

Warszawa, 4 grudnia 2023

dr hab. inż. Krzysztof Siwek, profesor uczelni  
Instytut Elektrotechniki Teoretycznej  
i Systemów Informacyjno-Pomiarowych  
Wydział Elektryczny  
Politechnika Warszawska

Recenzja rozprawy doktorskiej Pani  
**mgr inż. Anny Czmił**  
sporządzonego w oparciu o cykl publikacji  
**pt. „Usprawnienie procesu diagnostyki medycznej przy użyciu metod sztucznej inteligencji”**

Recenzja powstała na zlecenie Prorektora ds. Nauki Politechniki Rzeszowskiej z dnia 6 listopada 2023.

Rozprawę, zgodnie z **art. 187 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce** stanowi zbiór 5 anglojęzycznych recenzowanych artykułów naukowych przedstawiających rozwiązanie powiązanych tematycznie problemów naukowych, skupiających się wokół wspomaganie i usprawnienia procesu diagnostyki medycznej.

Rozprawa składa się z 5 artykułów naukowych w bardzo dobrych, punktowanych czasopismach z wysokimi współczynnikami IF oraz ponad 40 stronicowego omówienia w języku polskim nazywanego dalej przeze mnie Autoreferatem. Autoreferat, jak również artykuły, napisane jest poprawnym językiem, odpowiednio polskim i angielskim, bez większych błędów językowych. Zamieszczone są w niej również streszczenia w języku polskim i angielskim.

Zarówno tytuł jak i układ rozprawy są prawidłowe i w dobrze opisują jej zawartość.

W rozprawie Doktorantka przedstawiła rozwiązania 5 problemów naukowych, nazywanych przez Doktorantkę „Zadaniami”, które przedstawione są w artykułach z cyklu publikacji:

1. Publikacja 1

**Czmił, A.** Czmił, S., & Mazur, D. (2019). *A Method to Detect Type 1 Diabetes Based on Physical Activity Measurements Using a Mobile Device*. *Applied Sciences*, 9(12), 2555. doi:10.3390/app9122555. IF<sub>2019</sub>=2,474, IF<sub>2022</sub>=2,838, liczba punktów: 70, obecnie 100, wkład: 33,33%.

Zadanie w omówieniu nosi tytuł:

**Zastosowanie metod sztucznej inteligencji do klasyfikacji cukrzycy typu 1 na podstawie danych uzyskanych za pomocą nieinwazyjnych pomiarów aktywności fizycznej**

WPŁYNEŁO

12. GRU. 2023

Cukrzyca typu 1 jest przewlekłą chorobą charakteryzującą się wysokim poziomem glukozy we krwi, zwanej hiperglikemią. Diagnoza cukrzycy zazwyczaj wymaga wykonania jednego lub więcej testów krwi. Celem tej pracy jest przedstawienie nowatorskiej nieinwazyjnej metody wykrywania cukrzycy typu 1 opartej na pomiarze aktywności fizycznej. Wykorzystano różnorodne metody inteligencji obliczeniowej, w tym algorytmy klasyfikacji nieliniowej, które zastosowano i oceniono porównawczo. Głównymi parametrami w wykrywaniu choroby była liczba kroków tygodniowo i liczba minut intensywnej aktywności tygodniowo. Zależność między tygodniową liczbą kroków a obecnością cukrzycy typu 1 ustalono po dogłębnej analizie danych przy użyciu algorytmów klasyfikacji i klasteryzacji. Wyniki pokazują, że cukrzycę typu 1 można zdiagnozować, mierząc aktywność fizyczną. Jest to istotne ze względu na nieinwazyjność i elastyczność metody wykrywania, którą można użyć w dowolnym miejscu i czasie. Proponowana technika może być zaimplementowana na urządzeniu mobilnym.

Wyniki badań są obiecujące i zachęcają do opracowania mobilnej aplikacji do diagnozowania cukrzycy typu 1 dedykowanej dzieciom i młodzieży. Pomimo że popularność stosowania aplikacji mobilnych w różnych zaburzeniach zdrowotnych osiągnęła około 30%, należy wziąć pod uwagę, że młodzi ludzie są bardziej skłonni do korzystania i skuteczniejsi w korzystaniu z nowych aplikacji na telefony komórkowe, a popularność i potencjalna akceptacja rozwiązań mobilnych zdrowotnych mają tendencję wzrostową.

