



POLITECHNIKA  
GDAŃSKA

AI TECH



# OBLICZENIOWE PODSTAWY SZTUCZNEJ INTELIGENCJI

Marta Arendt 179990

Maciej Mechliński 179965

Stanisław Rachwał 180504



Fundusze  
Europejskie  
Polska Cyfrowa



Rzeczpospolita  
Polska

Unia Europejska  
Europejski Fundusz  
Rozwoju Regionalnego



Projekt współfinansowany ze środków Unii Europejskiej w ramach Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego  
Program Operacyjny Polska Cyfrowa na lata 2014-2020.

Oś priorytetowa nr 3 „Cyfrowe kompetencje społeczeństwa”, działanie nr 3.2 „Innowacyjne rozwiązania na rzecz aktywizacji cyfrowej”.

Tytuł projektu: „Akademia Innowacyjnych Zastosowań Technologii Cyfrowych (AI Tech)”.

---

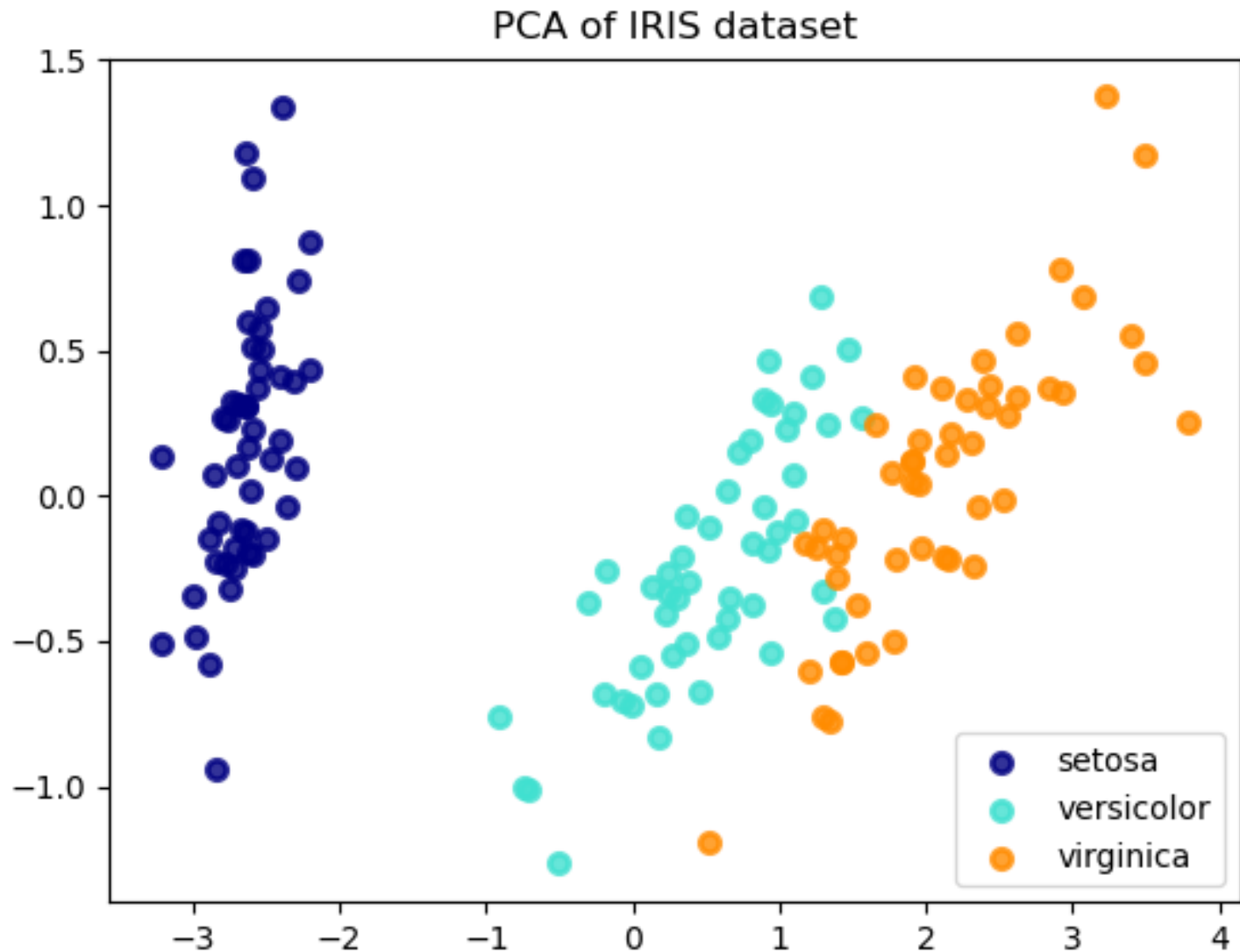
# Wyznaczenie składowej oddechowej sygnału EKG wykorzystując rozkład PCA, SVD, ...

