



AGH

**AKADEMIA GÓRNICZO-HUTNICZA
IM. STANISŁAWA STASZICA
W KRAKOWIE**

Detekcja zespołów QRS

Monika Daniec,
Arkadiusz Jabłoński,
Karolina Jedlińska,
Anna Kica,
Kinga Kraj,
Aleksandra Kunowska,
Paulina Podłęcka,
Aleksandra Sołtysik,
Przemysław Węgrzynowicz,
Agnieszka Żądło

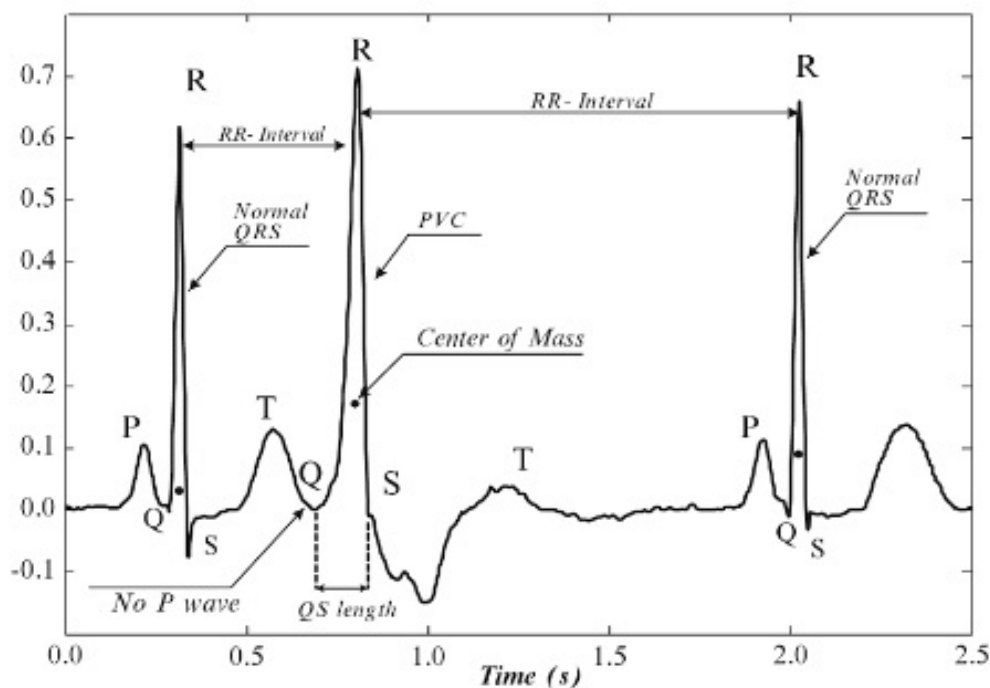
Kraków, 2017r.

Spis treści

1	Wstęp	3
2	Difference Operation Method	5
2.1	Cel projektu	5
2.2	Opis algorytmu	5
2.3	Implementacja algorytmu w programie Matlab	10
2.4	Implementacja algorytmu w języku C++	15
2.5	Podsumowanie	15
3	Empirical Mode Decomposition	17
3.1	Koncepcja proponowanego rozwiązania	18
3.2	Prototyp rozwiązania w środowisku MATLAB	20
4	Detekcja QRS z użyciem filtracji kwadratowej	25
4.1	Opis teoretyczny	25
4.1.1	Filtracja	25
4.1.2	Detekcja zespołów QRS	26
4.2	Implementacja w środowisku Matlab	28
4.3	Implementacja w języku C++	30
5	Dynamic Plosion Index	33
5.1	Wprowadzenie	33
5.2	Opis algorytmu	33
5.2.1	Przetwarzanie wstępne sygnału	33
5.2.2	Plosion Index	34
5.2.3	Dynamic Plosion Index	35
5.2.4	Wyznaczanie pozycji załamków QRS	35
5.3	Implementacja algorytmu	36
5.3.1	Funkcje wejścia-wyjścia	37
5.3.2	Funkcje pomocnicze	37
5.3.3	Główne funkcjonalności	37
5.4	Detekcja zespołów QRS w sygnałach bazy MIT-BIH	38
5.5	Ocena statystyczna detektora opartego o Dynamic Plosion Index	40
6	Mathematical Morphology	42
6.1	Cel projektu	42
6.2	Przekształcenia morfologiczne	42
6.3	Filtracja sygnału	42
6.4	Detekcja załamków QRS	43
6.5	Wyniki detekcji	48
7	Porównanie wyników	51

1 Wstęp

Serce ma za zadanie tłoczenie krwi z naczyń żylnych, w których panuje niskie ciśnienie, do naczyń tętniczych, wskutek czego w tych ostatnich wzrasta ciśnienie. W tym celu konieczne są stałe, rytmiczne skurcze serca, wywoływane zjawiskami elektrycznymi, które można badać przy pomocy elektrokardiografu. Zapis czynności bioelektrycznej serca nazywany jest elektrokardiogramem. [1] Przykładowy zapis takiego sygnału zaprezentowano na Rys.1.



Rysunek 1: Przykładowy zapis sygnału EKG wraz z oznaczonymi załamkami. [2]

Do charakterystycznych cech sygnału EKG należą: załamek P, zespół załameków QRS oraz załamek T. Załamek P odpowiada za elektryczną akcję przedsionków, zespół QRS - skurcz komór, natomiast załamek T reprezentuje proces repolaryzacji.[3]

Detekcja oraz określenie granic załameków jest istotnym elementem analizy cyfrowych elektrokardiogramów. Na podstawie wyznaczonych miejsc występowania odpowiednich załameków istnieje możliwość klasyfikacji zespołów czy diagnostyki odcinków ST i QT oraz załamka P. [4]

Algorytmy odpowiadające za detekcję zespołów QRS są nadal rozwijane i udoskonalane. W niniejszym przedstawiono wybrane rozwiązania.

Literatura

- [1] P. Hoser: *Fizjologia organizmów z elementami anatomii człowieka*, Warszawa, WSiP, 1996, s. 195-197.
- [2] A. Gacek, W. Pedrycz, *ECG Signal Processing Classification and Interpretation : A Comprehensive Framework of Computational Intelligence* [w:] https://books.google.pl/books?id=lPTiGqPKY94C&pg=PA108&redir_esc=y#v=onepage&q&f=false s.1018 (dostęp 21.12.2016r.).
- [3] P. Augustyniak, *Elektrokardiografia dla informatyka - praktyka*, Kraków, Wydawnictwo Studentckiego Towarzystwa Naukowego, 2011, s.144-146.
- [4] T. Pięciak, [w:] http://home.agh.edu.pl/~pieciak/SygnalyBiomedyczne/laboratorium_ekg.pdf (dostęp: 21.12.2016r.).

2 Difference Operation Method

2.1 Cel projektu

Celem projektu była implementacja algorytmu detekcji załamków QRS w sygnale EKG za pomocą algorytmu Difference Operation Method (DOM).

2.2 Opis algorytmu

[1]

Algorytm DOM składa się z dwóch etapów: przetwarzania sygnału oraz detekcji fal. Przetwarzanie sygnału ma na celu wzmocnienie zespołów QRS w sygnale i osłabienie pozostałych jego części. Natomiast detekcja fal polega na wyszukaniu i zapisie miejsc występowania zespołów QRS w zarejestrowanym sygnale.

Pierwszym krokiem przetwarzania jest filtracja sygnału EKG, na którą składają się 4 etapy:

- Filtracja filtrem pasmowo – zaporowym o częstotliwości odcięcia: 60 Hz. Operacja ta ma na celu zredukowanie zakłóceń pochodzących z sieci zasilającej
- Filtracja filtrem górnoprzepustowym o częstotliwości odcięcia: 0.5 Hz. Ma to na celu usunięcie pływającej linii izoelektrycznej
- Filtracja filtrem morfologicznym – operacja otwarcia oraz zamknięcia przy użyciu elementu strukturalnego (sygnału prostokątnego o zadanej długości)
- Filtracja filtrem adaptacyjnym w celu usunięcia zakłóceń spowodowanych przemieszczeniem elektrod podczas badania

Następnie otrzymywany jest sygnał różnicowy, zgodnie z równaniem 1:

$$x_d(n) = x_a(n) - x_a(n-1) \quad (1)$$

Gdzie:

- $x(n)$ – sygnał wejściowy w czasie n
- $x_d(n)$ – wyjściowy sygnał różnicowy w czasie n

Sygnał oryginalny oraz po operacji różnicowania znajdują się odpowiednio na rysunkach 2 i 3.

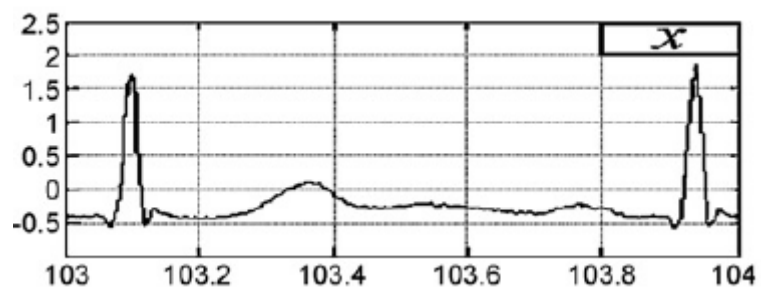
Następnym etapem jest filtracja filtrem dolnoprzepustowym o częstotliwości odcięcia 100 Hz, aby usunąć fale o niskiej amplitudzie i wysokiej częstotliwości obecne w sygnale różnicowym. Wynikowy sygnał jest oznaczany jako x_{df} . Sygnał po filtracji jest widoczny na rysunku 4.

Dalszym krokiem jest progowanie sygnału, zgodnie z formułą 2:

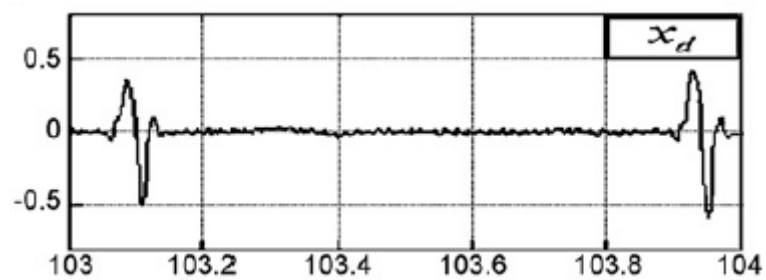
$$\hat{x}_{df} = \begin{cases} 0 & \text{dla } 0 < x_{df} < T_1 \text{ lub } T_2 < x_{df} < 0 \\ x_{df} & \text{dla } x_{df} \geq T_1 \text{ lub } x_{df} \leq T_2 \end{cases} \quad (2)$$

Gdzie:

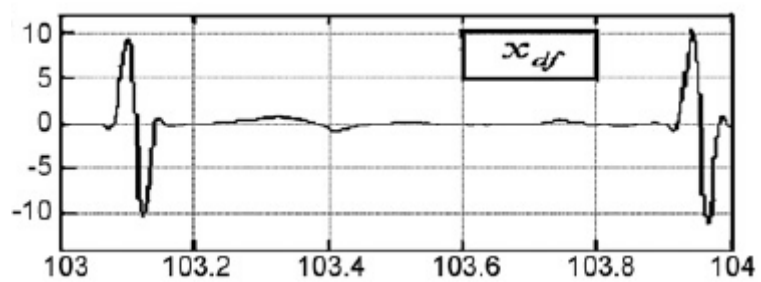
- $T_1 = 2 * MV_P$ (MV_P – średnia wartość dodatnich amplitud w całym sygnale)
- $T_2 = 2 * MV_N$ (MV_N – średnia wartość ujemnych amplitud w całym sygnale)



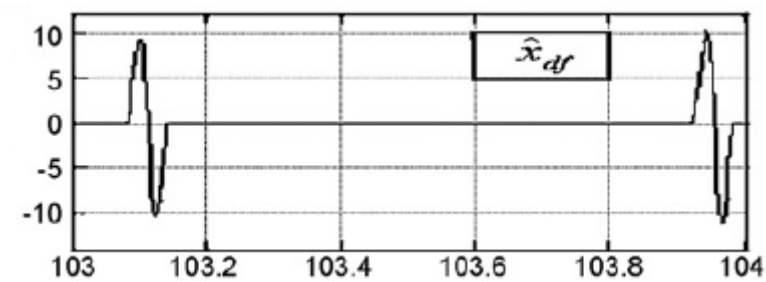
Rysunek 2: Oryginalny sygnał EKG



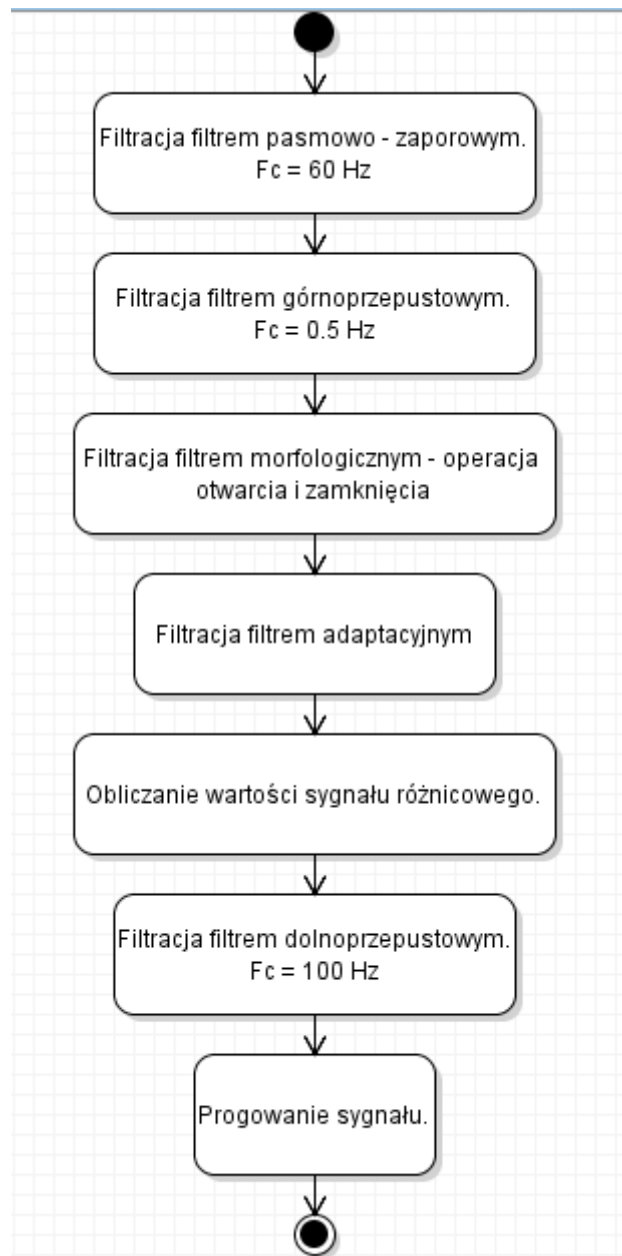
Rysunek 3: Sygnał EKG po operacji różnicowania



Rysunek 4: Sygnał EKG po operacji filtracji dolnoprzepustowej



Rysunek 5: Sygnał po operacji progowania.