## 2. Publikacja 2

Drałus, G., Mazur, D., & Czmił, A. (2021). *Automatic Detection and Counting of Blood Cells in Smear Images Using RetinaNet*. *Entropy*, 23(11), 1522. doi:10.3390/e23111522. IF\_2021=2,738, liczba punktów: 100, wkład: 33,33%.

Zadanie w omówieniu nosi tytuł:

**Opracowanie metody pozwalającej na automatyczne, jednoczesne rozpoznawanie i zliczanie czerwonych i białych krwinek oraz płytek krwi na podstawie zdjęć mikroskopowych z wykorzystaniem głębokich sieci neuronowych**

Artykuł prezentuje automatyczną metodę liczenia komórek krwi (czerwonych krwinek, białych krwinek i płytek krwi) na obrazach medycznych przy użyciu uczenia maszynowego opartego na konwolucyjnych sieciach neuronowych RetinaNet. Metoda ta odpowiada na wyzwania stawiane przed laboratoriami medycznymi, które otrzymują dużą ilość próbek krwi i tkanek wymagających szybkiej i dokładnej analizy. Ręczne liczenie jest pracochłonne, czasochłonne i podatne na błędy ludzkie, co może mieć poważne konsekwencje w leczeniu pacjentów. Automatyczne metody, mimo że są skomplikowane ze względu na wysoką rozdzielczość obrazów i gęsto upakowane komórki, oferują obiecujące rozwiązanie.

W artykule opisano dwa główne podejścia do automatycznego liczenia komórek krwi: tradycyjne metody (obejmujące przetwarzanie wstępne, segmentację, ekstrakcję cech i klasyfikację) oraz metody oparte na głębokich sieciach neuronowych. Autorzy przedstawiają rozwój i testowanie aplikacji wykorzystującej RetinaNet do jednoczesnego wykrywania i liczenia wszystkich trzech typów

komórek krwi. Badanie obejmowało przygotowanie zestawu danych do treningu, zaprojektowanie i szkolenie sieci RetinaNet oraz ocenę wydajności modelu.

Wyniki badań wskazują, że dokładność modelu w liczeniu różnych rodzajów komórek znacząco zależy od ustawionego progu ufności dla każdego typu komórki. Optymalne progi zostały ustalone podczas testów, prowadząc do wysokiej dokładności i precyzji w liczeniu. Opracowana aplikacja dostarcza zarówno wyników numerycznych, jak i graficznych, w tym etykiet i prawdopodobieństw dla każdej rozpoznanej komórki, ułatwiając łatwą weryfikację wyników.

Artykuł podkreśla korzyści płynące z proponowanej metody, takie jak zmniejszenie obciążenia pracy w laboratoriach, minimalizacja błędów ludzkich i zwiększenie dokładności liczenia komórek. Zwraca także uwagę na potencjał tej metody do zastąpienia ręcznych procesów identyfikacji i liczenia komórek krwi w diagnostyce medycznej.

Podsumowując, badanie z powodzeniem demonstruje zastosowanie metod uczenia głębokiego w automatyzacji procesu liczenia komórek krwi, oferując znaczące ulepszenia w efektywności i dokładności w porównaniu z tradycyjnymi ręcznymi metodami.

### 3. Publikacja 3

**Czmił, A.,** Wroński, M., Czmił, S., Sochacka-Piętal, M., Ćmił, M., Gawor, J., Wołkowicz, T., Plewczyński, D., Strzałka, D., & Piętal, M. (2022). NanoForms: an integrated server for processing, analysis and assembly of raw sequencing data of microbial genomes, from Oxford Nanopore technology. PeerJ, 10, e13056. doi:10.7717/peerj.13056. IF\_2022=3,061, liczba punktów: 100, wkład: 10%.

