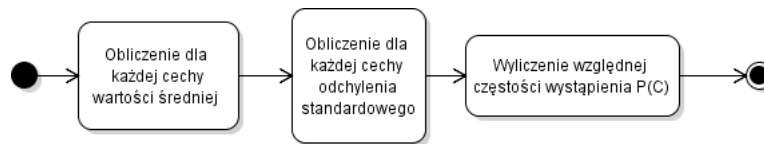
σ^2 - wariancja atrybutu [1].

Naiwny model Bayesa jest łatwy do zbudowania oraz świetnie sprawdza się w przypadku bardzo dużej ilości danych. Dodatkowo zaletą tej metody jest to, że wymaga nie dużej ilości danych trenujących, aby uzyskać potrzebne parametry klasyfikujące.

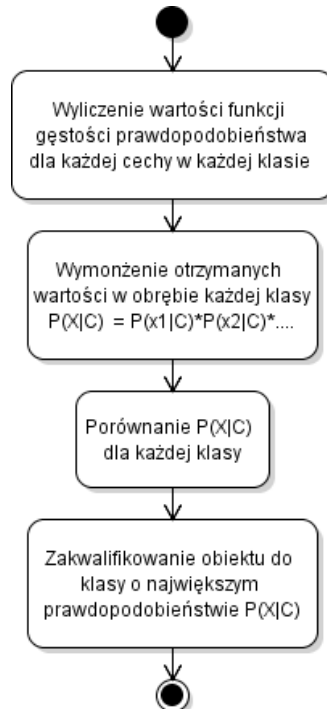
3.2 Implementacja

Patrząc pod kątem implementacji można wyróżnić dwa procesy: uczenia klasyfikatora i testowania. Proces uczenia będzie polegał na wyliczeniu odpowiednich parametrów. Są nimi częstość wystąpienia danej klasy $P(C_i)$, średnia wartość cechy μ w zależności od klasy, oraz odchylenie standardowe wartości cechy σ^2 . Rysunek 11 obrazuje proces uczenia klasyfikatora

Kolejny etap algorytmu to już analiza danych, które mają zostać sklasyfikowane. Polega ona wyliczeniu dla każdej cechy funkcji gęstości prawdopodobieństwa, ponieważ wszystkie cechy które będą wchodziły w skład obiektu będą cechami ciągłymi. Funkcja ta obliczana jest dla każdej klasy. Następnie w celu otrzymania prawdopodobieństwa $P(X|C_i)P(C_i)$ otrzymane wartości wymnaża się. Obiekt zostanie zakwalifikowany do klasy, w której obliczone prawdopodobieństwo $P(X|C_i)$ jest najwyższe. Rysunek 12 przedstawia algorytm przypisania klasy do zestawu cech.



Rysunek 11: Schemat algorytmu uczenia klasyfikatora.



Rysunek 12: Schemat algorytmu przypisania klasy do obiektu.

3.3 Wykorzystanie klasyfikatora do rozpoznawania uderzeń serca

W celu wstępnego wyznaczenia skuteczności algorytmu, przeprowadzono klasyfikacje na uderzeniach serca pochodzących z sygnału 100.dat i 228.dat z bazy danych MIT - BIH. Rodzaje uderzeń znajdujące się w tych sygnałach postanowiono podzielić na 3 klasy:

- uderzenia normalne oznaczone literką *N*,
- uderzenia komorowe oznaczone literą *V*,
- inne uderzenia wyróżnione w bazie MIT - BIH.

Zdecydowano się na taki podział ponieważ dwie pierwsze grupy stanowią ponad 90% wszystkich uderzeń serca występujących w całej bazie MIT-BIH.

Cechy jakie zostały zdefiniowane dla każdego obiektu to, zaproponowane na podstawie artykułu [2]:

- Pre interval RR - odległość między aktualnym uderzeniem serca(analizowanym), a poprzednim uderzeniem serca,
- Post inreval RR - odległość między analizowanym uderzenie serca a kolejnym uderzeniem,
- Average RR - średnia długość interwału RR dla całego analizowanego sygnału,
- Ratio1 - stosunek pre RR interwał i post RR interval
- Ratio2 - stosunek per interwału do Avarage RR

Dane zostały podzielone na dwie grupy treningową i testową odpowiednio w stosunku 4:1. Ilość obiektów w obu grupach łącznie wynosiło 4322, w grupie testowej było 864 próbek, a w treningowej 3458. Wynik klasyfikacji z wykorzystaniem wszystkich pięciu wcześniej opisanych cech. prezentuje Tabela 1.

Tabela 1: Wynik klasyfikacji po zastosowaniu klasyfikatora Bayesa.

	Dobrze rozpoznane	Źle rozpoznane	Dobrze rozpoznane/całość klasy
Uderzenia N	776	8	0,99
Uderzenia V	71	1	986
Inne uderzenia	4	4	0,5
Suma	851	13	0,985

Postanowiono sprawdzić jaka będzie skuteczność klasyfikacji, jeżeli uwzględnionych zostanie mniej cech. Na przykład cechy Ratio1 i Ratio2 są powiązane z przednimi cechami, więc istnieje podejrzenie, że skuteczność klasyfikatora z pominięciem tych cech może być wyższa zgodnie z naiwnym założeniem twierdzenia Bayesa. Okazało się jednak, że najlepszą skuteczność jaką można było uzyskać z wykorzystaniem tych cech była w momencie nie uwzględniania ostatniej cechy Ratio2. Wyniki jakie otrzymano korzystający tylko pierwszych 4 cech (post i pre interval RR, average RR i Ratio1) znajdują się w Tabeli 2.

Tabela 2: Wynik klasyfikacji po zastosowaniu klasyfikatora Bayesa z wykorzystaniem 3 cech.

	Dobrze rozpoznane	Źle rozpoznane	Dobrze rozpoznane/całość klasy
Uderzenia N	785	0	1
Uderzenia V	72	0	1
Inne uderzenia	0	7	0
Suma	857	7	0,992

Można zauważyć, że w momencie skorzystania z mniejszej liczby cech skuteczność całego klasyfikatora wzrosła, jednak skuteczność w obrębie klas jest już bardzo różnorodna. Wszystkie uderzenia normalne i nadkomorowe występujące w grupie testowej zostały właściwie rozpoznane, jednak żadne z innych uderzeń nie zostało poprawnie sklasyfikowane. Powodem może być duża różnorodność wartości w obrębie tej klasy. Natomiast korzystając z wszystkich wyznaczonych cech, skuteczność poprawnego zaklasyfikowania do innych uderzeń jest znacznie większa i wynosi 50%. Jednak w obu przypadkach skuteczność rozpoznania utrzymuje się na wysokim poziomie. Klasyfikator jest bardzo prosty w implementacji klasyfikacja przebiega bardzo sprawnie. O skuteczności algorytmu nie decyduje ilość danych treningowych tylko ich reprezentatywność. Klasyfikator Bayesa jest tak skonstruowany, że jedyną czym można manipulować, aby polepszyć wyniki to zbiór treningowy - ilość i rodzaj cech danego uderzenia, natomiast ilość danych w zbiorze treningowym nie jest już tak bardzo istotna.