# Wybrane algorytmy

---

- PCA – wspomaganie ekstrakcji cech, przekształcenie na cechy ortogonalne
- SVM – klasyfikacja bezdechu sennego (sleep apnea)

# PCA – Analiza Głównych Składowych [1]

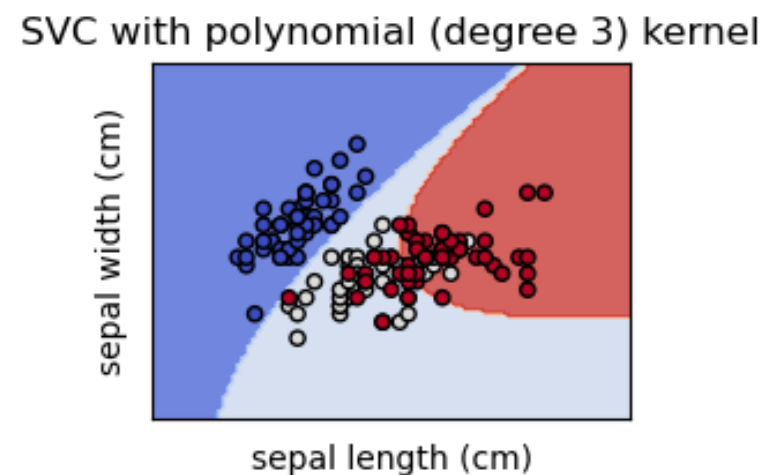
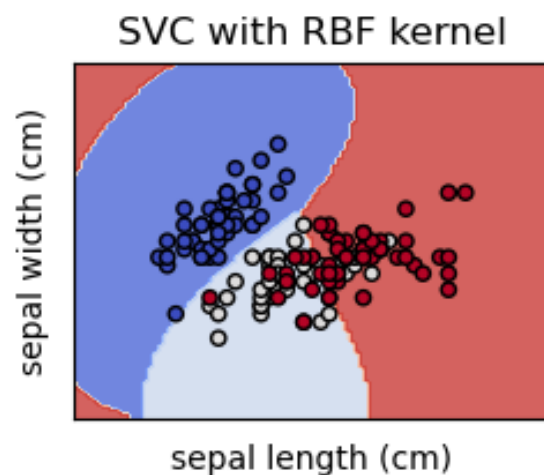
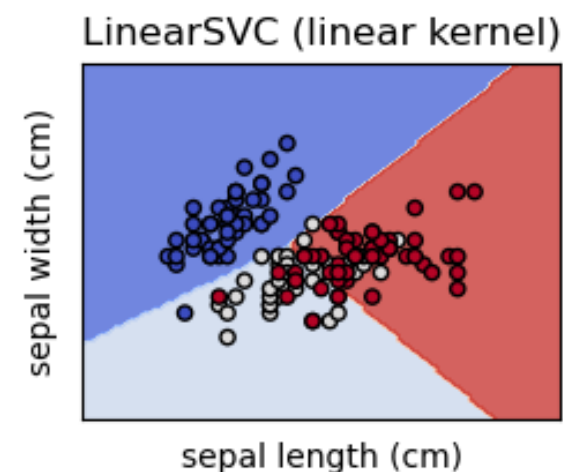
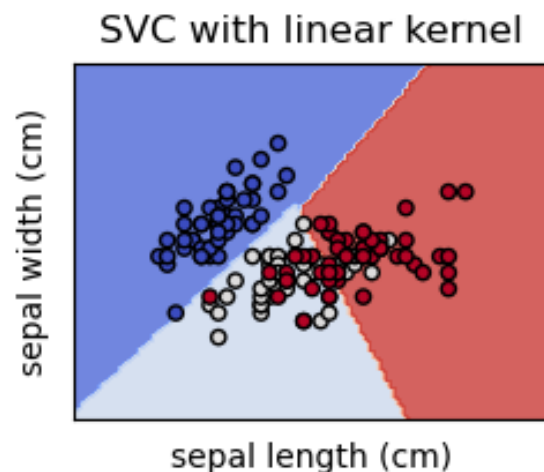