Zadanie w omówieniu nosi tytuł:

**Opracowanie aplikacji umożliwiającej automatyzację procesu oceny, składania i identyfikacji sekwencji genomowych uzyskanych za pomocą nowych metod sekwencjonowania przy użyciu narzędzi korzystających z metod uczenia maszynowego**

Artykuł opisuje serwer NanoForms, który jest nowoczesnym narzędziem do przetwarzania i analizy surowych danych genetycznych pochodzących z technologii sekwencjonowania Oxford Nanopore. Technologia ta jest przyjazna dla użytkownika, niedroga i pozwala na szybkie przetwarzanie próbek, również w terenie. Głównym wyzwaniem po zakończeniu eksperymentu jest ogromna ilość surowych danych, którą należy odpowiednio sklasyfikować i przetworzyć. Na rynku dostępnych jest wiele narzędzi do klasyfikacji taksonomicznej tych danych, a liczne studia porównawcze oceniają i polecają najlepsze z nich.

Serwer NanoForms został stworzony przy użyciu języka Python, systemu operacyjnego Linux/UNIX/BSD, serwera aplikacji Django, języka Workflow Description Language oraz narzędzi takich jak Cromwell, Crontab, Docker i BioContainers. Serwer jest dostępny bezpłatnie dla użytkowników akademickich, a jego kod źródłowy jest udostępniony na licencji GPLv3 do użytku niekomercyjnego. Serwer jest w pełni wirtualizowany, z dostępem do około 30 rdzeni procesora i 120 GB pamięci RAM, i może obsługiwać około 5-10 równoległych zadań.

NanoForms oferuje interaktywny interfejs, umożliwiając użytkownikowi przesyłanie danych i wybór opcji na bieżąco. Ostateczny wynik to zsekwencjonowany genom w formacie FASTA oraz

pliki anotacji i diagramy, co ułatwia ocenę kompletności montażu. Serwer został przetestowany na przykładzie genomu *Bacillus subtilis* i wykazał, że dzięki kombinacji z technologią Oxford Nanopore, sekwencjonowanie nowej generacji (NGS) stało się dostępne dla wszystkich, niezależnie od poziomu umiejętności bioinformatycznych.

Autorzy dokonali szczegółowej analizy i porównania podobnych dostępnych usług. Wśród testowanych były serwery takie jak CGE, Enterobase, Galaxy Tools, EPI2ME, NanoPipe, Patric i NanoGalaxy. Każdy z nich ma swoje unikalne cechy i funkcjonalności, jednak NanoForms wyróżnia się łatwością obsługi i interaktywnością, co jest szczególnie korzystne dla użytkowników bez doświadczenia bioinformatycznego.

Publikacja ma charakter bardziej techniczny i porusza zagadnienia informatyczne, niemniej jednak zawiera duży wkład naukowy, prezentując sekwencjonowanie genów na przykładzie *Bacillus subtilis*.

#### 4. Publikacja 4

**Czmił, A., Kluska, J., & Czmił, S. (2023). *GPR: A Python implementation of an extremely simple classifier based on fuzzy logic and gene expression programming*. SoftwareX, 22, 101362. doi:10.1016/j.softx.2023.101362. IF\_2022=2,868, liczba punktów: 200, wkład: 33,33%.**

Zadanie w omówieniu nosi tytuł:

#### **Implementacja w języku Python klasyfikatora opartego na logice rozmytej i programowaniu ekspresji genów, służącego do generowania wysoce interpretowalnych reguł rozmytych**

Artykuł przedstawia algorytm klasyfikacji GPR oparty na prostych i interpretowalnych zasadach rozmytych "if-then", generowanych automatycznie na podstawie danych przy użyciu metod Gene Expression Programming (GEP). Algorytm ten rozwiązuje fundamentalny problem projektowania klasyfikatorów, polegający na osiągnięciu kompromisu między interpretowalnością jego reguł a dokładnością. GPR, będący rozszerzeniem systemu opartego na zasadach PI-TS, został przetestowany na 16 zestawach danych i porównany z 22 innymi algorytmami klasyfikacji. Wyniki pokazują, że GPR jest jednym z najlepszych klasyfikatorów pod względem obszaru pod krzywą ROC i dokładności klasyfikacji.