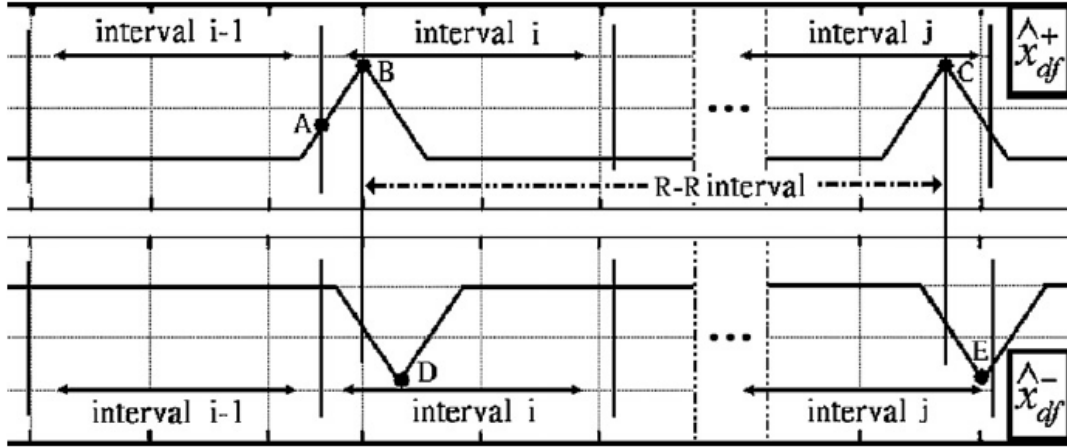
Rysunek 6: Schemat przetwarzania sygnału.

Sygnal EKG po operacji progowania znajduje się na rysunku 5. Kolejno wykonano schemat powyższych czynności w języku UML (rysunek 6). Po otrzymaniu sygnału \hat{x}_{df} , dokonywana jest detekcja zespołów QRS w następujących etapach:

- Sygnal jest dzielony na dwa sygnały: dodatni \hat{x}_{df}^+ oraz ujemny \hat{x}_{df}^-
- Sygnały dodatni i ujemny są dzielone na interwały o długości 50 próbek (dla częstotliwości próbkowania 360 Hz). W związku z tym czas trwania pojedynczego interwału wynosi 0.14s. Wybierane i zapisywane są te interwały, w których znajduje się przynajmniej jedna niezerowa wartość. Pozostałe interwały są ignorowane.
- Na podstawie odległości między dwoma kolejnymi interwałami zawierającymi wartości niezerowe, następuje przyporządkowanie ekstremów do jednej z dwóch grup:
 - Jeżeli odległość jest mniejsza lub równa długości interwału (0.14s), to spośród dwóch wartości wybierana jest większa z nich. Przykładowo na rysunku 7, punkty A i B są maksimami w interwałach odpowiednio i-1 oraz i. Wybrany zostaje punkt B, ze względu na jego większą wartość
 - Jeżeli odległość jest większa od długości interwału, to obie wartości są wybierane. Przykładowo na rysunku 7, punkty B i C są maksimami interwałów odpowiednio i oraz j. Odległość między punktami B i C jest większa od długości interwału, a zatem oba punkty zostają wybrane do dalszej analizy
- Na podstawie odległości między ekstremami sygnałów dodatniego i ujemnego w odpowiadających sobie interwałach, następuje akceptacja ekstremów lub jej brak w zależności od przypadku:
 - Jeżeli odległość jest mniejsza lub równa długości interwału, następuje akceptacja i zapisanie ekstremów. Przykładowo na rysunku 7, punkty B i D są zaakceptowane, ponieważ odległość między nimi jest mniejsza od długości interwału
 - Jeżeli odległość między ekstremami jest większa od długości interwału, następuje odrzucenie obu ekstremów
- Następnie wyznaczone ekstrema są nanoszone na oryginalny sygnał EKG. Wyznaczone dodatnie wartości maksymalne odpowiadają załomkom R

Detekcja załamków Q i S:

- Zdefiniowanie pierwszego zakresu interwału, w którym wyszukiwane będą załamki Q i S. Jest to odcinek o długości 40 próbek (20 próbek przed wyznaczonym załomkiem R oraz 20 próbek za wyznaczonym załomkiem R). Dla obu części danego interwału wyznaczane są minimalne wartości i oznaczane odpowiednio jako Q_1 oraz S_1 .
- Detekcja załamków QRS kończy się na powyższym etapie w przypadku normalnego sygnału EKG. Jeżeli sygnał odbiega od standardowych zapisów EKG, potrzebne są dalsze kroki.
- Zdefiniowanie drugiego zakresu interwału, w którym wyszukiwane będą załamki Q i S. Drugi zakres jest dwukrotnym rozszerzeniem pierwszego zakresu w obu kierunkach (łączna długość 80 próbek dla częstotliwości próbkowania równej 360 Hz). Dla obu części danego interwału wyznaczane są minimalne wartości i oznaczane odpowiednio jako Q_2 oraz S_2 .
- Następnie wyszukiwana jest pozycja załamka Q.



Rysunek 7: Metoda selekcji ekstremów na podstawie odległości między nimi.

- Jeżeli pozycja Q_1 jest równa pozycji Q_2 to wtedy pozycja załamka Q równa się ich pozycji.
- Jeżeli prawdziwa jest poniższa nierówność (3) to pozycja Q równa się pozycji Q_2

$$MV_{QQ} > V_{Q1} + T_V \quad (3)$$

Gdzie:

- * MV_{QQ} – maksimum w zakresie od Q_1 do Q_2
- * V_{Q1} – amplituda punktu Q_1
- * T_V – wartość progowa dobierana eksperymentalnie
- Jeżeli prawdziwa jest poniższa nierówność (4) to pozycja Q równa się pozycji Q_1

$$V_{Q2} > V_{Q1} \quad (4)$$

Gdzie:

- * V_{Q2} – amplituda punktu Q_2
- Jeżeli nie jest prawdziwa żadna z powyższych zależności to pozycja załamka Q jest równa pozycji punktu Q_2

Schemat detekcji załamka R znajduje się na rysunku 8.

• Detekcja załamka S

- Jeżeli pozycja S_1 jest równa pozycji S_2 to wtedy pozycja załamka S równa się ich pozycji.
- Jeżeli prawdziwa jest poniższa nierówność (5) to pozycja S równa się pozycji S_1

$$V_{S2} > V_{S1} \quad (5)$$

Gdzie:

- * V_{S1} – amplituda punktu S_1
- * V_{S2} – amplituda punktu S_2
- Jeżeli nie jest prawdziwa żadna z powyższych zależności to pozycja załamka S jest równa pozycji punktu S_2

- Schemat detekcji załamków Q i S znajduje się na rysunku 9.

2.3 Implementacja algorytmu w programie Matlab

W pierwszej kolejności sygnał jest wczytywany (rysunek 10). Następnie przeprowadzana jest filtracja typu notch (60Hz) oraz filtracja górnoprzepustowa ($f_c = 0,5\text{Hz}$). Oba filtry zaprojektowano przy użyciu narzędzia `fdatool`, a następnie wyeksportowano otrzymane współczynniki i przeprowadzono filtrację. Ostatnim typem zastosowanej filtracji jest filtracja morfologiczna, która została zaimplementowana za pomocą funkcji `imopen()` oraz `imclose()`. Niestety nie udało się zaimplementować filtracji adaptacyjnej. Wyniki wszystkich wyżej wymienionych filtracji są przedstawione na rysunkach 11, 12, 13.

Następnie, przeprowadzane jest różnicowanie sygnału (rysunek 14) oraz filtracja otrzymanego sygnału różnicowego za pomocą filtra dolnoprzepustowego ($f_c = 100\text{Hz}$) (rysunek 15). Ten filtr również został zaprojektowany przy użyciu narzędzia `fdatool`. Przed przystąpieniem do filtracji, na koniec sygnału różnicowego zostaje dodany wektor zer o długości odpowiadającej połowie liczby współczynników filtra. Dzięki temu likwidowane jest przesunięcie sygnału spowodowane filtracją.

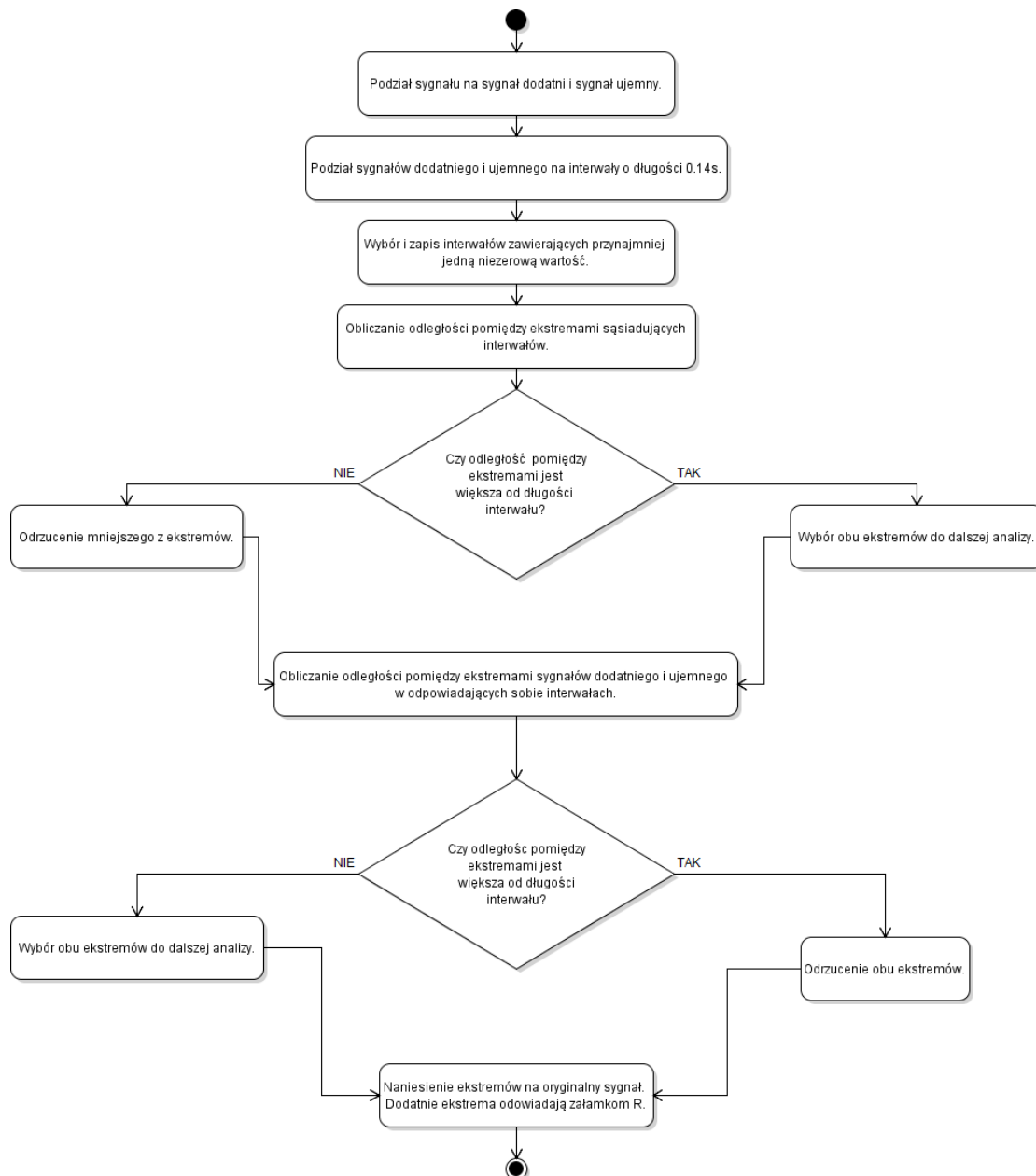
Progowanie przefiltrowanego sygnału jest wykonywane z wykorzystaniem wartości MVP oraz MVN, wyliczonych na podstawie aktualnie analizowanego sygnału. Są to wartości średnie odpowiednio dodatnich oraz ujemnych amplitud w sygnale. Otrzymane wartości MVP oraz MVN są zwiększane czterokrotnie przed wykonaniem progowania. Wynik progowania jest przedstawiony na rysunku 16. Po operacji progowania, następuje podział sygnału na dodatni i ujemny (rysunki 17 i 18).