# Przykładowa implementacja

```
>>> import numpy as np
>>> from sklearn.decomposition import PCA
>>> X = np.array([[-1, -1], [-2, -1], [-3, -2], [1, 1], [2, 1], [3, 2]])
>>> pca = PCA(n_components=2)
>>> pca.fit(X)
PCA(n_components=2)
>>> print(pca.explained_variance_ratio_)
[0.9924... 0.0075...]
>>> print(pca.singular_values_)
[6.30061... 0.54980...]
```

# SVM – Maszyna Wektorów Nośnych [1]

Abstrakcyjny koncept  
maszyny, która działa jak  
klasyfikator, a której nauka  
ma na celu wyznaczenie  
hiperpłaszczyzny  
rozdzielającej z  
maksymalnym marginesem  
przykłady należące do  
dwóch klas.



# Prosta implementacja

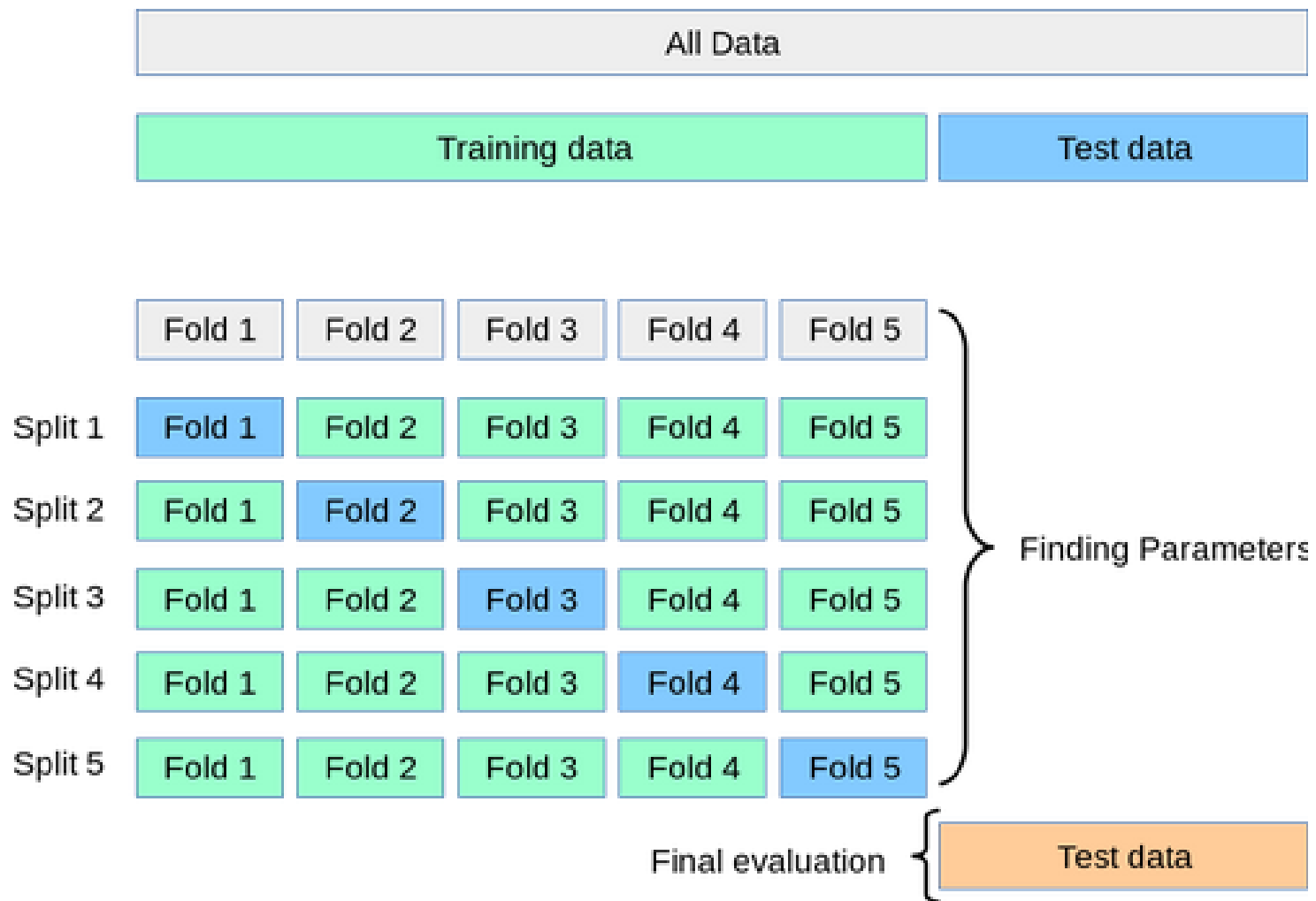
```
>>> import numpy as np
>>> from sklearn.pipeline import make_pipeline
>>> from sklearn.preprocessing import StandardScaler
>>> X = np.array([[-1, -1], [-2, -1], [1, 1], [2, 1]])
>>> y = np.array([1, 1, 2, 2])
>>> from sklearn.svm import SVC
>>> clf = make_pipeline(StandardScaler(), SVC(gamma='auto'))
>>> clf.fit(X, y)
Pipeline(steps=[('standardscaler', StandardScaler()),
                 ('svc', SVC(gamma='auto'))])
```