GPR jest zaimplementowany w języku Python i korzysta z frameworków obliczeniowych ewolucyjnych Deap i Geppy oraz pakietu numerycznego NumPy. Algorytm zawiera kluczowe metody takie jak `fit()` i `predict()`, zgodne z interfejsem biblioteki Scikit-learn, i jest dostępny na GitHubie na licencji MIT. Dodatkowo, opracowany został sposób automatycznego wybierania językowych metaregul "if-then", a algorytm został dostosowany do generowania wsparcia dla każdej reguły.

Autorzy podkreślają, że GPR, dzięki swojej prostocie i interpretowalności, jest zgodny z obecnie intensywnie rozwijającym się obszarem sztucznej inteligencji - eksplikowalną sztuczną inteligencją. GPR, będąc łatwym w użyciu narzędziem, wymaga minimalnej interwencji użytkownika, takiej jak normalizacja danych do przedziału [0,1] i/lub kodowanie etykiet dla danych kategorycznych. Algorytm może znaleźć zastosowanie w wielu dziedzinach, w tym w analizie danych medycznych.

## 5. Publikacja 5

**Czmił, A.** (2023). Comparative Study of Fuzzy Rule-Based Classifiers for Medical Applications. *Sensors*, 23(2), 992. doi:10.3390/s23020992. IF\_2022: 3,847, liczba punktów: 100, wkład: 100%.

Zadanie w omówieniu nosi tytuł:

### **Opracowanie narzędzia pozwalającego na eksperymentalne porównanie wybranych rozmytych algorytmów opartych na regułach do klasyfikacji danych medycznych**

Artykuł ten koncentruje się na wykorzystaniu algorytmów opartych na logice rozmytej do wspierania decyzji medycznych. Potrzeba zaprojektowania takich narzędzi wynika z konieczności przetwarzania niepewnych i niejasnych danych medycznych, co jest kluczowe w diagnostyce i prognozowaniu chorób. Autorka omawia wyzwania w diagnozowaniu chorób, gdzie objawy mogą być niejednoznaczne lub wskazywać na różne schorzenia, co utrudnia diagnozę. Komputerowe systemy wspomagania decyzji medycznych (MDSS) wykorzystujące modele oparte na regułach i drzewach decyzyjnych mogą pomóc w zarządzaniu wiedzą kliniczną i oferować doradztwo oparte na danych pacjentów.

Szczególną uwagę poświęcono systemom opartym na regułach rozmytych (FRBS), które są bardziej zrozumiałe dla ekspertów medycznych dzięki prostocie reguł "if-then". Choć dokładność jest istotna w walidacji modeli uczenia maszynowego, trudno jest zmierzyć interpretowalność tych modeli, co stanowi wyzwanie w projektowaniu efektywnych MDSS.

Artykuł zawiera porównanie różnych algorytmów FRBS stosowanych w medycynie, wykorzystując dane z ogólnodostępnego repozytorium KEEL. Oprócz tradycyjnych metryk efektywności, jak dokładność czy czułość, badano także długość i zrozumiałość wygenerowanych reguł. Stwierdzono, że algorytmy osiągające wysoką skuteczność klasyfikacji często generują skomplikowane reguły, trudne do zrozumienia dla ekspertów medycznych.

Wśród porównanych algorytmów, GPR (klasyfikator oparty na logice rozmytej i programowaniu ekspresji genów) wyróżniał się jako narzędzie generujące krótkie i zrozumiałe reguły, jednocześnie utrzymując dobrą wydajność klasyfikacji. Wyniki wskazują na możliwość skutecznego stosowania GPR do generowania reguł z danych medycznych.

Przeprowadzono również test statystyczny Wilcoxon, aby porównać GPR z innymi algorytmami FRBS. Stwierdzono, że GPR jest porównywalny z wieloma z nich pod względem skuteczności, ale wytwarza prostsze i bardziej zrozumiałe reguły. Mimo to, algorytm GPR ma pewne ograniczenia, takie jak konieczność normalizacji danych wejściowych i wybór odpowiedniej funkcji dopasowania.

Artykuł kończy się dyskusją na temat możliwości dalszych badań, w tym testowania wymagań pamięciowych i czasu działania algorytmów, a także rozwoju interfejsu użytkownika dla specjalistów medycznych, umożliwiającego łatwe generowanie reguł dla określonych problemów medycznych.