Dalszym krokiem jest podział sygnałów (zarówno ujemnego jak i dodatniego) na interwały o długości 50 próbek i wykrycie odpowiednio najmniejszej oraz największej wartości w interwale. Jeżeli wartości maksymalne i minimalne otrzymane w interwałach są różne od zera, to do wektorów zapisywane są numery próbek odpowiadające danym ekstremom. Otrzymane numery próbek odpowiadające maksimum i minimum w odpowiednich interwałach są wykorzystywane do dalszej analizy.

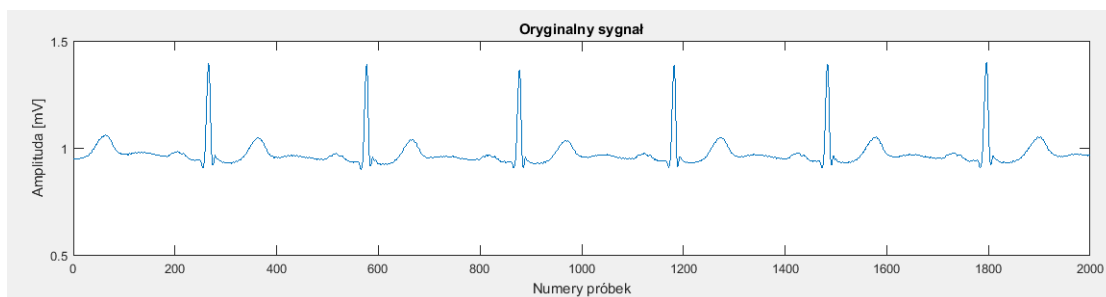
Analogiczne operacje zostają przeprowadzone dla sygnał dodatniego oraz ujemnego. W przypadku sygnału dodatniego, tworzony jest nowy wektor. W pierwszej kolejności, obliczana jest odległość między pierwszą i drugą próbką sygnału dodatniego. Jeżeli odległość jest większa od 50, to obie próbki są zapisywane w wektorze. Jeżeli odległość jest mniejsza od zera, to zapisywana jest próbka, dla której wartość amplitudy jest większa.

Następnie porównywane są ostatnie próbki nowego wektora z kolejnymi próbkami sygnału dodatniego. Jeżeli odległość między analizowanymi próbkami jest większa, to bieżąca próbka jest wpisywana na końcu wektora. Jeżeli wartość bieżącej próbki jest większa od wartości ostatniej próbki sygnału dodatniego, to próbka bieżąca jest wpisywana na miejsce ostatniej próbki. Wyniki powyższej operacji są zapisywane jako wykryte załamki R (rysunek 19).

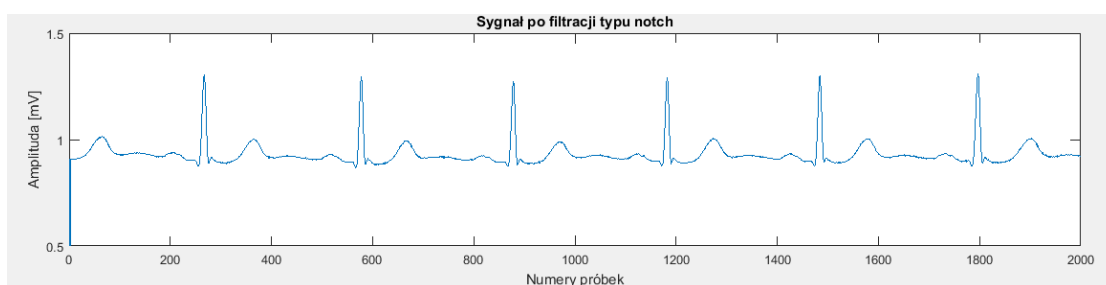
Ostatnim etapem jest detekcja załamków Q oraz S. W tym celu, wyznaczane są interwały obejmujące: załamek R oraz 20 wcześniejszych próbek, załamek R oraz 20 późniejszych próbek. Następnie, w pierwszym zakresie obliczane jest minimum, które odpowiada załamkowi Q. W drugim zakresie obliczane jest minimum, które odpowiada załamkowi S.



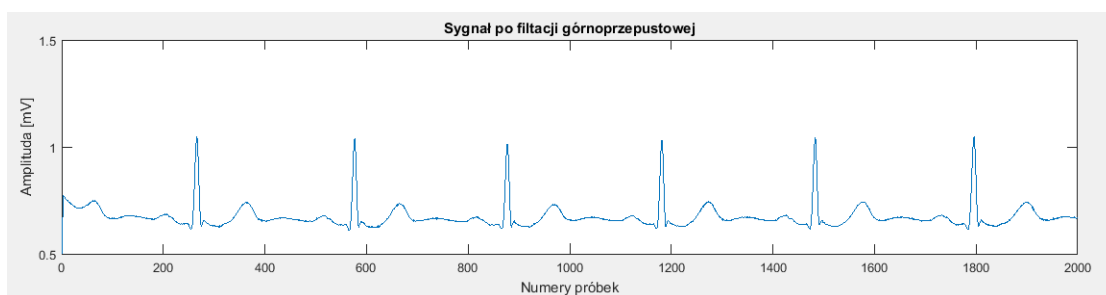
Rysunek 8: Schemat detekcji załamek R.



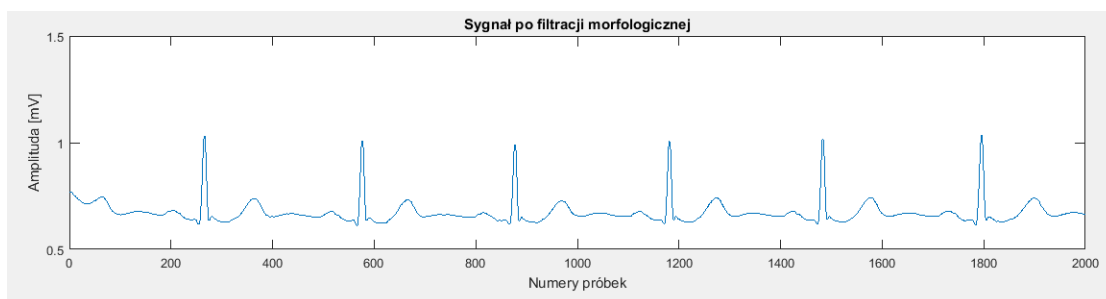
Rysunek 10: Oryginalny sygnał EKG dla danych 103m.csv



Rysunek 11: Sygnał EKG po filtracji typu notch dla danych 103m.csv



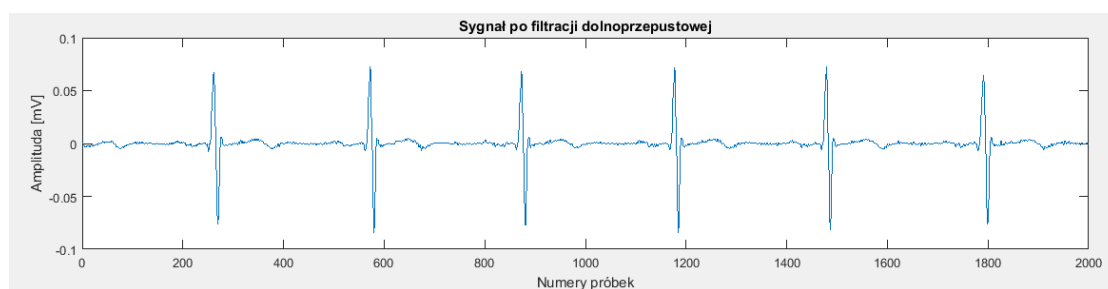
Rysunek 12: Sygnał EKG po filtracji górnoprzepustowej dla danych 103m.csv



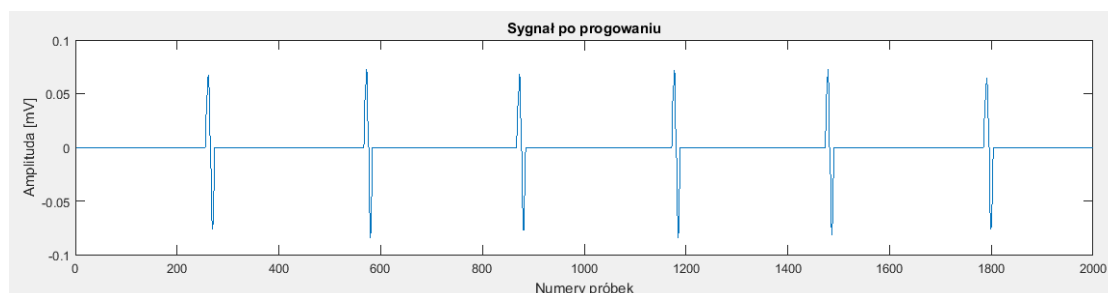
Rysunek 13: Sygnał EKG po filtracji morfologicznej dla danych 103m.csv



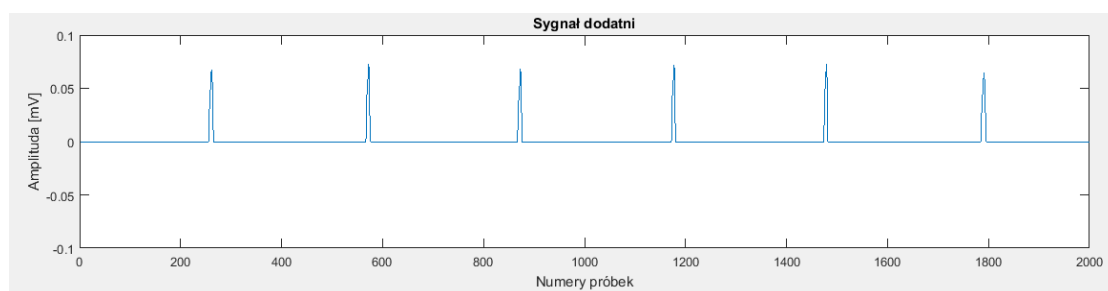
Rysunek 14: Sygnał różnicowy dla danych 103m.csv



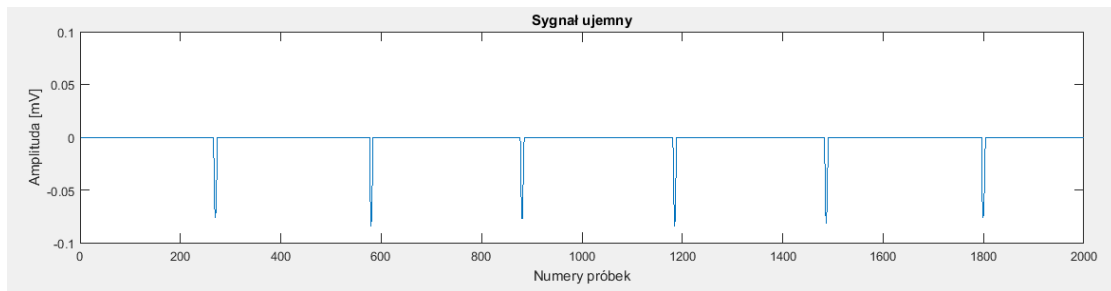
Rysunek 15: Sygnał różnicowy po filtracji dolnoprzepustowej dla danych 103m.csv



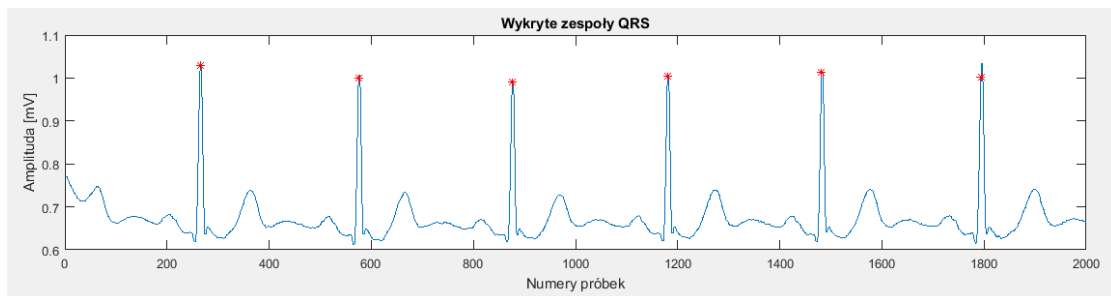
Rysunek 16: Sygnał różnicowy po operacji progowania dla danych 103m.csv



Rysunek 17: Sygnał dodatni dla danych 103m.csv



Rysunek 18: Sygnał ujemny dla danych 103m.csv



Rysunek 19: Sygnał EKG z zaznaczonymi załamkami R dla danych 103m.csv

2.4 Implementacja algorytmu w języku C++

W przypadku implementacji algorytmu w C++, nie udało się przeprowadzić filtracji sygnału. Wczytany sygnał zostaje poddany operacji różnicowania oraz progowania, a następnie podzielony na sygnał dodatni i ujemny. Dalszym krokiem jest wykrycie maksimów i minimów w interwałach o długości 50 próbek oraz porównywanie otrzymanych wyników, analogicznie jak w przypadku prototypu w środowisku MATLAB. Z powodu braku filtracji, na końcu algorytmu zaimplementowano dodatkowe progowanie otrzymanych maksimów. Wartość progu wynosi 50% wartości największego maksimum. Wykryte numery próbek są zapisywane jako wykryte załamki R. Dodatkowo, algorytm zawiera operację detekcji załamek Q i S analogiczną do tej zaimplementowanej w środowisku MATLAB.