Literatura

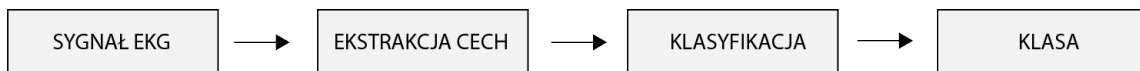
- [1] Wykład: Klasyfikacja, Naiwny klasyfikator Bayesa
<http://wazniak.mimuw.edu.pl>
- [2] K.M. Senapati: *Automatic Classification of Heartbeats Using ECG Morphology and Heartbeat Interval Features*, Electrical Engineering IIT, 2014

4 k-Nearest Neighbours

4.1 Założenia wstępne metody

- Dany jest zbiór uczący wraz z wektorem zmiennych objaśniających oraz wartością zmiennej objaśnianej
- Dany jest zbiór testowy wraz z wektorem zmiennych objaśniających dla którego prognozuje się wartość zmiennej objaśnianej

Proces uczenia się klasyfikatora k-NN polega po prostu na doborze parametru k. Zbiór uczący i testowy to wektory cech wyodrębnionych na drodze przetwarzania sygnału EKG. Na podstawie zbioru testowego klasyfikator uczy się przyporządkowywania cech do odpowiednich klas, a już podczas analizy zbioru testowego klasyfikator samodzielnie przyporządkowuje cechy do odpowiedniej klasy. Proces klasyfikacji obrazuje Rysunek 3.



Rysunek 13: Proces klasyfikowania zespołu QRS do danej klasy

4.2 Opis metody [1]

Klasyfikator k-Najbliższych Sąsiadów to nieparametryczna metoda klasyfikacji oznaczana jako k-NN (*k-Nearest Neighbours*). Rozpoznawany obiekt zalicza się do tej klasy, do której należy większość z jego K najbliższych sąsiadów. Obiekty są analizowane w taki sposób, że oblicza się odległości pomiędzy nimi. Istnieją różne miary podobieństwa - w przypadku niniejszego projektu posłużono się *odległością euklidesową*:

$$d(x, y) = \sqrt{\sum_{i=1}^n |x_i - y_i|^2}$$

Klasyfikator ten odnajduje K najbliższych sąsiadów bieżącej próbki i zlicza próbki przypisane do poszczególnych klas. Bieżąca próbka zostaje przydzielona do klasy, która występuje najczęściej wśród swoich najbliższych K sąsiadów. Odległość od danych próbek na tym etapie nie ma już znaczenia, chyba że liczba sąsiadów z poszczególnych klas będzie identyczna.

Na jakość klasyfikacji ma wpływ liczba K uwzględnionych sąsiadów oraz rozkład w przestrzeni wielowymiarowej poprzednich próbek. Wybór odpowiedniej liczby sąsiadów K jest podstawowym zadaniem podczas projektowania klasyfikatora. Zbyt duża liczba K będzie powodowała wysoką złożoność obliczeniową, a zbyt mała sprawi, że klasyfikator nie będzie odporny na szumy.

Zaletami tej metody jest prosty proces uczenia się i łatwość implementacji. Do wad można zaliczyć proces klasyfikacji, który musi przeanalizować cały zbiór uczący, żeby obliczyć wszystkie odległości. Powoduje to, że klasyfikator jest tym wolniejszy im obszerniejszy jest zbiór uczący.

4.3 Klasy

Podczas implementacji prototypu w środowisku MATLAB w wektorach danych testowych i treningowych wyróżniono pięć klas, do których klasyfikowano zespoły QRS. Są to klasy rekomendowane przez *Association for the Advancement of Medical Instrumentation*:

- **N** (*normal*) - normalne, fizjologiczne uderzenie serca
- **S** (*supraventricular*) - ektopowe pobudzenie nadkomorowe
- **V** (*ventricular*) - ektopowe pobudzenie komorowe
- **F** (*fusion*) - pobudzenie mieszane (jednoczesne pobudzenie komorowe i nadkomorowe)
- **Q** (*unknown beat*) - nierozpoznane pobudzenie

Podczas implementacji algorytmu w środowisku C++ do testowania algorytmu użyto danych, które klasyfikowały próbki do dwóch klas:

- 1 - uderzenie nadkomorowe (prawidłowe)
- -1 - uderzenie komorowe (nieprawidłowe)

4.4 Implementacja prototypu algorytmu w środowisku MATLAB

W projekcie zaimplementowano funkcję obliczającą k-NN, która po otrzymaniu pojedynczej próbki zawierającej cechy sygnału EKG klasyfikuje ją do odpowiedniej klasy. Algorytm przetestowano na próbkach, których klasa jest znana, po to aby móc zweryfikować poprawność jego działania. Implementacji prototypu dokonano w środowisku MATLAB.

Poniżej przedstawiono zaimplementowaną funkcję, która zrealizowana została dla każdej próbki ze zbioru testowego:

```
function [ out ] = knnClassification( testData , trainData , trainLabels , k)

dist = pdist2( testData , trainData );
for i=1:k
    [ val(i) , idx ] = min( dist );
    out(i) = trainLabels( idx );
    dist( idx ) = max( dist );
end
end
```

4.5 Walidacja algorytmu

Algorytm przetestowano na zbiorze 100 próbek testowych. Wynik walidacji wykazał, że 98 próbek ze 100 zostało sklasyfikowanych poprawnie. Pokazuje to, że algorytm klasyfikuje skutecznie, jednak dalsze testy powinny być przeprowadzone na dużo większym zbiorze testowym.