### **Wartość bibliometryczna cyklu publikacji**

W Autoreferacie wymienione zostały bibliometryczne wskaźniki liczbowe dotyczące cyklu publikacji. Sumaryczny Impact Factor cyklu publikacji opublikowanych w latach 2019-2023 wynosił 14,988, a liczba punktów wg. listy czasopism punktowanych Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego na odpowiednie lata, w których zostały opublikowane, wynosi 570.

Dodatkowo Doktorantka zawarła w Autoreferacji dane dotyczące pozostałych jej 6 publikacji i 3 wystąpień konferencyjnych. Brak jest danych bibliometrycznych dotyczących Doktorantki. Kwerenda na stronie scholar.google.com dała wynik Indeks Hirsha=3 i 47 cytowań publikacji. Są to dosyć umiarkowane wartości, jednakże Scholar Google nie jest narzędziem uznawanym w polskich przepisach prawa i nie zapewnia gwarancji co do autentyczności lub dokładności otrzymanych danych.

### **Ocena doboru tematyki rozprawy**

Recenzowana rozprawa doktorska pani mgr. inż. Anny Czmił jest cyklem 5 jednotematycznych publikacji dotyczących wspomaganie i usprawnienia procesu diagnostyki medycznej, poprzedzonymi około 40 stronicowym Autoreferatem.

W trzech artykułach Doktorantka jest pierwszym autorem, w jednym trzecim, a ostatni artykuł rozprawy jest jej wyłącznego autorstwa. Warto podkreślić, że artykuły są punktowane bardzo wysoko: jeden za 200, trzy po 100 i jeden za 70 punktów, szczegółowe dane bibliograficzne zawarte są w Autoreferacie. Wszystkie artykuły zostały zrecenzowane i opublikowane oraz stanowią, zgodnie z odpowiednią Ustawą, zbiór powiązanych tematycznie artykułów naukowych.

Podjęty przez doktorantkę temat badań naukowych jest ważny i bardzo aktualny. Dotyczy często poruszanej w literaturze naukowej tematyki w dziedzinie wspomaganie diagnostyki w medycynie.

Rozprawa jest w dużej mierze interdyscyplinarna, łączy w sobie informatykę z medycyną, a głównym jej celem jest rozwiązanie konkretnych problemów diagnostycznych. Praca skupia się na różnych aspektach wykorzystania szeroko pojętej sztucznej inteligencji (AI), od automatycznego wykrywania cukrzycy typu 1 po zaawansowane metody analizy sekwencji genomowych. Całość badań naukowych dotyczy bezpośrednio poprawy jakości i skuteczności procesów diagnostycznych za pomocą nowoczesnych technologii AI.

Doktorantka w rozprawie postawiła hipotezę:

*Możliwe jest wykorzystanie różnych metod sztucznej inteligencji do analizy danych medycznych i automatyzacji wybranych procesów diagnostycznych, pozwalające na uzyskanie interpretowalnych wyników z dokładnością i efektywnością nie gorszą niż innych istniejących metod znanych z literatury.*

W celu potwierdzenia postawionej hipotezy Doktorantka sformułowała następujące zadania szczegółowe:

- 1) Zastosowanie metod sztucznej inteligencji do klasyfikacji cukrzycy typu 1 na podstawie danych uzyskanych za pomocą nieinwazyjnych pomiarów aktywności fizycznej.
- 2) Opracowanie metody pozwalającej na automatyczne, jednoczesne rozpoznawanie i zliczanie czerwonych i białych krwinek oraz płytek krwi na podstawie zdjęć mikroskopowych z wykorzystaniem głębokich sieci neuronowych.

- 3) Opracowanie aplikacji umożliwiającej automatyzację procesu oceny, składania i identyfikacji sekwencji genomowych uzyskanych za pomocą nowych metod sekwencjonowania przy użyciu narzędzi korzystających z metod uczenia maszynowego.
- 4) Implementacja w języku Python klasyfikatora opartego na logice rozmytej i programowaniu ekspresji genów, służącego do generowania wysoce interpretowalnych reguł rozmytych.
- 5) Opracowanie narzędzia pozwalającego na eksperymentalne porównanie wybranych rozmytych algorytmów opartych na regułach do klasyfikacji danych medycznych.