2.5 Podsumowanie

Algorytm Difference Operation Method jest prostą, niewymagającą skomplikowanych przekształceń matematycznych, metodą detekcji załamek QRS. Metoda ta pozwala na szybką detekcję, ze względu na niską złożoność obliczeniową. Wyznaczone parametry czułości, precyzji i skuteczności detekcji dla sygnałów pochodzących z MIT-BIH arrhythmia database, pozwalają stwierdzić, że metoda ta daje zadowalające rezultaty dla większości przypadków. Algorytm nie sprawdza się niestety dla niestandardowych sygnałów EKG, co objawia się niską wartością wyżej wspomnianych parametrów. Algorytm DOM odznacza się dużą dokładnością detekcji. Dla większości sygnałów, precyzja detekcji wynosi 100 procent.

Literatura

- [1] Yun-Chi Yeha, Wen-June Wanga *QRS complexes detection for ECG signal: The Difference Operation Method..* Computer methods and programs in biomedicine, 2008, nr 91 s. 245-254.

3 Empirical Mode Decomposition

Algorytm EMD polega na rozłożeniu sygnału na skończoną ilość tzw. istotnych funkcji składowych c_j (IFM ang. Intrinsic Mode Functions), które wynikają z cech sygnału a nie funkcji bazowej (jak w przypadku transformacji Fouriera czy Falkowej).

Warto wspomnieć o tym, iż w przeciwieństwie do transformacji falkowej, podczas empirycznej dekompozycji modalnej nie następuje przeciekanie energii w pobliżu częstotliwości, które są analizowane. Natomiast głównym minusem tej metody jest zauważalna niedokładność przy niskich częstotliwościach sygnału [2].

Każda funkcja c_j to jedna prosta postać sygnału drgań, która zapewnia następujące warunki:

- (a) Zbiór wartości IMF zawiera taką samą liczbę ekstremów i miejsc zerowych lub liczba ta może różnić się najwyżej o jedno miejsce zerowe
- (b) Średnia wartość obwiedni określona przez lokalne minima i maksima w każdym punkcie IMF jest równa zero

Weźmy pod uwagę sygnał $s(t)$. Empiryczną dekompozycję modalną można przedstawić w następujących krokach [2] [3] [4]:

- (1) Wyznaczenie lokalnych minimów i maksimów analizowanego sygnału $s(t)$
- (2) Połączenie lokalnych maksimów krzywą trzeciego stopnia – utworzenie górnej obwiedni sygnału – $EnvMax(t)$
- (3) Połączenie lokalnych minimów krzywą trzeciego stopnia – utworzenie dolnej obwiedni sygnału – $EnvMin(t)$
- (4) Obliczenie wartości średniej górnej i dolnej obwiedni w każdym punkcie sygnału dyskretnego(6):

$$m_1(t) = \frac{1}{2}(EnvMax(t) + EnvMin(t)) \quad (6)$$

- (5) Obliczenie odchylenia wartości w każdym punkcie sygnału od wartości średniej(7):

$$h_1(t) = (s(t) - m_1(t)) \quad (7)$$

W tym momencie następuje sprawdzenie czy $h_1(t)$ spełnia warunki wspomniane powyżej (punkty (a) i (b)).

Jeśli:

- TAK - wyrażenie to można uznać za istotną funkcję składową c_1
- NIE - wyrażenie $h_1(t)$ traktuje się, jako sygnał oryginalny i powtarza obliczenia z punktów (1) -(5) do momentu uzyskania istotnej funkcji składowej c_j
- (6) Obliczenie składowej reszty $r_1(t)$ poprzez usunięcie pierwszej istotnej funkcji składowej z sygnału pierwotnego $s(t)$ (8):

$$r_1(t) = (s(t) - h_1(t)) \quad (8)$$

- (7) Po wyliczeniu w punktach (1) - (5) drugiej IMF, powtórzenie obliczeń traktując sygnał reszty $r_1(t)$ z poprzedniej iteracji, jako sygnał oryginalny (9):

$$r_2(t) = (r_1(t) - h_2(t)) \quad (9)$$

(8) Powtórzenie obliczeń dla n-kolejnych razy (10):

$$r_n(t) = (r_{n-1}(t) - h_n(t)) \quad (10)$$

(9) Obliczenie kryterium zatrzymania procesu – dekompozycja może zostać zatrzymana, kiedy kolejne $r_n(t)$ stają się monotonicznymi funkcjami nie wnoszącymi istotnych informacji. Popularnym kryterium zatrzymania jest tzw. NSD (ang. Normalized Standard Difference), określany wzorem (11):

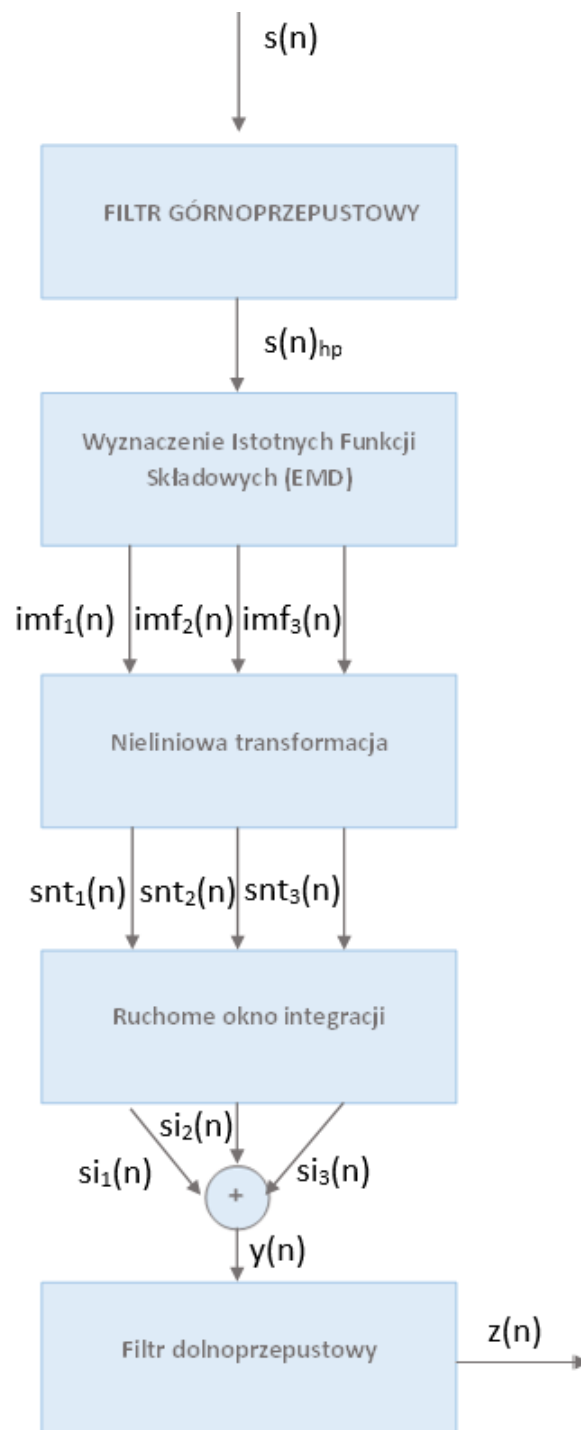
$$NSD = \sum_{t=1}^T \frac{|h_{n-1}(t) - h_n(t)|^2}{h_n^2(t)} \quad (11)$$

(10) Ostatecznie, sygnał wejściowy może zostać zapisany w postaci sum istotnych funkcji składowych z sygnałami reszt (12):

$$s(t) = \sum_{n=1}^N h_n(t) + r_n \quad (12)$$

3.1 Koncepcja proponowanego rozwiązania

Opisana wcześniej Empiryczna Dekompozycja Modalna jest popularna podczas przetwarzania sygnałów biomedycznych, w tym także podczas detekcji zespołów QRS. Jednak proces wykrywania załamków obejmuje szerszy zakres, w skład, którego wchodzi m.in. filtracja górno- i dolnoprzepustowa czy transformacja nieliniowa. Dokładny przebieg tego procesu został pokazany na schemacie poniżej (Rys. 3.1)[3].



Rysunek 20: Kroki, jakie podjęto w celu detekcji załamków QRS za pomocą metody EMD.

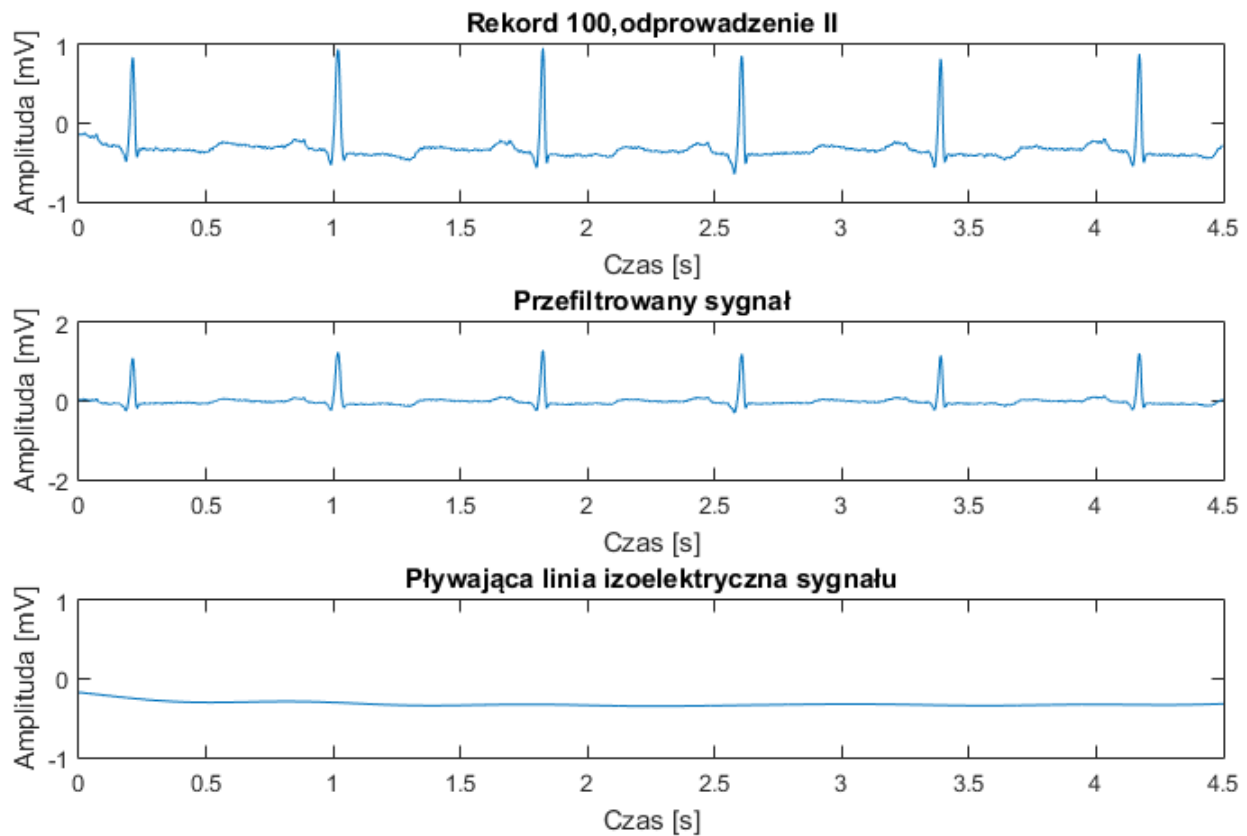
3.2 Prototyp rozwiązania w środowisku MATLAB

Stworzenie prototypu w środowisku MATLAB obejmuje wykorzystanie algorytmu postępowania przedstawionego na rysunku 3.1. W dalszej części projektu zostaną przedstawione poszczególne kroki wyżej opisanego algorytmu, które stanowiły punkt wyjścia do implementacji w C++.

a) Filtracja górnoprzepustowa

Pierwszy z zastosowanych kroków pozwolił na usunięcie z sygnału częstotliwości z zakresu 0-1 Hz, które miały znaczny wpływ na pływającą linię izoelektryczną. Biorąc pod uwagę wiedzę nabytą podczas laboratorium, zdecydowano się na filtr Butterwortha V rzędu o częstotliwości odcięcia 1Hz.

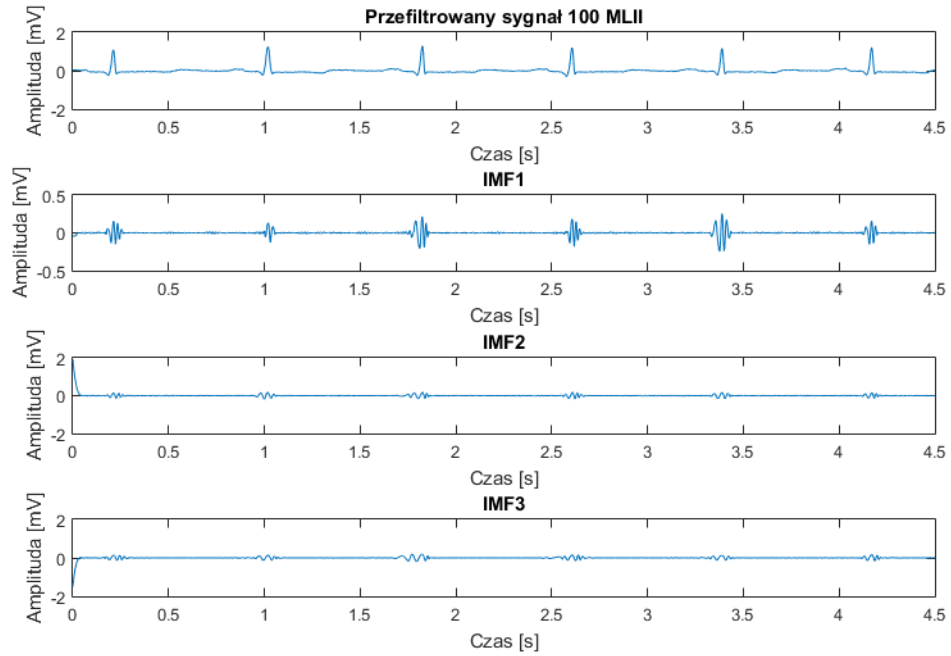
Wyniki filtracji, wraz z usuniętym szumem przedstawiono na Rys. 32



Rysunek 21: Wyniki filtracji górnoprzepustowej

b) Empiryczna Dekompozycja Modalna

Następnie została wykonana EMD, która szczegółowo została opisana w poprzednim podrozdziale niniejszego raportu. Rys.3.2 przedstawia 3 pierwsze istotne funkcje składowe IMF.