Literatura

- [1] Chmielnicki W., *Efektywne metody selekcji cech i rozwiązywania problemu wieloklasowego w nadzorowanej klasyfikacji danych*, Instytut Podstawowych Problemów Techniki Polskiej Akademii Nauk, Kraków 2012

5 Extended Nearest Neighbours

5.1 Ograniczenia metody k-NN [1]

Algorytm k-NN jest szeroko wykorzystywany w wielu różnych dziedzinach. Został nawet zakwalifikowany na konferencji *IEEE International Conference on Data Mining* do dziesięciu najlepszych algorytmów do zastosowań w obrębie *data-mining*. Jednak zastosowanie tego algorytmu wymaga odpowiednio zdefiniowanego parametru k oraz odpowiednio dobranej miary obliczania niepodobieństwa. Ponadto próbki, które nie pasują do żadnej klasy lub są reprezentowane przez klasę o niższej częstotliwości występowania w zbiorze uczącym zostaną *zdominowane* przez klasy o najwyższej gęstości występowania. W takim przypadku liczba sąsiadów dla próbki z klasy drugiej może charakteryzować się większą ilością próbek z klasy pierwszej. Skłoniło to do poszukiwania rozwiązań, które umożliwiłyby jeszcze lepszą skuteczność omawianego algorytmu.

5.2 Opis metody eNN [2] [3]

Algorytm ENN (*extended nearest neighbor*) w uproszczeniu używa klasyfikatora KNN do znalezienia k-najbliższych sąsiadów próbki testowej w zbiorze treningowym, a następnie na podstawie obliczenia średniej ważonej kolejnych sąsiadów wybiera tę klasę, dla której suma średnich ważonych do niej przypisanych wśród najbliższych sąsiadów jest największa. Dużą różnicą w stosunku do algorytmu kNN jest brak konieczności wyboru k - algorytm iteruje po wszystkich k od 1 do \sqrt{n} , gdzie n to liczba próbek w zbiorze testowym. Pod uwagę brane są tylko nieparzyste wartości k - pozwala to uniknąć sytuacji, w której doszłoby do konfliktu oraz zmniejsza złożoność obliczeniową algorytmu, która ze względu na iteracje po k jest duża wyższa w porównaniu z eNN. Dodatkowo algorytm kNN nie tworzy żadnego modelu obliczeniowego - każda próbka testowa jest porównywana z całym zbiorem uczącym, co prowadzi do

dłuższego czasu działania w porównaniu z innymi klasyfikatorami.

Średnia ważona i-sąsiada w zbiorze k-najbliższych sąsiadów:

$$w(i) = \frac{1}{\log_2(1+i)}$$

Średnia ważona dla poszczególnej klasy jest obliczana w następujący sposób:

$$WSc = \sum_{k=1}^{\sqrt{n}} \sum_{i=1}^k \begin{cases} w(i), A_i = c \\ 0, otherwise \end{cases}$$

Następnie pod uwagę brana jest ta klasa, która występuje najczęściej:

$$class = \operatorname{argmax}(cWSc)$$

5.3 Implementacja w środowisku MatLab

Danymi wejściowymi algorytmu są dane testowe oraz dane treningowe. Każdy zespół w ramach grupy posłużył się identycznymi danymi, aby wyniki można było porównać. Na początku znormalizowano dane, jednak i bez tej operacji algorytm działa poprawnie.

Zaimplementowaną funkcję liczącą skuteczność algorytmu. Algorytm jest przygotowany tak, aby działał dla różnych zbiorów danych. Funkcja *knnClassification* zwraca wektor k-najbliższych sąsiadów próbki testowej w kolejności od najbliższego do najdalszego sąsiada. Następnie dla każdego sąsiada obliczana jest jego waga. Wagi są sumowane w obrębie danej klasy. Wynikiem klasyfikacji jest ta klasa, której suma wag jest największa. Następnie, gdy zostanie obliczony rezultat dla każdej wartości k to spośród wektora klas wynikowych algorytm klasyfikuje próbkę testową do tej klasy, która występuje najczęściej.

```
%enn classification for every test sample
for testSample=1:length(testData)
    result = [];
    for k=1:2:sqrt(length(trainData))
        predictedClasses = knnClassification(testData(testSample,:), trainData, trainLabels, k);
        classes = unique(predictedClasses);
        weights = zeros(length(classes),1);
        for i=1:numel(predictedClasses)
            weight = 1/log2(i+1);
            index = find(classes == predictedClasses(i));
            weights(index) = weights(index) + weight;
        end
        [val, idx] = max(weights);
        result(size(result)+1) = classes(idx);
    end
    ennResult(testSample) = mode(result);
end
```

5.4 Podsumowanie

Algorytmy ENN i KNN najpierw zaimplementowano w środowisku MatLab, a później w języku obiektowym C++ w standardzie C++11 używając środowiska programistycznego Eclipse. Podczas ostatecznej implementacji udoskonalono algorytmy, zarówno w C++ jak i w MatLabie.

Przeprowadzono test działania programu. Sprawdzono czas realizacji algorytmu oraz skuteczność właściwego klasyfikowania próbek wyrażoną w procentach. Na zastosowanym zbiorze testowym nie wykryto różnicy w skuteczności dla algorytmu KNN oraz ENN - oba poprawnie zaklasyfikowały 98 próbek ze 100. Był to zbiór testowy wybrany przez całą grupę dla porównania wyników uzyskanych w obrębie poszczególnych zespołów. Oczekiwanym rezultatem była większa skuteczność algorytmu ENN, ponieważ uwzględnia on dalsze sąsiedztwo (a co za tym idzie więcej przypadków). Na innym zestawie danych (z bazy danych physionet) rzeczywiście te oczekiwania się potwierdzały. Jednak algorytm ENN ma dużo większą złożoność obliczeniową niż KNN (ponieważ kilkakrotnie wykorzystuje algorytm KNN do własnych obliczeń).

Literatura

- [1] Jayalalitha S. Susan D. et al., *K-nearest Neighbour Method of Analysing the ECG Signal (To Find out the Different Disorders Related to Heart)*, Journal of Applied Sciences 2014, p.1682-1632,
- [2] Tang B., He H., *Enn: Extended nearest neighbor Method for Pattern Recognition*, IEEE Computational Intelligence Magazine 2015
- [3] Alkasassbeh M., Altarawneh G. A. et al., *On enhancing the performance of nearest neighbour classifiers using hassanat distance metric*, Canadian Journal of Pure and Applied Sciences 2015

6 Radial Basis Function Kernel SVM

6.1 Wstęp

Od wielu lat, tematyka automatycznej klasyfikacji elektrokardiogramu jest wnikliwie badana przez wiele zespołów. Wynika to z faktu, że pozwala uzyskać użyteczne informacje dotyczące rytmu oraz funkcjonowania serca. Analiza sygnału elektrokardiograficznego jest uważana za skuteczną metodę diagnostyczną w stanach chorobowych układu sercowonaczyniowego.