Każdy cel szczegółowy odpowiada zadaniu zrealizowanemu i opublikowanemu w kolejnych artykułach naukowych z cyklu publikacji.

Uważam, że Doktorantka zrealizowała wszystkie wymienione cele począwszy od pozyskania danych medycznych, ich przetworzenia i analizy, następnie sformułowania konkretnych zadań badawczych i selekcji oraz zaprojektowania i wytworzenia odpowiednich narzędzi informatycznych do ich rozwiązania, w tym opracowania oprogramowania, przeprowadzenia badań na danych rzeczywistych, interpretacji uzyskanych wyników oraz sformułowania wniosków. Dobrym zwyczajem przy pisaniu prac naukowych jest nakreślenie kierunków dalszych badań, co Doktorantka również uczyniła.

Przedstawione do oceny publikacje naukowe były wcześniej recenzowane i rzeczywiście nie zawierają rażących błędów merytorycznych i językowych. Recenzent rozprawy doktorskiej może jedynie wskazać obszary, w których badania Doktoranta lub sposób prezentacji wyników w artykułach można uzupełnić lub przedstawić w inny sposób.

Całość rozprawy, rozumianej jako zbiór artykułów naukowych, ma charakter wybitnie interdyscyplinarny łączący informatykę i medycynę. Moim zdaniem rozprawa bez wątpienia plasuje się w dyscyplinie **Informatyka Techniczna i Telekomunikacja**.

Zagadnienie omawiane w rozprawie jest dobrze zdefiniowane a sposób ich przedstawienia świadczy o dojrzałości naukowej Doktorantki. Uzyskane wyniki i opracowane narzędzia informatyczne posiadają dużą wartość badawczą, praktyczną i aplikacyjną, i mogą stanowić dla innych badaczy lub praktyków nieocenioną pomoc przy usprawnieniu diagnostyki medycznej. Bardzo wysoko oceniam również wkład Doktorantki w poszczególne publikacje.

### **Pytania i uwagi dyskusyjne**

W tej części recenzji chciałbym postawić pytania oraz szerzej naświetlić pewne uwagi dyskusyjne, nie umniejszające jednak w istotnym stopniu osiągnięć autora rozprawy:

1. Wyjaśnialność i transparentność modeli AI: czy modele AI wykorzystane w tych badaniach są wystarczająco transparentne i wyjaśnialne dla użytkowników końcowych, w tym dla personelu medycznego?
2. Czy zastosowanie głębokich sieci neuronowych zamiast prostych modeli (czyli drzew decyzyjnych, logiki rozmytej itp.) mogło by być konkurencyjne w przedstawionych zadaniach

- badawczych? Doktorantka użyła sieci głębokiej tylko w jednym zadaniu, czy można by zastosować podobne rozwiązania w pozostałych zadaniach?
3. Czy stosowne jest tak łatwe szafowanie terminami „Chory” (SICK) i „Zdrowy” (HEALTHY) przy podawaniu wyniku działania programu komputerowego (publikacja [A-1] „A Method to Detect Type 1 Diabetes Based on Physical Activity Measurements Using a Mobile Device”)? Szczególnie w przypadku stosowania metod uczenia maszynowego, wynik jest obciążony błędem, co wynika z natury tych metod.
  4. Czy Doktorantka spotkała się z problemami generowania reguł przy użyciu głębokich sieci neuronowych lub transformerów? Szczególnie NLP (Natural Language Processing) wydaje się być najbardziej odpowiednią techniką do takich zadań.
  5. Czy sieć RetinaNet, mimo, iż jest znana ze swojej efektywności, jest wystarczająco efektywna w pracy on-line z laikiem, jakim jest przecież lekarz lub diagnosta medyczny.
  6. Czemu Doktorantka ograniczyła się do zliczania tylko 3 typów komórek krwi w publikacji [A-2] „Automatic Detection and Counting of Blood Cells in Smear Images Using RetinaNet”?
  7. Czy w zadaniu wykrywania i zliczania komórek krwi przeprowadzono porównania z sieciami tradycyjnymi tzw. płytkami (shallow)? Jakie cechy należałoby podawać na wejście takiej sieci? Czy wiek komórek może wpływać na zdolności ich rozróżniania?
  8. Ponadto w treści publikacji i na rysunkach występują nieliczne, drobne błędy interpunkcyjne, literówki, powtórzenia oraz ewidentne pomyłki edytorskie, które nie wpływają na pozytywny odbiór rozprawy.