Rysunek 22: Oryginalny przefiltrowany sygnał i jego trzy istotne funkcje składowe

c) Transformacja nieliniowa

Po dokonaniu estymacji IMF, kolejnym krokiem była transformacja nieliniowa wyznaczona z wzoru [3]:

$$y(n) = \text{abs}(x(n) \cdot x(n-1) \cdot x(n-2)) \quad (13)$$

dla $x(n)$, $x(n-1)$, $x(n-2)$ tego samego znaku

$$y(n) = 0 \quad (14)$$

w przeciwnym wypadku

gdzie:

$$x(n) = \text{imf}_n(k) \quad y(n) = \text{snt}_k(n)$$

d) Ruchome okno integracji

W celu integracji wszystkich sygnałów konieczne było zastosowanie ruchomego okna integracji, które jest przedstawione poniższym wzorem (14):

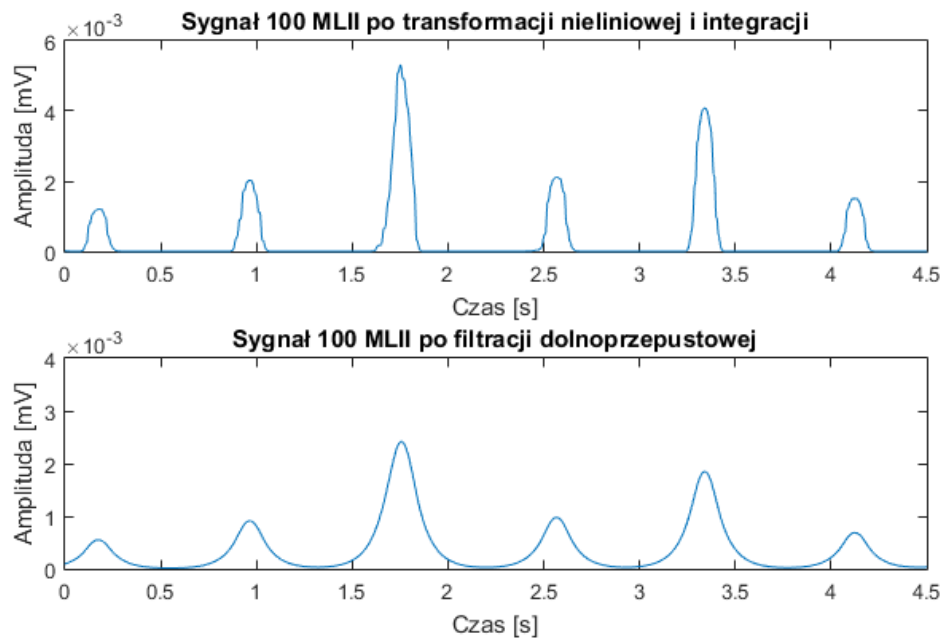
$$si_k(n) = \left(\frac{1}{M}\right)(snt_k(n - (M - 1)) + snt_k(n - (M - 2)) + \dots + snt_k(n)) \quad (15)$$

Gdzie M to liczba próbek w oknie integracji.

e) Filtracja dolnoprzepustowa

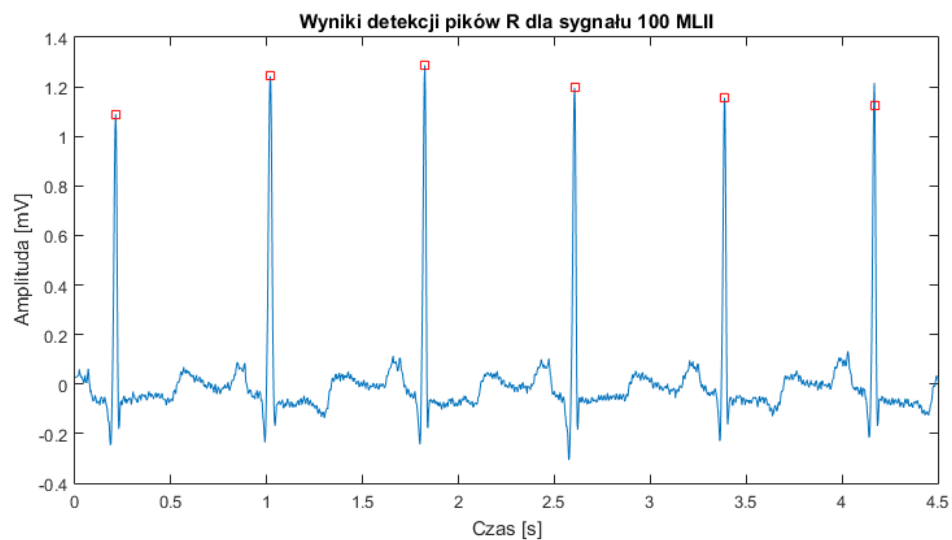
Aby usunąć końcowe zakłócenie został zastosowany dolnoprzepustowy filtr Butterwortha pierwszego rzędu.

Na rysunku 3.2 pokazano wyniki transformacji nieliniowej i integracji oraz filtracji dolnoprzepustowej.



Rysunek 23: Transformacja i integracja nieliniowa sygnału, przed oraz po filtracji dolnoprzepustowej

Ostatnim krokiem w przedstawionym algorytmie było znalezienie szczytów za pomocą funkcji `findpeaks()`. Wyniki detekcji załamka QRS za pomocą Empirycznej Dekompozycji Modalnej przedstawiono na rysunku 3.2.



Rysunek 24: Wyniki detekcji załamka QRS za pomocą Empirycznej Dekompozycji Modalnej

Literatura

- [1] Huang N.E, Shen Z., Long S.R., Wu M.C., Shih H.H., Zheng Q., Yen N., Tung C.C., Liu H.H.: *“The empirical mode decomposition and the Hilbert spectrum for nonlinear and non-stationary time series analysis”* . Proceedings of the Royal Society of London A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences, 1998, vol. 454, no. 1971, pp. 903-995.
- [2] Zachwieja J.: *“Wyważanie wirnika wentylatora promiennego w różnych stanach dynamicznych”*. Rozprawy. Uniwersytet Technologiczno - Przyrodniczy w Bydgoszczy, 2012, 153.
- [3] Slimane H., Nait-Ali A.: *“QRS complex detection using Empirical Mode Decomposition”*. Digital Signal Processing, 2010, 20(4), pp. 1221-1228.
- [4] Pal S., Mitra M.: *“Empirical mode decomposition based ECG enhancement and QRS detection”*. Computers in biology and medicine, 2012, 42(1),pp. 83-2.

4 Detekcja QRS z użyciem filtracji kwadratowej

Algorytmy mające na celu wyznaczenie zespolów QRS składają się z dwóch części: przetwarzania wstępnego oraz części detekcyjnej. Algorytm opisany poniżej jest rozwiązaniem zaproponowanym przez dr Pornchai Phukpattaranont [1]. Sygnał EKG zostaje w pierwszej kolejności przefiltrowany z użyciem filtru kwadratowego. Zastosowanie tego typu rozwiązania pozwala na zwiększenie stosunku sygnału do szumu. Dzięki temu odpowiednia wydajność detekcji może być uzyskana bez potrzeby użycia progowania adaptacyjnego oraz postprocessingu.

Opisane rozwiązanie składa się zatem z części odpowiedzialnej za projektowanie filtru oraz części mającej na celu wyznaczenie zespolów QRS. Szczegółowy opis wspomnianych etapów został zawarty w rozdziałach poniżej.

4.1 Opis teoretyczny

4.1.1 Filtracja

W przeciwieństwie do filtrów liniowych, filtry kwadratowe mają tę zaletę, iż posiadają różne stopnie swobody do optymalizacji procesu usuwania szumu z sygnału EKG.

Filtr kwadratowy o liniowej fazie został zaprojektowany na podstawie sumy dwóch dwuwymiarowych filtrów Gaussa. W ogólności, odpowiedź częstotliwościowa filtru QF (ang. Quadratic Filter), na podstawie dyskretniej transformaty Fouriera, może zostać wyrażona wzorem:

$$H(e^{j\omega_{1k}}, e^{j\omega_{2l}}) = \sum_{n_1=0}^{N_1-1} \sum_{n_2=0}^{N_2-1} h(n_1, n_2) e^{-jn_1\omega_{1k}} e^{-jn_2\omega_{2l}} \quad (16)$$

Gdzie H jest dwuwymiarową odpowiedzią częstotliwościową filtru QF, h to współczynniki filtru, N_1 oraz N_2 to długość filtru odpowiednio dla n_1 oraz n_2 . Celem projektowania filtru jest wyznaczenie współczynników GF, $h(n_1, n_2)$.

Zadanie to można wypełnić biorąc pod uwagę, iż odpowiedź częstotliwościowa dana jest także wzorem:

$$H(e^{j\omega-1k}, e^{j\omega-2l}) = G(\omega_{1k}, \omega_{2l}) e^{j\phi(\omega_{1k}, \omega_{2l})} \quad (17)$$

Gdzie $G(\omega_{1k}, \omega_{2l})$ reprezentuje żądany moduł, natomiast $\phi(\omega_{1k}, \omega_{2l})$ - fazę. Widmo fázowe dane jest wzorem:

$$\phi(\omega_{1k}, \omega_{2l}) = -\frac{N_1-1}{2}\omega_{1k} - \frac{N_2-1}{2}\omega_{2l} \quad (18)$$

Gdzie $\omega_{1k} = (\frac{2\pi k}{M_1}) - \pi, k = 0, 1, \dots, M_1 - 1$ a $\omega_{2l} = (\frac{2\pi l}{M_2}) - \pi, l = 0, 1, \dots, M_2 - 1$. Użyto filtru o rozmiarze $N_1 = N_2 = N = 37$. W rezultacie opóźnienie fázowe sygnału wyjściowego jest równe $(N-1)/2$.

Zaproponowano filtr QF oparty o sumę dwóch dwuwymiarowych filtrów Gaussa. Zależność tę zobrazować można w następujący sposób:

$$G(\omega_{1k}, \omega_{2l}) = \frac{G_1(\omega_{1k}, \omega_{2l}) + G_2(\omega_{1k}, \omega_{2l})}{\max\{G_1 + G_2\}} \quad (19)$$

Gdzie

$$G_i(\omega_{1k}, \omega_{2l}) = \exp\{-[A(\omega_{1k} - \omega_{ai})^2 + B(\omega_{1k} - \omega_{ai})(\omega_{2l} - \omega_{bi}) + C(\omega_{2l} - \omega_{bi})^2]\} \quad (20)$$

Dla $i=1,2$. Parametry A, B oraz C:

$$A = \left(\frac{\cos\theta}{\sigma_x}\right)^2 + \left(\frac{\sin\theta}{\sigma_y}\right)^2 \quad (21)$$

$$B = -\frac{\sin 2\theta}{\sigma_x^2} + \frac{\sin 2\theta}{\sigma_y^2} \quad (22)$$

$$C = \left(\frac{\sin\theta}{\sigma_x}\right)^2 + \left(\frac{\cos\theta}{\sigma_y}\right)^2 \quad (23)$$

Współczynniki $(\omega_{ai}, \omega_{bi})$ są środkami filtrów Gaussa, σ_x oraz σ_y to stałe definiujące szerokość przepustowości wzdłuż dwóch kierunków, natomiast θ to kąt obrotu. Przyjęto następujące wartości: centra $(\omega_{ai}, \omega_{bi})$ w punktach $(-0.7, 0.7)$ oraz $(0.7, -0.7)$, $\sigma_x = 0.3$, $\sigma_y = 0.2$, $\theta = -\pi/4$.

Po otrzymaniu odpowiedzi w dziedzinie częstotliwościowej ze wzoru 17, współczynniki filtru $h(n_1, n_2)$ można otrzymać poprzez zastosowanie odwrotnej dyskretnej transformaty Fouriera, korzystając ze wzoru 24.

$$h(n_1, n_2) = \frac{1}{M_1 M_2} \sum_{k=0}^{M_1-1} \sum_{l=0}^{M_2-1} H(e^{j\omega_{1k}}, e^{j\omega_{2l}}) e^{jn_1\omega_{1k}} e^{jn_2\omega_{2l}} \quad (24)$$

gdzie M_1 oraz M_2 to ilość punktów użytych w odwrotnej transformacji, odpowiednio wzdłuż ω_{1k} oraz ω_{2l} .

Sygnal EKG po operacji usuwania szumów, a zatem po przefiltrowaniu, wyrażony jest wzorem 25.

$$y[n] = \sum_{k_1=0}^{P-1} \sum_{k_2=0}^{P-1} h[k_1, k_2] x[n - k_1] x[n - k_2] \quad (25)$$

4.1.2 Detekcja zespołów QRS

Szumy w sygnale wejściowym $x[n]$ zostają ograniczone poprzez użycie zaprojektowanego filtru QF. Po tej operacji, z otrzymanego sygnału $y[n]$ zostaje wyznaczona obwiednia $z[n]$. Następnie, zdefiniowana zostaje wartość progowa, w celu wyznaczenia interwału czasowego $[t_1 \ t_2]$, w którym znajduje się zespół QRS. Ostatecznie miejsce, w którym występuje załamek R zostaje zlokalizowane poprzez odnalezienie czasu t_R , dla którego amplituda sygnału osiąga maksimum.