W ostatnich latach stosuje się coraz bardziej wyrafinowane metody klasyfikacji, do których zaliczają się m.in. która integrują w sobie elementy logiki rozmytej, sieci neuronowych, ukrytych modeli Markowa, transformacji falkowej oraz maszyny wektorów nośnych.

Jednym z kluczowych aspektów projektu systemu automatycznej klasyfikacji jest właśnie dobór metody klasyfikacji. Metoda SVM jest warta uwagi, ponieważ oparta jest na maksymalizacji obszaru pomiędzy hiperpłaszczyznami rozdzielającymi dane z dwóch grup. Znalazła ona zastosowanie w dziedzinach rozpoznawania obiektów 3-D, obrazowania medycznego i kompresji obrazów. [1]

6.2 Zarys proponowanego rozwiązania

Rozwiązanie stworzone w ramach projektu składa się z następujących elementów

- Pobranie sygnału EKG z bazy danych MIT-BIH Arrhythmia Database
- Wstępne przetworzenie sygnału polegające na filtracji pasmowoprzepustowej oraz odjęciu linii izoelektrycznej
- Wyznaczenie przybliżonych miejsc występowania zespołów QRS na podstawie pliku .atr dołączonego każdego z badań
- Dla każdego z zespołów, które zostały sklasyfikowane jako normalny - N lub komorowy - V wyznaczenie cech sygnału
- Stworzenie macierzy zawierającej w kolejnych wierszach zestawu cech dotyczącej każdego z zespołów QRS, w ostatniej kolumnie informacja o poprawnym przyporządkowaniu (wartość +1 dla N, wartość -1 dla V)
- Stworzenie zbioru uczącego i testowego
- Uczenie modelu maszyny wektorów nośnych przy użyciu algorytmu sequential minimal optimization
- Walidacja modelu z użyciem zbioru testowego

6.3 Obliczenie cech kompleksów QRS

Podawanie do algorytmu uczącego całego sygnału bądź też interesujących fragmentów byłoby niepraktyczne z racji dużej złożoności obliczeniowej takiego rozwiązania. Znalezienie prostych do obliczenia cech zespołów QRS, które jednocześnie są w stanie pogrupować dane wejściowe według rodzaju ewolucji serca byłoby najbardziej korzystną sytuacją. [3]

6.3.1 Matematyczny sposób obliczenia cech

Do analizy wybrano 5 prostych do obliczenia parametrów, do których obliczenia wykorzystuje się fragmenty sygnału uznane jako należące do zespołu QRS. [5] Te parametry to:

- Stosunek pola do obwodu (współczynnik Malinowskiej)

$$p_1 = \frac{\sum_{k=1}^N s[k]}{\sum_{k=2}^N s[k] - s[k-1]} \quad (26)$$

- Wartość międzyszczytowa

$$p_2 = \frac{\max_{k \in \langle 1, N \rangle} s[k]}{\min_{k \in \langle 1, N \rangle} s[k]} \quad (27)$$

- Procent próbek sygnału, które są ujemne

$$p_3 = 100\% * \frac{\sum_{k=1}^N u[k]}{N} \quad (28)$$

Gdzie:

$$u[k] = \begin{cases} 1 & \text{gdy } s[k] < 0 \\ 0 & \text{gdy } s[k] \geq 0 \end{cases}$$

- Stosunek maksymalnej prędkości do maksymalnej amplitudy

$$p_4 = \frac{\max_{k \in \langle 3, N \rangle} s[k] - s[k-2] + 2s[k-1]}{|\max_{k \in \langle 1, N \rangle} s[k] - \min_{k \in \langle 1, N \rangle} s[k]|} \quad (29)$$

- Stosunek liczby próbek sygnału, których prędkość przekracza 40% maksymalnej prędkości obserwowanej w sygnale

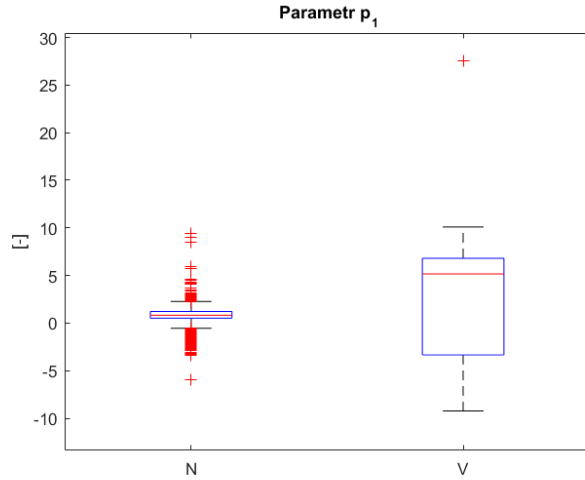
$$p_5 = \frac{\sum_{k=1}^N g[k]}{N} \quad (30)$$

Gdzie:

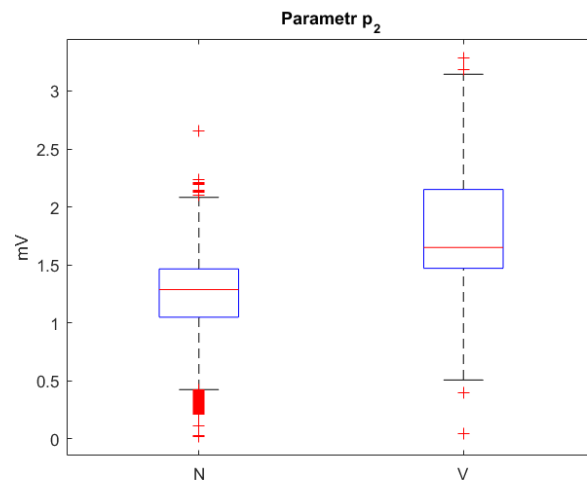
$$g[k] = \begin{cases} 1 & \text{gdy } |s[k] - s[k-1]| > 0.4 \max_{m \in \langle 2, N \rangle} |s[m] - s[m-1]| \\ 0 & \text{gdy } |s[k] - s[k-1]| \leq 0.4 \max_{m \in \langle 2, N \rangle} |s[m] - s[m-1]| \end{cases}$$