### **Oryginalne rezultaty uzyskane w rozprawie**

Do oryginalnych osiągnięć autorki rozprawy należy zaliczyć:

1. Opracowanie i przetestowanie wybranych metod sztucznej inteligencji do klasyfikacji cukrzycy typu 1 na podstawie danych uzyskanych za pomocą nieinwazyjnych pomiarów aktywności fizycznej.
2. Opracowanie autorskiej metody pozwalającej na automatyczne, jednoczesne rozpoznawanie i zliczanie czerwonych i białych krwinek oraz płytek krwi na podstawie zdjęć mikroskopowych z wykorzystaniem głębokiej sieci neuronowej RetinaNet.
3. Zaprojektowanie oprogramowania do automatyzacji procesu analizy, kompozycji i identyfikacji sekwencji genomowych, uzyskanych z wykorzystaniem zaawansowanych technologii sekwencjonowania, z wykorzystaniem narzędzi opartych na metodologii uczenia maszynowego. Dodatkowo udostępnienie opracowanego, działającego rozwiązania do niekomercyjnego użytku publicznego oraz kodu w postaci otwartego oprogramowania.
4. Zaprojektowanie i zbudowanie klasyfikatora bazującego na logice rozmytej i programowaniu ekspresji genów, który umożliwia generowanie łatwo interpretowalnych reguł rozmytych..
5. Opracowanie narzędzia umożliwiającego eksperymentalne zestawienie i analizę różnych algorytmów rozmytych opartych na regułach, używanych do klasyfikacji danych medycznych.



Przeanalizowanie szeregu danych statystycznych i porównawczych, co pozwoliło na identyfikację najskuteczniejszych algorytmów regulowych do badanych zastosowań w medycynie.

Należy podkreślić, że Doktorantka w rozprawie doktorskiej wykazała, że posiada wiedzę i umiejętności samodzielnej pracy naukowej wymagane na tym stopniu rozwoju naukowca. Wykazała się ponadto w biegłości projektowania złożonych systemów komputerowych w postaci serweroprogramowanie końcowe. Poprzez zaproponowanie i opracowanie nowych metod, w tym metod sztucznej inteligencji oraz ich dogłębne przetestowanie Doktorantka wniosła istotny wkład w rozwój dyscypliny naukowej, co jest podstawą do wystąpienia o stopień doktora nauk inżynieryjno-technicznych w dyscyplinie **Informatyka Techniczna i Telekomunikacja**. W mojej ocenie przedmiotem rozprawy doktorskiej jest oryginalne rozwiązanie problemu naukowego, co wyczerpuje wymagania stawiane przez właściwą Ustawę.

**Uważam, że cele założone w pracy zostały spełnione a hipoteza potwierdzona.**

Sformułowane w recenzji uwagi mają w większości charakter dyskusyjny i nie umniejszają w żaden sposób wartości opracowanych metod ani wysokiemu poziomowi badawczemu rozprawy.

#### **Wniosek końcowy**

Stwierdzam, że przedstawiona do recenzji rozprawa mgr. inż. Anny Czmił pt. „*Usprawnienie procesu diagnostyki medycznej przy użyciu metod sztucznej inteligencji*” **spełnia wymagania stawiane rozprawom doktorskim określone w art. 187 ustawy z dnia 20 lipca 2018 r. – Prawo o szkolnictwie wyższym i nauce. Wnoszę o dopuszczenie jej Autorki do publicznej obrony.**

**Z uwagi na wysoką jakość dysertacji, rozwiązanie w niej wielu ważnych zagadnień z pogranicza informatyki i medycyny, potwierdzoną recenzowanymi, wysoko punktowanymi publikacjami w międzynarodowych czasopismach naukowych, wnoszę o wyróżnienie rozprawy.**



dr hab. inż. Krzysztof Siwek, prof. uczelni