W sposób szczegółowy algorytm ten można opisać w następujących krokach:

1. Wyznaczenie sygnału $y[n]$ z wejściowego sygnału EKG $x[n]$ poprzez przetworzenie go filtrem QF.
2. wyznaczenie obwiedni $z[n]$ z sygnału $y[n]$ przy użyciu filtru wyszukującego maksimum, danego wzorem:

$$z[n] = \max_{k \in [n-L+1, n]} y[k] \quad (26)$$

3. Detekcja załamka R w zespole QRS za pomocą następujących kroków:
 - Wyliczenie wartości progowej thv z zależności $thv = \lambda y_m[n]$, gdzie $y_m[n]$ to wartość maksymalna sygnału $y[n]$, a λ to wartość stała z przedziału od 0,10 do 0,17.
 - Znalezienie przedziałów czasowych, w których sygnał $z[n]$ jest większy od wartości progowej thv oraz wyznaczenie dla nich czasu początkowego $t1$, czasu połówkowego th , oraz czasu kończącego $t2$.
 - Wyznaczenie amplitudy sygnału $y[n]$ dla th . Jeśli amplituda jest większa od zera, co oznacza, że nie jest to przedwczesny skurcz komorowy, należy przejść do kolejnego podpkt, w przeciwnym przypadku do ostatniego.
 - Wyznaczenie lokalizacji załamka R z przedziału czasowego $[t1 \ t2]$, w miejscu gdzie sygnał osiąga maksimum.
 - Wyznaczenie lokalizacji załamka R z przedziału czasowego $[t1 \ th]$, w miejscu gdzie sygnał osiąga maksimum.

4.2 Implementacja w środowisku Matlab

W środowisku programistycznym Matlab zaimplementowano prototyp algorytmu służącego do detekcji QRS z użyciem filtracji kwadratowej. Program składał się z następujących części:

1. Projektowanie dwuwymiarowego filtra kwadratowego - wyznaczenie współczynników.
2. Filtracja sygnału z użyciem zaprojektowanego filtra.
3. Wyznaczanie progu na podstawie maksimum przefiltrowanego sygnału.
4. Wylizywanie obwiedni przefiltrowanego sygnału.
5. Progowanie obwiedni sygnału. Wyznaczanie czasów początkowych, końcowych oraz półkowych.
6. Odnajdywanie maksimum sygnału w zadanych przedziałach czasowych.

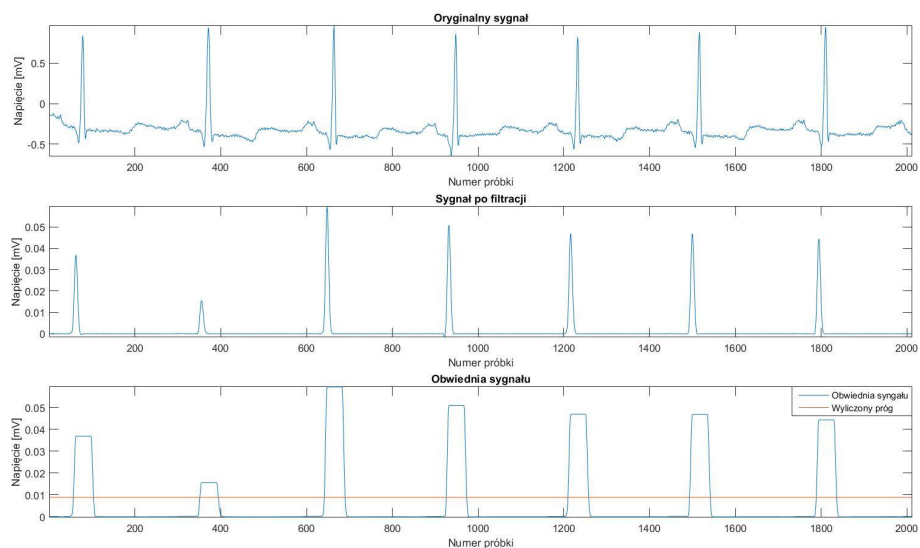
Pierwszym etapem było wyznaczenie współczynników dwuwymiarowego filtra kwadratowego opartego na dwóch filtrach Gaussa. Przyjęto następujące wartości: rozmiar filtra $N = M = 37$, centra $(\omega_{ai}, \omega_{bi})$ w punktach $(-0.7, 0.7)$ oraz $(0.7, -0.7)$, $\sigma_x = 0.3$, $\sigma_y = 0.2$, $\theta = -\pi/4$. Na podstawie wzorów 21, 22 oraz 23 obliczono stałe parametry A, B oraz C. Następnie, przy użyciu zagnieżdżonych pętli for obliczono moduły oraz fazę dla dwóch filtrów Gaussa - G_1, G_2, O . Zsumowano oraz znormalizowano wartości połączonych filtrów, a w dalszej kolejności obliczono odpowiedź częstotliwościową H. Na podstawie wzoru 24, określającego odwrotną transformację Fouriera, otrzymano wartości współczynników żadanego filtra - $h(n_1, n_2)$.

Kolejnym etapem była filtracja sygnału z użyciem wyznaczonych współczynników. Zrealizowano to zadanie poprzez użycie trzech zagnieżdżonych pętli for otrzymując w efekcie przefiltrowany sygnał $y[n]$. Następnie wyznaczono próg jako iloczyn wartości maksymalnej w sygnale $y[n]$ oraz parametru λ . Wartość tego parametru przyjęto na poziomie 0.1.

Następnym krokiem realizowanym w programie było wyznaczenie obwiedni sygnału. Dokonano tego na podstawie wzoru 26, stosując funkcję odnajdującą maksimum w zadanym oknie. Zgodnie ze szczegółowym opisem zamieszczonym powyżej, w dalszym etapie wyznaczono czasy początkowe oraz końcowe, jako miejsca, w których sygnał obwiedni zmienia wartości z mniejszej od progu na większą i odwrotnie. Na tej podstawie obliczono czasy półkowe otrzymanych przedziałów czasowych.

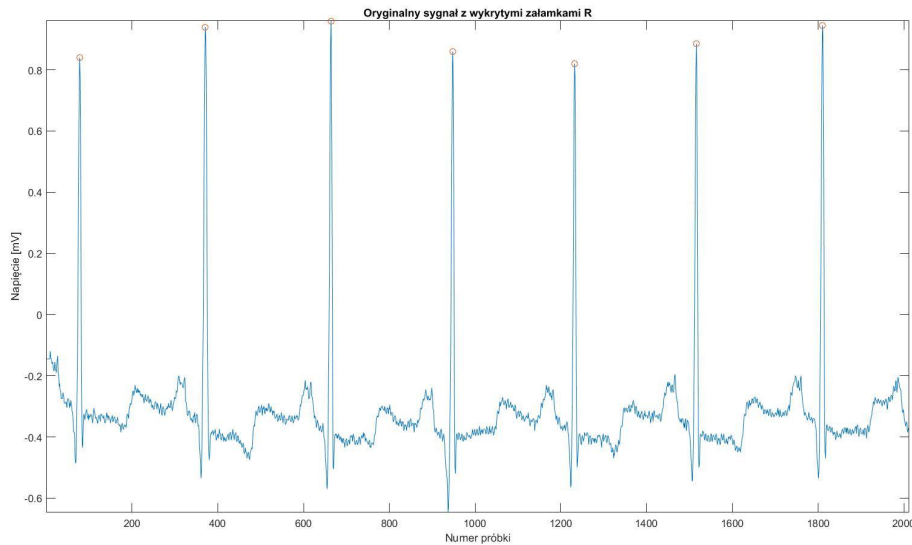
Ostatnim krokiem było wyznaczenie maksimum w odpowiednio dobranych przedziałach czasowych. Maksima odnalezione w sygnale przefiltrowanym sprawdzano w odniesieniu do sygnału początkowego, otrzymując wartości ostateczne. Miejsca, w których oznaczono wartości maksymalne są miejscami, w których wykryto załamek R.

Działanie omawianego algorytmu na przykładowym sygnale zostało przedstawione na Rys.25. Górna ilustracja przedstawia fragment oryginalnego sygnału, środkowa tenże fragment po filtracji, natomiast dolna - obwiednię sygnału wraz z wyznaczonym progiem.



Rysunek 25: Rezultat działania poszczególnych etapów algorytmu.

W rezultacie działania algorytmu generowane są numery próbek, dla których wykryto załamki R. Przykładowy wynik tego procesu, czyli oryginalny sygnał wraz z oznaczonymi załamkami R, przedstawiono na Rys.26.



Rysunek 26: Oryginalny sygnał wraz z oznaczonymi wykrytymi załamkami R.

4.3 Implementacja w języku C++

Algorytm utworzony w języku C++ został oparty o prototyp stworzony w środowisku Matlab. Jednakże, do rozwiązania zaimplementowanego w tym języku dodano kilka części.

Pierwszą częścią programu jest wczytywanie pliku .csv. Po uruchomieniu programu użytkownik ma za zadanie wpisanie pełnej nazwy pliku, wraz z rozszerzeniem. Wybrany plik zostaje wczytany, co skutkuje pojawieniem się komunikatu "Wczytano dane z pliku". W sytuacji, gdy zostanie podana nieodpowiednia nazwa, wyświetlony zostaje odpowiedni komunikat oraz następuje zamknięcie aplikacji. Jeśli nazwa pliku została wpisana prawidłowo, program daje możliwość wyboru sygnałów, które są zapisane w tym pliku.

Po wpisaniu oraz zatwierdzeniu wyboru sygnału, program przystępuje do obliczania macierzy współczynników filtra. Dalsze kroki algorytmu są analogiczne do opisanych w rozdziale o prototypie w środowisku Matlab.

Algorytm po kolei dokonuje filtracji sygnału z użyciem wyznaczonych współczynników, oblicza próg oraz obwiednię sygnału i ostatecznie oblicza maksima odpowiadające załomkom R. Po zakończeniu każdego z wymienionych etapów użytkownik dostaje informację w postaci komunikatu.

Sygnał przefiltrowany, obwiednia oraz wykryte załamki są zapisywane do plików .csv. Nazwy tych plików generowane są według schematu: nazwaplikuoryginalnegoF.csv dla sygnału po filtracji, nazwaplikuoryginalnegoE.csv dla obwiedni, nazwaplikuoryginalnegoR.csv dla wykrytych załamków R.

W celu walidacji zaimplementowanego algorytmu, przetestowano go z użyciem sygnałów z bazy MIT-BIH Arrhythmia Database. Numery próbek, dla których program wykrył załamki R były konfrontowane ze wzorcami. Na tej podstawie obliczono dla każdego z sygnałów wartości parametrów: dokładności, czułości oraz precyzji. Wyniki zostały zebrane w rozdziale "Porównanie wyników".

Zaproponowany algorytm spełniał swoją funkcję i w przeważającej większości przypadków charakteryzował się skutecznością, czułością oraz precyzją na poziomie powyżej 80%, a nawet 90%.

Wartość progu wyznaczana jest na podstawie parametru λ , który powinien znajdować się w przedziale od 0.1 do 0.17, oraz maksimum sygnału. Pomimo tego, iż przyjęto najniższą możliwą wartość parametru λ , czyli 0.1, w niektórych sygnałach detekcja nie przebiegła w sposób prawidłowy. Wiąże się to z faktem, iż w takich sygnałach występowały większe piki, przez co próg był zbyt duży.

W związku z tym, zasadna byłaby zmiana metody obliczania progu. Przykładowo, sygnał mógłby zostać podzielony na części, w których byłyby obliczane maksima. W ten sposób pojedynczy większy pik odstający od pozostałych nie wpływałby w tak istotny sposób na jakość detekcji.

Literatura

- [1] Pornchai Phukpattaranont: *QRS detection algorithm based on quadratic filter*, Expert Systems with Applications, 2015, Vol. 42, Issue 11, pp. 4867-4877.

5 Dynamic Plosion Index

5.1 Wprowadzenie

Detektor zespołów QRS w sygnale elektrokardiograficznym ma za zadanie znaleźć charakterystyczne ewolucje związane z faktem depolaryzacji komórek serca. Najczęściej detektory zwracają indeksy próbek sygnału, które wyznaczają wystąpienie danego zjawiska. Depolaryzacja komórek jest zjawiskiem elektrofizjologicznym powodującym skurcz mięśnia sercowego oraz pompowanie krwi do aorty oraz do pnia płucnego. Algorytmom do detekcji QRS stawia się szereg założeń. Przede wszystkim powinien on oznaczać jedynie zespoły QRS. Co więcej każdy z zespołów QRS powinien być oznaczony dokładnie jeden raz. Dodatkowo wyznaczony przez detektor punkt powinien leżeć w obrębie zespołu QRS oraz dla identycznych dwóch zespołów odległość punktu od początku zespołu QRS powinna być taka sama. Analiza sygnału EKG w kontekście wyznaczania zespołów QRS jest utrudniona ze względu na możliwość wystąpienia zespołów o różnej morfologii. Częstym problemem w analizie sygnału jest również zjawisko pływania izolinii oraz przydźwięki pochodzące od sieci elektrycznej.