6.3.2 Klasyfikacja przy użyciu obliczonych cech

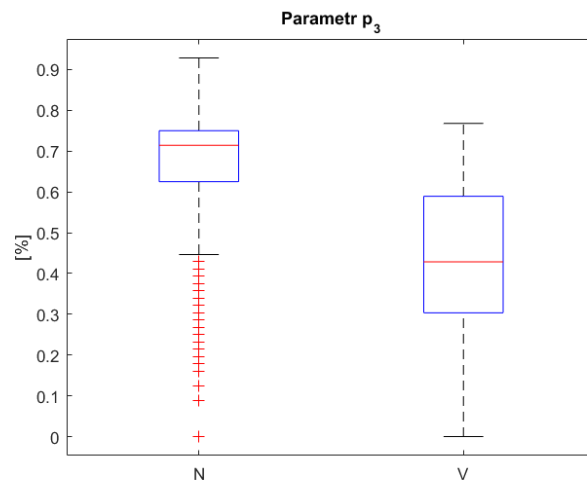
W celu wstępnej oceny wybranych cech, wybrano losowo 5 sygnałów z bazy danych (100.dat, 107.dat, 114.dat, 200.dat, 208.dat). Wyodrębniono z nich 9306 zespołów QRS, które sklasyfikowano jako normalne (N) bądź komorowe (V). Poniżej przedstawione są wykresy pudełkowe pokazujące zakres zmienności kolejnych cech dla obu grup.



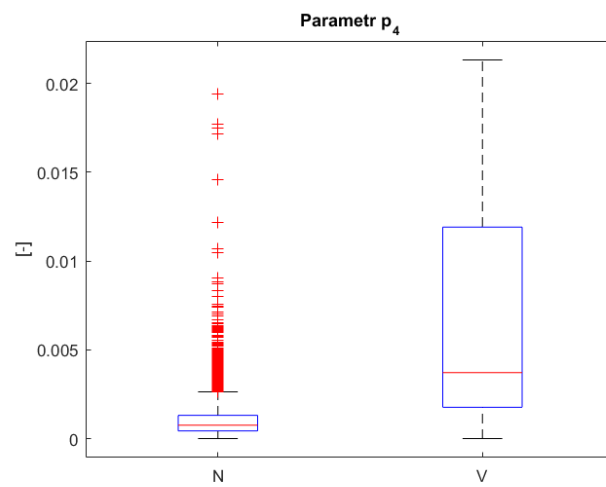
Rysunek 14: Parametr p_1 dla obu grup



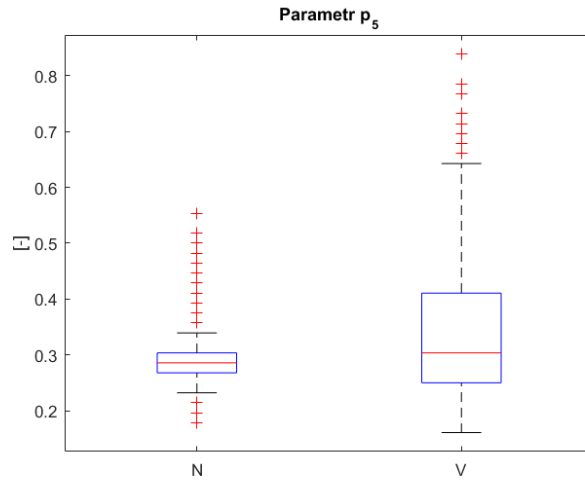
Rysunek 15: Parametr p_2 dla obu grup



Rysunek 16: Parametr p_3 dla obu grup

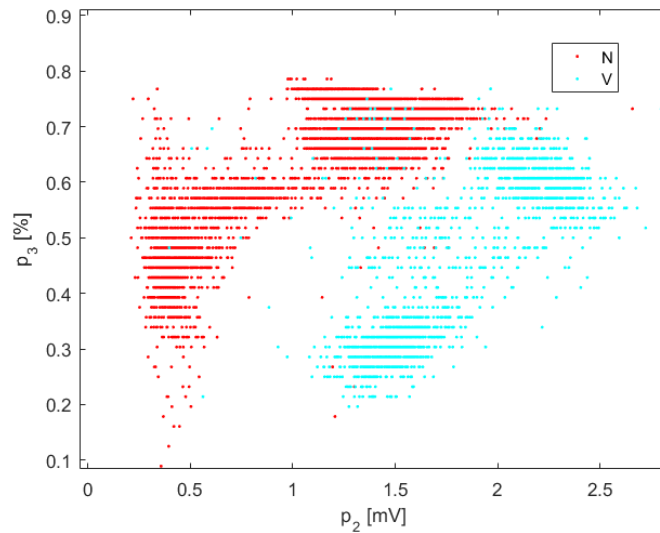


Rysunek 17: Parametr p_4 dla obu grup



Rysunek 18: Parametr p_5 dla obu grup

Jak można zauważyć niektóre cechy (przede wszystkim p_2 i p_3) dobrze dokonują rozróżnienia. W celu potwierdzenia tej obserwacji stworzono wykres obserwacji w przestrzeni $p_2 - p_3$.



Rysunek 19: Zbiór testowy na płaszczyźnie p_2-p_3

Pokazuje on, że klasyfikacja już w przestrzeni tych dwóch cech może dawać satysfakcjonujące rezultaty. Do algorytmu uczącego podano jednak macierz zawierającą wszystkie 5 cech zespołów QRS.

6.4 Metoda maszyny wektorów nośnych (SVM)

6.4.1 Podstawowe założenia metody

Metoda wektorów nośnych dokonuje binarnej (na dwa pozbiory) klasyfikacji z nadzorem. Zbiór uczący składa się z N wektorów

$$x_i \in R^d (i = 1, 2, 3...) \quad (31)$$

z d -wymiarowej przestrzeni cech X . Z każdym wektorem stowarzyszona jest wartość

$$y_i \in \{-1, +1\} \quad (32)$$

Metoda SVM w najprostszym (liniowym) wydaniu szuka hiperpłaszczyzny rozdzielającej dwie klasy w przestrzeni X tak, aby hiperpłaszczyzna była najbardziej oddalona od obserwacji zbioru uczącego (maksymalny odstęp).

W przypadku, gdy zbiory nie są liniowo separowalne, obie klasy są wcześniej mapowane do innej przestrzeni cech (o wyższej wymiarowości). Więcej o tym w kolejnym podrozdziale.