# Planowane testy [2]

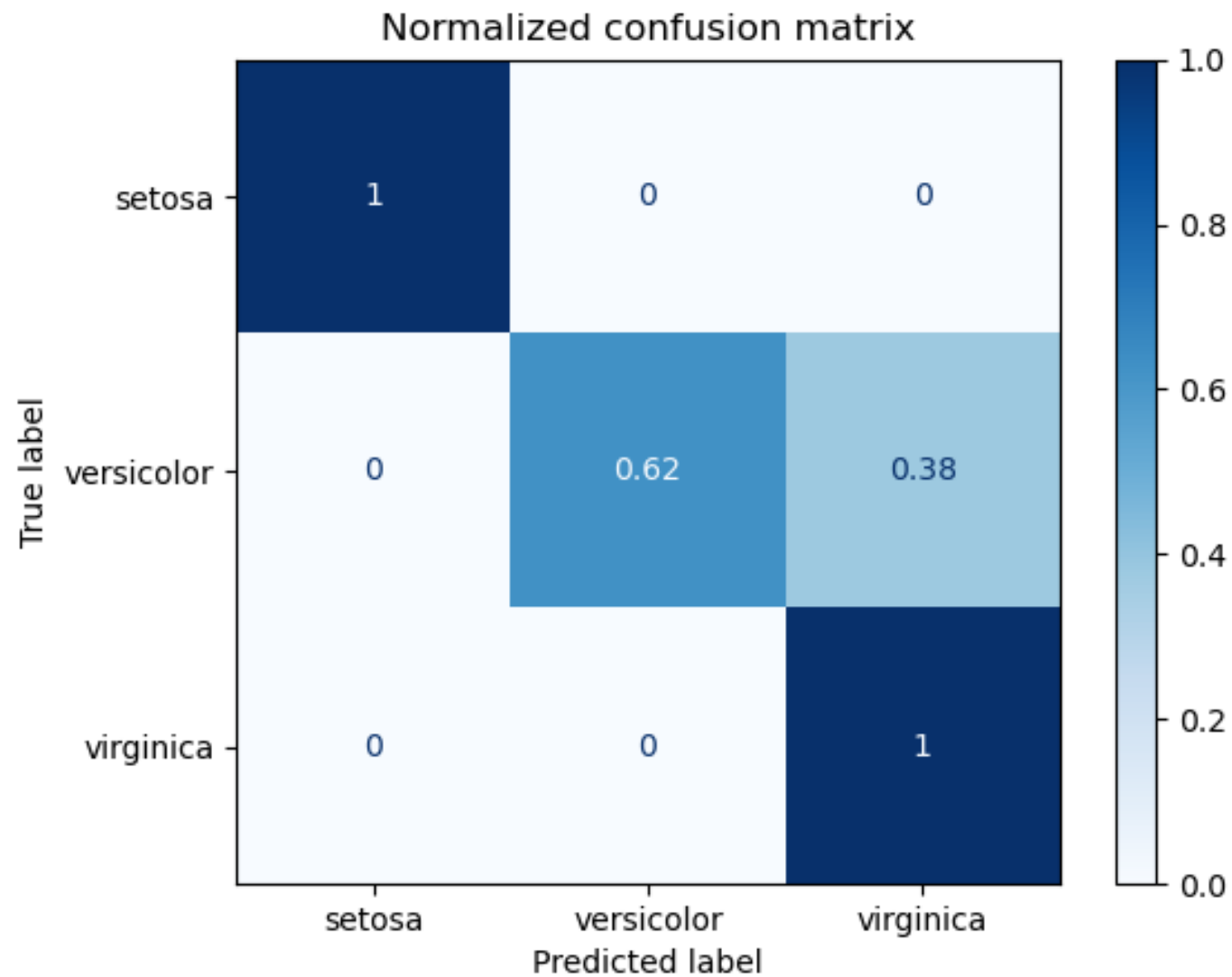
- Sprawdzian krzyżowy (k-fold cross validation) dla PCA.
- Porównanie metryk wynikowych dla różnych kerneli SVM (accuracy, f1-score, macierz pomyłek).
- Porównanie metryk dla zbioru testowego z metrykami otrzymanymi na zupełnie nowym zbiorze danych.



# Sprawdzian krzyżowy [1]



# Metryki wynikowe [1]



# Metryki wynikowe [1]

- Accuracy

$$A = (TP + TN) / (TP + TN + FP + FN)$$

- Precision

$$P = TP / (TP + FP)$$

- Recall

$$R = TP / (TP + FN)$$

- F1 Score

$$F1 = 2 * (P * R) / (P + R)$$

# Bibliografia

- [1] Dokumentacja scikit-learn
- [2] S. M. Isa, M. I. Fanany, W. Jatmiko and A. M. Arymurthy, "Sleep Apnea Detection from ECG Signal: Analysis on Optimal Features, Principal Components, and Nonlinearity," 2011 5th International Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering, Wuhan, China, 2011, pp. 1-4, doi: 10.1109/icbbe.2011.5780285.

# Dziękuję

Marta Arendt

Maciej Mechliński

Stanisław Rachwał



Fundusze  
Europejskie  
Polska Cyfrowa



Rzeczpospolita  
Polska

Unia Europejska  
Europejski Fundusz  
Rozwoju Regionalnego



Projekt współfinansowany ze środków Unii Europejskiej w ramach Europejskiego Funduszu Rozwoju Regionalnego  
Program Operacyjny Polska Cyfrowa na lata 2014-2020.

Oś priorytetowa nr 3 „Cyfrowe kompetencje społeczeństwa”, działanie nr 3.2 „Innowacyjne rozwiązania na rzecz aktywizacji cyfrowej”.

Tytuł projektu: „Akademia Innowacyjnych Zastosowań Technologii Cyfrowych (AI Tech)”.