Pierwotnym zastosowaniem metody Dynamic Plosion Index (DPI) była detekcja epok w sygnale mowy, która została opisana w [1]. Metoda pozwala na wyznaczenie lokalnej cechy czasowej sygnału w oparciu o sąsiadujące próbki. Ze względu na podobieństwa dynamiki sygnału mowy oraz elektrokardiograficznego zastosowano modyfikację DPI do wykrywania zespołów QRS. Proponowane rozwiązanie jest metodą detekcji bezprogowej. Jest to szczególnie ważne, gdy algorytm ma działać poprawnie dla różnych urządzeń i w różnych środowiskach akwizycji sygnału EKG.

5.2 Opis algorytmu

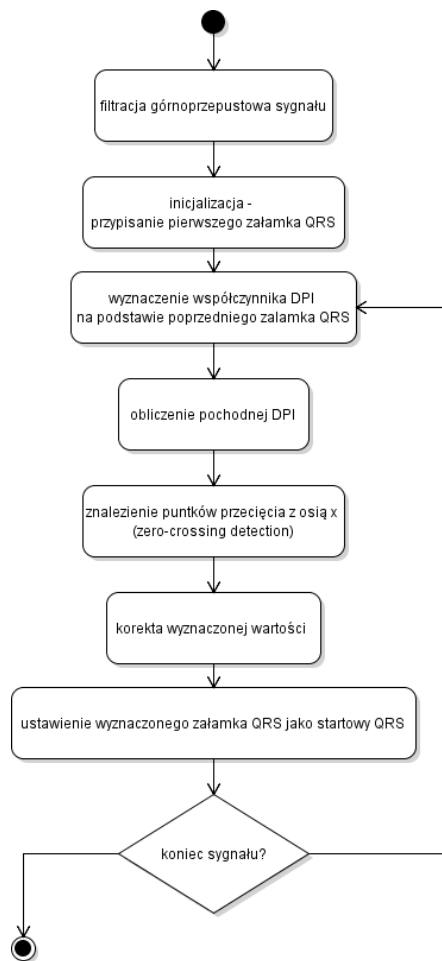
Zaproponowana metoda [2] składa się z dwóch głównych etapów. Pierwszym z nich jest wstępne przetwarzanie polegające na przefiltrowaniu EKG filtrem górnoprzepustowym oraz na jednopółkowym wyprostowaniu sygnału (ang. *half-wave*). Głównym krokiem algorytmu jest sekwencyjna lokalizacja kolejnych zespołów QRS na podstawie Dynamic Plosion Index wyliczanego od punktu należącego do poprzedniego zespołu. Schemat algorytmu przedstawiono na diagramie (Rys.27).

5.2.1 Przetwarzanie wstępne sygnału

Przed operacją właściwej detekcji zespołów QRS zazwyczaj dokonuje się filtracji pasmowo przepustowej z częstotliwościami odcięcia 8 do 20 Hz (30 Hz). Autorzy metody proponują wykorzystanie jedynie filtracji górnoprzepustowej z częstotliwością odcięcia równą 8 Hz. Zaproponowano filtrację w dziedzinie częstotliwości z wykorzystaniem narastającej funkcji cosinus w przedziale 0 do f_c . Filtr w dziedzinie częstotliwości można przedstawić jako:

$$H(f) = \begin{cases} [0.5 - 0.5 \cdot \cos(\pi f / f_c)] & 0 \leq f \leq f_c \\ 1 & f_c < f \leq f_s/2 \end{cases} \quad (27)$$

Filtrację górnoprzepustową zaimplementowano zarówno w środowisku MATLAB jak i w C++. Metoda filtracji w dziedzinie częstotliwości wymaga przeprowadzenia szybkiej transformaty Fouriera oraz transformacji odwrotnej. W środowisku MATLAB wykorzystano wbudowane funkcje *fft* oraz *ifft*. W przypadku implementacji w C++ wykorzystano funkcje szybkiej transformaty Fouriera oraz transformacji odwrotnej dostępne w bibliotece Eigen. Drugim etapem wstępnego przetwarzania jest usunięcie składowych o wartościach ujemnych i pozostawienie tylko dodatnich



Rysunek 27: Schemat działania bezprogowego algorytmu detekcji zespołów QRS opartego o Dynamic Plosion Index

wartości przefiltrowanego sygnału EKG. Prostowanie jednopółkowe może wprowadzać komplikacje w przypadku ujemnego zespołu QRS, który występuje na przykład dla odprowadzenia aVR. Autorzy zakładają, że amplituda załamka S jest wówczas wystarczająca aby wyznaczyć pozycję zespołu QRS.

5.2.2 Plosion Index

Plosion Index (PI) jest parametrem, który leży u podstawy opisywanej metody. Jego działanie polega na obliczeniu stosunku wartości bezwzględnej aktualnej próbki $s(n_0)$ do wartości średniej próbek z zadanego przedziału $(m_1 - m_2)$ [1]. W przypadku sygnały EKG wysoka wartość współczynnika PI będzie wyznaczać miejsce poszukiwanego zespołu. Wówczas uśredniany przedział $(m_1 - m_2)$ będzie zawierał próbki izolinii lub część załamka T. Formalną definicję Plosion

Index można przedstawić jako:

$$PI(n_0, m_1, m_2) = \frac{|s(n_0)|}{s_{avg}(n_0, m_1, m_2)} \quad (28)$$

$$\text{gdzie } s_{avg}(n_0, m_1, m_2) = \frac{\sum_{i=n_0+m_1+1}^{i=n_0+m_1+m_2} |s(i)|}{m_2} \quad (29)$$

Wartości m_1 oraz m_2 są dobierane zależnie od jakości sygnału oraz charakteru analizowanych zjawisk. Plosion Index nie jest używany w tej postaci w przedstawianym algorytmie.

5.2.3 Dynamic Plosion Index

Rozwinięciem wcześniej omówionego parametru jest Dynamic Plosion Index (DPI). Można stwierdzić, że algorytm ten to sekwencje wyznaczonych współczynników PI dla następujących po sobie wartości m_2 , przy stałej wartości m_1 . Dodatkowo wprowadzono niewielką modyfikację równania (3). Wyliczane wartości sumy są dzielone przez $m_2^{1/p}$, co wprowadza nieliniowe skalowanie współczynników PI w funkcji odległości od punktu startowego n_0 . Modyfikacja wprowadza wzmocnienie pików znajdujących się bliżej punktu n_0 .

$$s'_{avg}(n_0, m_1, m_2) = \frac{\sum_{i=n_0+m_1+1}^{i=n_0+m_1+m_2} |s(i)|}{m_2^{1/p}}, p > 1 \quad (30)$$

5.2.4 Wyznaczanie pozycji załamków QRS

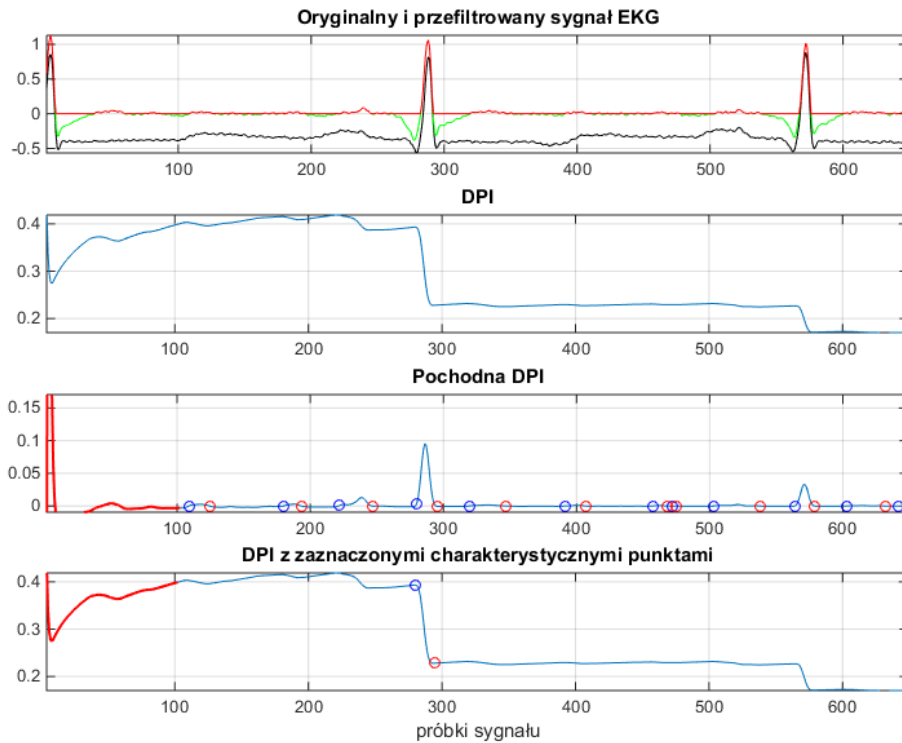
Inicjalizacja Prezentowany detektor QRS działa sekwencyjnie w oparciu o bieżącą pozycję ostatniego zespołu. W pierwszym obrocie pętli zakłada się pozycję QRS w 5 próbkę sygnału. Arbitralne przypisanie pozycji pierwszego zespołu QRS jest pod koniec analizy usuwane.

Wyznaczenie współczynnika DPI Dla zadanego okna wyliczana jest wartość współczynnika DPI. Wartość m_1 ustawiono na wartość -4, przy czym autorzy artykułu [2] zaproponowali wartość -2. Oznacza to, że współczynniki DPI będą wyznaczone począwszy od zespołu QRS zawierając sam załamek R (przesunięcie o 4 próbki w lewo). Parametr m_2 jest wprowadzany przez użytkownika jako okno obliczeń. W przypadku analizy QRS dobrano wartość 1800ms, co odpowiada w przybliżeniu maksymalnej wartości odstępu R-R (rytm 35 uderzeń na minutę). Współczynniki DPI są wyznaczone zatem dla przedziału 0 do 1800ms na podstawie przefiltrowanego i wyprostowanego jednopółwkowo sygnału EKG. Wynikiem obliczeń jest charakterystyczny przebieg DPI w postaci kaskadowych dolin, co zostało przedstawione na Rys. 28.

Analiza pochodnej DPI

Najważniejszy w kontekście znalezienia zespołu QRS jest wyraźny przeskok góra-dolina w DPI (ang. *peak-valley*). W celu wyznaczenia lokalizacji tego obszaru wylicza się prostą pochodną DPI. Następnie wyznacza się punkty przecięcia pochodnej z zero oraz grupuje się te punkty ze względu na polaryzację zbocza (ang. *positive and negative zero-crossing*).

Parametr swing Wyznaczone ekstrema przebiegu DPI są w dalszej części analizowane w celu znalezienia maksymalnego zbocza. Wylicza się dla każdej pary punktów o dodatnim i ujemnym zboczu pochodnej prosty parametr - swing. Jest on wartością bezwzględną różnicy odpowiednich wartości DPI. W ten sposób wyznacza się parę góra-dolina, która reprezentuje region występowania zespołu QRS.



Rysunek 28: Przebieg sygnału, parametru DPI oraz pochodnej DPI dla analizowanego okna

Korekta lokalizacji QRS Ostatnim etapem analizy jest poprawa wyznaczonego położenia zespołu QRS na podstawie wartości bezwzględnej oryginalnego sygnału EKG przefiltrowanego górnoprzepustowo z granicą odcięcia 2 Hz. Zastosowanie wartości bezwzględnej pozwala wyznaczyć położenie załamka R również w przypadku jego odwrócenia. Często w algorytmie wykorzystuje się okno o długości $\pm 285ms$, co odpowiada minimalnemu interwałowi R-R (210 uderzeń na minutę) Lokalizacja zespołu QRS staje się punktem startowym dla kolejnej iteracji algorytmu.

5.3 Implementacja algorytmu

W ramach projektu zaimplementowano prototyp algorytmu detekcji zespołów QRS z wykorzystaniem Dynamic Plosion Index w środowisku MATLAB. Wykazano w raporcie cząstkowym wysoką skuteczność oraz czułość detekcji. Kolejnym etapem była implementacja w języku C++. Ze względu na potrzebę wykonania licznych operacji macierzowych zdecydowano się wykorzystać bibliotekę Eigen [3]. Podczas implementacji zwracano uwagę na wektoryzację metod. Wykorzystano system kontroli wersji Git oraz platformę Github do zarządzania projektem [4]. Zaimplementowany detektor wraz z prototypem jest dostępny pod adresem: <https://github.com/wegrzyn/dpi-ecg>.

5.3.1 Funkcje wejścia-wyjścia

W pierwszej fazie wykorzystano funkcje `rdsamp` oraz `rdann` z PhysioNet w celu przepisania plików binarnych z sygnałami do plików tekstowych. Następnie zaimplementowano w C++ funkcje odczytu plików (`readRecording`, `readAnnotation`) z sygnałami. Tworzą one wektorowe struktury danych, które następnie są przetwarzane w kolejnych krokach algorytmu. Końcowym krokiem analizy jest wyznaczenie indeksów położenia zespolów QRS. Indeksy te są zapisywane do pliku tekstowego z rozszerzeniem `.dpi`.