Decyzja dotycząca klasyfikacji polega na obliczeniu wartości funkcji dyskryminacyjnej $f(x)$.

$$f(x) = \omega^* \Phi(x) + b^* \quad (33)$$

Optymalna hiperpłaszczyzna jest zdefiniowana przez wektor wag

$$\omega^* \in R^{d'} \quad (34)$$

i bias

$$b^* \in R \quad (35)$$

Optymalizacja klasyfikatora polega na minimalizacji błędu (tj. sumy kar za źle sklasyfikowane obserwacje) oraz maksymalizacji szerokości odległości między hiperpłaszczyzną rozdzielającą a obserwacjami. Przez odpowiedni dobór parametrów można większą wagę postawić na jedną z tych zależności.

6.4.2 Radial Basis Function

Radial Basis Function (lub radialna funkcja bazowa) jest funkcją zależącą jedynie od odległości od pewnego przyjętego środka. Każda funkcja spełniająca warunek

$$\phi(x) = \phi(\|x\|) \quad (36)$$

jest funkcją radialną.

Wprowadzenie radialnej funkcji bazowej związane jest z tym, że w wielu przypadkach niemożliwy jest skuteczny podział w wyjściowej przestrzeni cech. Funkcje bazowe usuwają tę przeszkodę przenosząc problem klasyfikacji do przestrzeni o wyższej wymiarowości, co schematycznie pokazuje poniższy rysunek.

W algorytmie wykonanym w ramach projektu wykorzystano Gaussowską radialną funkcję bazową opisaną wzorem:

$$k(\vec{x}_i, \vec{x}_j) = \exp\left(-\frac{\|\vec{x}_i - \vec{x}_j\|^2}{2\sigma^2}\right) \quad (37)$$

6.4.3 Matematyczne podstawy implementacji

Zastosowana metoda optymalizacji modelu SVM to Sequential minimal optimization w skrócie SMO. Jest to metoda rozwiązywania zadania optymalizacyjnego polegającego na znalezieniu ekstremum funkcji kwadratowej. Przy implementacji oparto się na opisie z artykułu [4].

SMO jest efektywną metodą rozwiązania problemu optymalizacji, który może być opisany następującym równaniem

$$\max_{\alpha} W(\alpha) = \sum_{i=1}^m \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^m y^i y^j \alpha_i \alpha_j \langle x^{(i)}, x^{(j)} \rangle \quad (38)$$

Gdzie:

$$0 \leq \alpha_i \leq C, \text{ dla } i = 1, 2, 3, \dots, m \quad (39)$$

$$\sum_{i=1}^m y^{(i)} \alpha_i = 0 \quad (40)$$

Warunek znalezienia optymalnego rozwiązania (zwany warunkiem Karusha-Kuhna-Tuckera) dla tego problemu jest zdefiniowany następująco

$$\alpha_i = 0 \implies y^{(i)}(\omega^T x^{(i)} + b) \geq 1 \quad (41)$$

$$\alpha_i = C \implies y^{(i)}(\omega^T x^{(i)} + b) \leq 1 \quad (42)$$

$$0 < \alpha_i < C \implies y^{(i)}(\omega^T x^{(i)} + b) = 1 \quad (43)$$

Algorytm SMO iteruje aż do momentu, gdy te warunki zostaną spełnione przez to zapewniając jego zbieżność do optymalnego rozwiązania.

Składa się on z 3 kroków [4]:

- Wybór parametrów α W zaimplementowanym algorytmie zastosowano najprostszy wybór parametrów, tj. w pętli iteruje się przez wszystkie α_i , a następnie losuje się α_j takie, że $i \neq j$. Istnieje niewielkie prawdopodobieństwo, że któraś z par parametrów, które wprowadziłyby istotną zmianę do ostatecznego wyniku zostanie pominięta. Założono jednak, że algorytm musi wykonać przynajmniej 10 (domyślna wartość) "pustych przebiegów", aby zminimalizować takie prawdopodobieństwo. "Pusty przebieg" polega na tym, że w danej iteracji pętli zewnętrznej nie zostają wprowadzone żadne zmiany do modelu.
- Optymalizacja α_i i α_j Obliczane są ograniczenia, które musi spełniać α_j , a następnie rozwiązywany jest ograniczony problem optymalizacyjny. Następnie obliczana jest α_j optymalna dla danego kroku, która jest następnie ogranicza jeśli posiada wartość spoza założonego zakresu. Na podstawie α_j obliczana jest nowa wartość α_i . Odpowiednie wzory dostępne są [4].
- Obliczenie biasu b Po obliczeniu α_i i α_j , wybierana jest taka wartość b , żeby warunek znalezienia optymalnego rozwiązania był spełniony. Sprawdzane jest, czy obliczone uprzednio α_i i α_j znajdują się na granicach przedziału $< 0, C >$. Jeśli nie, to dane rozwiązanie jest prawidłowe. Jeśli oba nie są na granicach przedziału wartość b jest średnią arytmetyczną b_1 i b_2 obliczoną odpowiednio dla α_i i α_j . Szczegóły: [4].

6.4.4 Implementacja w C++

W przygotowaniu programu w C++ wykorzystano bibliotekę Eigen, która okazała się szczególnie przydatna z racji wbudowanych funkcji obsługujących macierze i wektory. Najważniejsze elementy programu to:

- Klasa SVM - jest to klasa obsługująca proces uczenia modelu (metoda train), a następnie jego testowania (metoda predict), posiada szereg funkcji prywatnych funkcji pomocniczych
- Funkcja parseData - jest to funkcja odpowiadająca za wczytanie odpowiednio zdefiniowanego pliku CSV i stworzenie na jego podstawie struktury zawierającej 2 macierze (treningową, testową) i 2 wektory (poprawne przyporządkowanie dla zbioru treningowego i testowego)
- Funkcje writeDecisionToCSV i appendToOutputFile - odpowiadające za zapis do plików działania modelu
- Struktura SVMOptions - zawierający parametry działania metody maszyny wektorów nośnych oraz domyślny konstruktor przyjmujący wartości domyślne
- Struktura ParsedData - zawierający całość danych potrzebnych do uczenia i testowania modelu

Funkcja główna main zawiera kod wywołujący poszczególne elementy programu:

```
int main(int argc, char** argv){

// wczytaj dane z plikow, ktorzych nazwe podano w konsoli
// - zalożono, ze pliki z danymi znajduja sie w tym samym
// folderze co program

ParsedData data = parseData(argv);

// utwórz model, podano domyslne parametry tj. C(1.0),
// tol(0.0001), sigma(0.5), iterLimit(10000),
// passLimit(10)

SVM model(data.trainSet, data.trainSetOut, SVMOptions());

// trenuj model na danych podanych w konstruktorze
model.train();

// dokonaj klasyfikacji danych podanych w pliku
// testowym; zapisz wektor z klasyfikacja do pliku CSV o
// nazwie out.csv

VectorXd decision = model.massPredict(data.testSet);
writeDecisionToCSV(decision);

// ocen dzialanie klasyfikatora (ilosc poprawnie
// sklasyfikowanych ewolucji serca N/V) oraz czas
// uczenia i testow
```

```

evaluateModel(data.testSetOut , decision );
appendToOutputFile(model.trainTime , model.testTime );

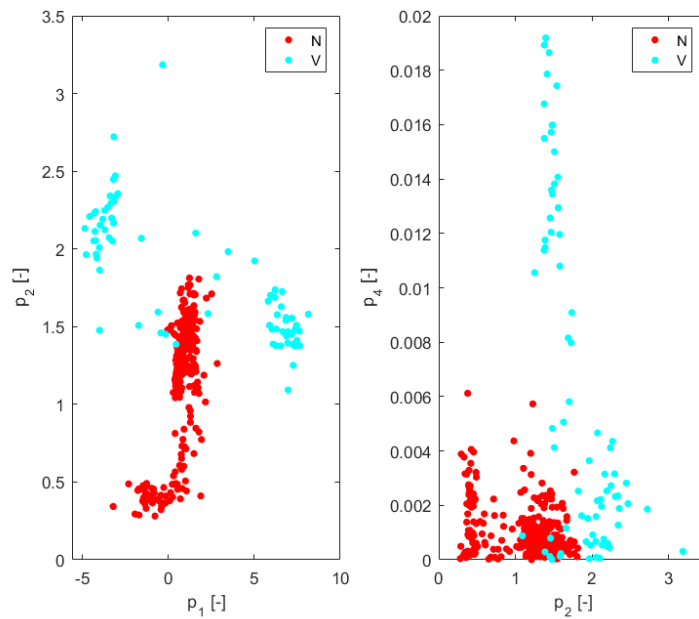
return 0;
}

```

6.5 Wyniki

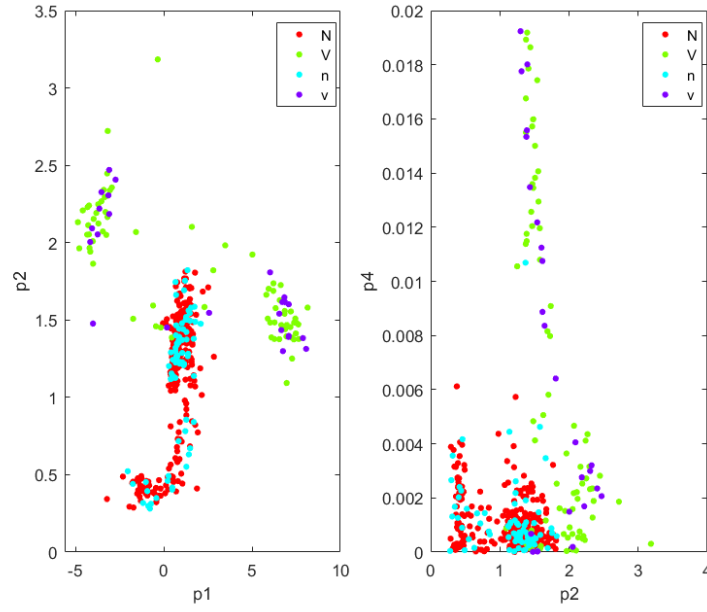
Spośród ponad 9 tysięcy obserwacji do trenowania wybrano losowo 400 (322 zespoły QRS typu N, 76 zespoły typu V, jest to naturalna proporcja w jakiej występowały te zespoły w przebiegach 5 sygnałów, które wybrano losowo z bazy danych), a do testowania 100.

Zbiór uczący pokazano poniżej, w płaszczyźnie p_1 - p_2 (po lewej) i p_2 - p_4 (po prawej).



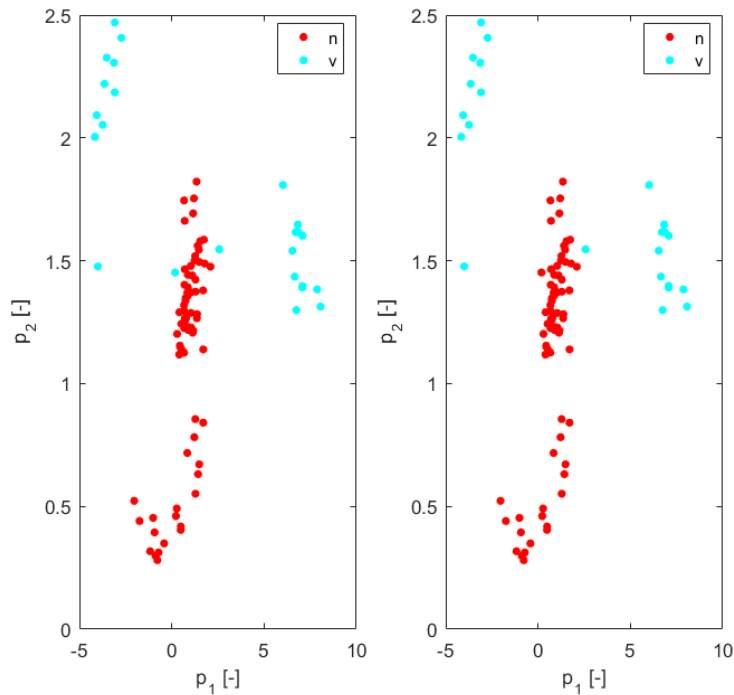
Rysunek 20: Zbiór uczący na płaszczyźnie p_1 - p_2 (po lewej) i p_2 - p_4 (po prawej)

Poniżej zwizualizowano zbiór testowy (n/v) i treningowy (N/V) na jednym wykresie w tych samych płaszczyznach.



Rysunek 21: Zbiór uczący i testowy na płaszczyźnie p_1 - p_2 (po lewej) i p_2 - p_4 (po prawej)

Zaimplementowana metoda klasyfikacji poprawnie przyporządkowała 99 spośród 100 obserwacji. Na wykresie porównawczym (po lewej poprawne przyporządkowanie, po prawej wynik działania algorytmu) oznaczono źle sklasyfikowaną obserwację.



Rysunek 22: Poprawnie sklasyfikowany zbiór uczący na płaszczyźnie p_1 - p_2 (po lewej) i wynik działania algorytmu w tej samej płaszczyźnie (po prawej)

Porównanie działania algorytmu SVM RBF z algorytmami innych grup znajduje się w osobnym raporcie.

6.6 Wnioski

Klasyfikator zespołów QRS stworzony w ramach projektu działa satysfakcjonująco dla wybranych cech fragmentów sygnału i zaimplementowanego algorytmu SVM.

W ramach projektu wykorzystano sprawdzone, ale proste matematycznie parametry sygnału i potwierdziły one swoją zdolność do rozróżniania zespołów QRS o różnym pochodzeniu pobudzenia. W ramach projektu porównywano zespoły sklasyfikowane jako normalne (N) oraz komorowe (V). Należy przyjąć, że gdyby dokonano bardziej szczegółowego podziału działanie klasyfikatora uległoby pogorszeniu. Już w początkowej fazie projektu stwierdzono, że bardzo ciężko byłoby odróżnić zespoły normalne (N) od nadkomorowych (SV) wg klasyfikacji. [2]

Spśród wszystkich metod SVM realizowanych w projekcie metoda SVM RBF zapewnia najlepszą skuteczność rozdziału cech, która w przestrzeni, w której są zdefiniowane nie są liniowo separowalne, co stanowi niewątpliwą zaletę tego algorytmu. [1]

Czas trenowania klasyfikatora tj. ok. 20 sekund (na komputerze jednego z autorów) dla 400 obserwacji po 5 cech każda można uznać za zadowalający, ale z pewnością istnieje wiele metod dalszej optymalizacji kodu.

Literatura

- [1] Bazi Yakoub, Melgani Farid *Classification of Electrocardiogram Signals With Support Vector Machines and Particle Swarm Optimization* IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine 12, 2008
- [2] da Luza E. J. S, et al. *ECG-based Heartbeat Classification for Arrhythmia Detection: A Survey* Computer methods and programs in biomedicine, 2016
- [3] Augustyniak Piotr *Przetwarzanie sygnałów elektrodiagnostycznych* Wydawnictwa AGH, Kraków, Poland, 2001
- [4] Husanbir Singh Pannu *Simplified SMO Algorithm*
<http://math.unt.edu/hsp0009/smo.pdf>
- [5] Augustyniak Piotr *Optymalizacja wyboru reprezentacji zespołów skurczowych dla celów klasyfikacji zapisów holterowskich*
<http://galaxy.uci.agh.edu.pl/august/pub/pdf/p15.pdf>

7 Porównanie algorytmów

Porównania dokonano korzystając z dwóch zbiorów danych, w których każdy składał się z innego zestawu cech opisujących uderzenia serca. W obu grupach uderzenia zostały podzielone na dwie klasy: uderzenia V , określające uderzenia wygenerowane w obrębie komory, zaliczane do paralogicznych oraz uderzenia N reprezentujące normalną, poprawną pracę serca.

Korzystając z wyznaczonych zbiorów danych klasyfikatory porównano pod kątem skuteczności, czasu uczenia, czasu klasyfikacji w celu wskazania, który z klasyfikatorów najbardziej sprawdza się w rozpoznaniu uderzeń serca.

7.1 Opis zbiorów danych

7.1.1 Zbiór danych 1

Pierwsza grupa danych opisana jest pięcioma cechami, bazującymi na interwałach RR, są nimi:

- Pre interval RR - odległość między aktualnym uderzeniem serca (analizowanym), a poprzednim uderzeniem serca,
- Post interval RR - odległość między analizowanym uderzeniem serca a kolejnym uderzeniem,
- Average RR - średnia długość interwału RR dla całego analizowanego sygnału,
- Ratio1 - stosunek pre RR interwału do post RR interwału,
- Ratio2 - stosunek pre interwału do Average RR.

Cechy zostały wyznaczone dla sygnałów 228.dat i 100.dat pochodzących z bazy danych MIT-BIH. Z wyznaczonych danych utworzono dwie grupy: treningową oraz testową, które odpowiednio składały się z 400 i 100 próbek.

Tabela 3: Porównanie czułości i specyficzności - dane Piotra

	kNN	ENN	Linear SVM	SVM + RBF	Naive Bayes
Czułość	97%	100%	100%	100%	97.3684%
Specyficzność	100%	92%	4%	96%	92%

Tabela 4: Porównanie czułości i specyficzności - dane Iwony

	kNN	ENN	Linear SVM	SVM + RBF	Naive Bayes
Czułość	99%	99%	99.7129%	92.5678%	99.9681%
Specyficzność	100%	100%	100%	100%	98.0132%

Tabela 5: Skuteczność klasyfikacji - dane Piotra

kNN	ENN	Linear SVM	SVM + RBF	Naive Bayes	LDA
98%	98%	76%	99%	96%	

Testy wykonano na komputerze wyposażonym w procesor Intel Core i5-4200H o taktowaniu 2.80 GHz oraz 8 Gb RAM w systemie operacyjnym Windows 10 64-bit.

Tabela 6: Czasy uczenia i klasyfikacji - dane Piotra

	kNN	ENN	Linear SVM	SVM + RBF	Naive Bayes	LDA
Czas uczenia	-	-	8517 <i>ms</i>	13481 <i>ms</i>	21.9034 <i>ms</i>	15 <i>ms</i>
Czas klasyfikacji	109 <i>ms</i>	1094 <i>ms</i>	1 <i>ms</i>	79 <i>ms</i>	29.2936 <i>ms</i>	< 1 <i>ms</i>

Tabela 7: Skuteczność klasyfikacji - dane Iwony

kNN	ENN	Linear SVM	SVM + RBF	Naive Bayes	LDA
99%	99%	99.7261%	92.8789%	99.8783%	-

Tabela 8: Czasy uczenia i klasyfikacji - dane Iwony

	kNN	ENN	Linear SVM	SVM + RBF	Naive Bayes	LDA
Czas uczenia	-	-	25003 <i>ms</i>	7865 <i>ms</i>	22.0936 <i>ms</i>	-
Czas klasyfikacji	3563 <i>ms</i>	36328 <i>ms</i>	26 <i>ms</i>	1961.08 <i>ms</i>	1925.88 <i>ms</i>	-