5.3.2 Funkcje pomocnicze

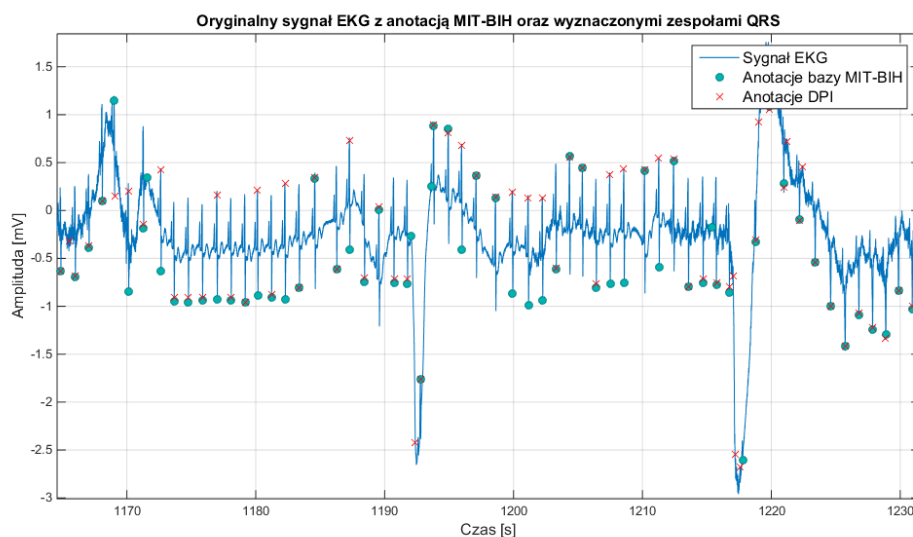
W ramach implementacji algorytmu w C++ przygotowano liczne funkcje pomocnicze. Opracowano funkcję splotu (`convolve`), wygładzenia (`smooth`), prostej pochodnej (`derivative`). Zaimplementowano również funkcjonalność *find* czyli znalezienie indeksów wszystkich 1 w wektorze logicznym (`findIndices`). Opracowano również metodę znajdowania punktów przecięcia sygnału z osią 0 (`zeroCrossing`). Przygotowano również funkcję filtracji górnoprzepustowej w dziedzinie częstotliwości (`hpf`).

5.3.3 Główne funkcjonalności

Całość metody detekcji zespolów QRS można zrealizować wywołując funkcję `dpiBasedQrs-Detector`. Realizuje ona wszystkie kroki algorytmu, a jej wyjściem są położenia poszukiwanych zespolów. Opracowano funkcję wyliczającą parametr swing opisany w artykule [1]. Dodano także kilka zabiegów poprawiających położenie końcowych punktów detekcji (`improveComplex`).

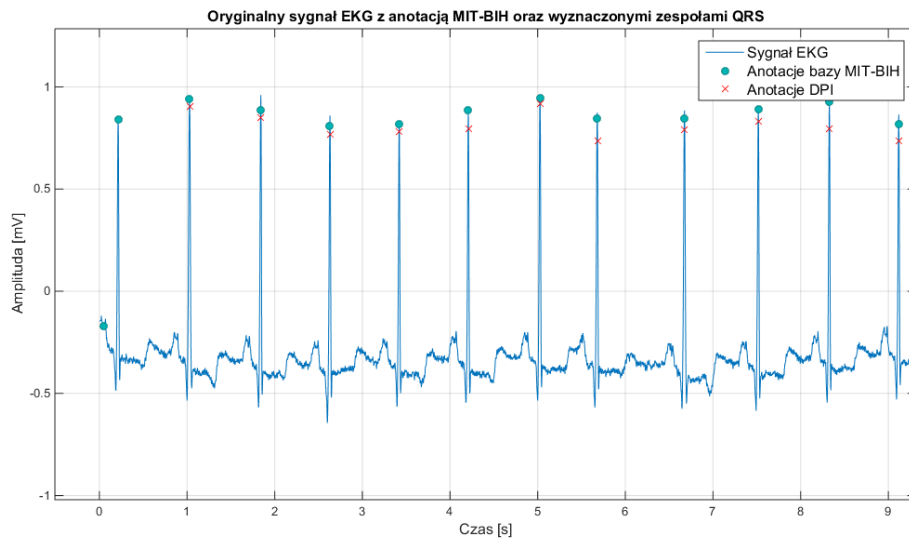
5.4 Detekcja zespołów QRS w sygnałach bazy MIT-BIH

Zaimplementowany algorytm został przetestowany na sygnałach pochodzących z arytmicznej bazy MIT-BIH [5]. Porównano wyznaczone punkty detekcji QRS w odniesieniu do dostępnych anotacji (Rys.29). Podczas porównania wykorzystano parametr okna, który określał akceptowalny błąd detekcji. Parametr ustawiono na 36 próbek, co odpowiada 100ms. Zgodnie z dokumentacją funkcji walidacyjnej bxb udostępnianej przez PhysioNet wartość ta może być zwiększona nawet do 150ms.



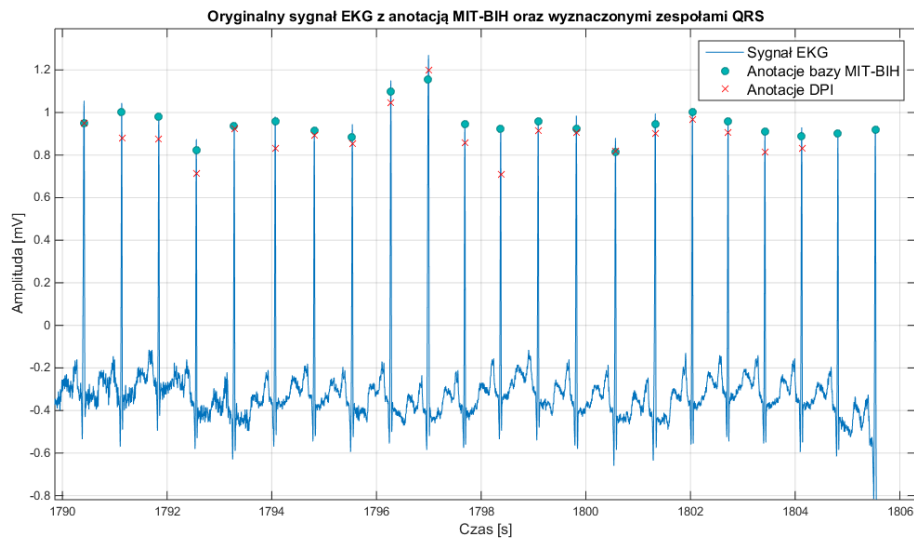
Rysunek 29: Fragment zapisu sygnału EKG wraz z anotacją z bazy MIT-BIH oraz wyznaczonymi zespołami QRS [208.dat]

Ze względu na specyfikę algorytmu DPI utrudnione jest znalezienie pierwszego zespołu QRS w sygnale. Dla przyjętego okna analizy warunki detekcji spełniał dopiero kolejny QRS, co można zaobserwować na Rys.30.



Rysunek 30: Początkowy fragment zapisu sygnału EKG wraz z anotacją z bazy MIT-BIH oraz wyznaczonymi zespołami QRS [100.dat]

Można także zauważyć, że algorytm nie wykrywał dwóch ostatnich zespołów QRS sygnału elektrokardiograficznego (Rys.31). W założeniu metoda wymaga istnienia określonej liczby próbek w czasie sygnału ze względu na przyjęte okno analizy (1800 ms).



Rysunek 31: Końcowy fragment zapisu sygnału EKG wraz z anotacją z bazy MIT-BIH oraz wyznaczonymi zespołami QRS [100.dat]

5.5 Ocena statystyczna detektora opartego o Dynamic Plosion Index

Dokonano również oszacowania skuteczności oraz czułości prototypu dla przykładowych sygnałów przy założeniu akceptowanego błędu równego 40 próbek. Wyniki zebrano w Tabelach 1-2.

Tablica 1: Średnia skuteczność oraz czułość detekcji dla bazy MIT-BIH

Nagrania MIT-BIH	Skuteczność [%]	Czułość[%]	Precyzja[%]
100 - 234	95,88	96,35	99,48

Literatura

- [1] A. P. Prathosh, T. V. Ananthapadmanabha, and A. G. Ramakrishnan. Epoch extraction based on integrated linear prediction residual using plosion index. *IEEE Transactions on Audio, Speech, and Language Processing*, 21(12):2471–2480, Dec 2013.
- [2] A. G. Ramakrishnan, A. P. Prathosh, and T. V. Ananthapadmanabha. Threshold-independent qrs detection using the dynamic plosion index. *IEEE Signal Processing Letters*, 21(5):554–558, May 2014.
- [3] Gaël Guennebaud, Benoît Jacob, et al. Eigen v3. <http://eigen.tuxfamily.org>, 2010.
- [4] P. Węgrzynowicz and A. Zadło. dpi-ecg. <https://github.com/wegrzyn/dpi-ecg>, 2017.
- [5] A. L. Goldberger, L. A. N. Amaral, L. Glass, J. M. Hausdorff, P. Ch. Ivanov, R. G. Mark, J. E. Mietus, G. B. Moody, C.-K. Peng, and H. E. Stanley. Physiobank, physiotoolkit, and physionet: Components of a new research resource for complex physiologic signals. *Circulation*, 101(23):e215–e220, 2000.

6 Mathematical Morphology

6.1 Cel projektu

Celem projektu była implementacja algorytmu umożliwiającego wykrywanie zespołów QRS w sygnale EKG za pomocą matematycznych przekształceń morfologicznych.

6.2 Przekształcenia morfologiczne

Matematyczne przekształcenia morfologiczne umożliwiają analizę nieliniowego sygnału wykorzystując informacje o ich kształcie. Operacje morfologiczne wykorzystują elementy strukturalne, które najczęściej reprezentowane są przez proste kształty geometryczne, używane do detekcji sygnałów o podobnej charakterystyce. Do podstawowych przekształceń morfologicznych zalicza się operatory opisane poniżej wzorami (31),(32),(33),(34) [1].

Dylatacja:

$$f \oplus g(n) = \max(f(n-i) + g(i)) \quad (31)$$

Erozja:

$$f \ominus g(n) = \min(f(n+i) - g(i)) \quad (32)$$

Otwarcie:

$$f \circ g(n) = f \oplus g(\ominus g)(n) \quad (33)$$

Zamknięcie:

$$f \bullet g(n) = f \ominus g(\oplus g)(n) \quad (34)$$

6.3 Filtracja sygnału

W celu filtracji sygnału zastosowano filtr oparty o matematyczne przekształcenia morfologiczne. Pierwszym etapem filtracji była korekcja linii bazowej sygnału poprzez usunięcie linii dryfu z tła oryginalnego sygnału. W tym celu zastosowano przekształcenie otwarcia na sygnale wejściowym z elementem strukturalnym B_o w celu usunięcia "pików" w sygnale. Kolejnym etapem było zastosowanie przekształcenia zamknięcia z elementem strukturalnym B_c mające na celu usunięcie "dolin" w uzyskanym przebiegu. W wyniku opisanych przekształceń otrzymano linię dryfu f_b , co opisane jest wzorem (35).

$$f_b = f_o \circ B_o \bullet B_c \quad (35)$$

Ostatnim etapem korekcji było usunięcie linii dryfu z sygnału wejściowego, co uzyskano poprzez odjęcie linii dryfu od sygnału oryginalnego, co wyraża się wzorem (36).

$$f_{bc} = f_o - f_b \quad (36)$$

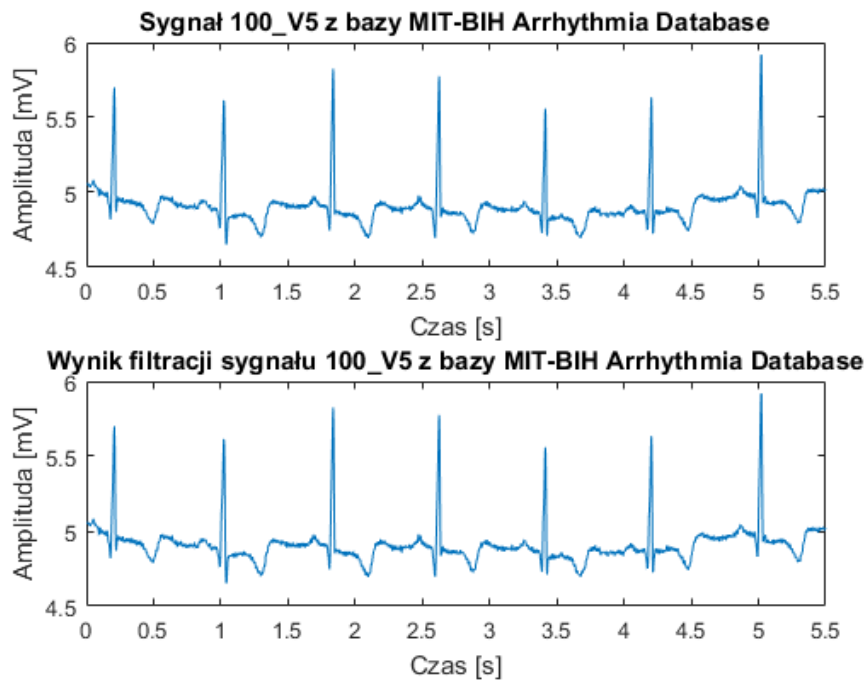
Elementy strukturalne B_o, B_c wykorzystane w operacji otwarcia i zamknięcia to dwie poziome linie o różnej długości, służące do detekcji linii dryfu. Długość elementów strukturalnych zależy od czasu trwania (szerokości) załamków sygnału EKG oraz częstotliwości próbkowania sygnału. Długość elementu B_c musi być większa od długości elementu B_o . Czas trwania charakterystycznych załamków P, T, QRS jest zazwyczaj mniejszy niż 0.2s, dlatego długość elementu B_o jest obliczana jako $0.2F_s$ (gdzie F_s to częstotliwość próbkowania). Długość elementu B_o najczęściej przyjmuje się jako $1.5L_o$ (gdzie L_o to długość elementu strukturalnego B_o) [2].

Kolejnym etapem filtracji było tłumienie szumu w sygnale. W tym celu zastosowano przekształcenia otwarcia i zamknięcia, a następnie uśredniono wynik. W przekształceniach wykorzystano parę elementów strukturalnych $B_{pair} = \{B_1, B_2\}$, gdzie $B_1 \neq B_2$. Opisane przekształcenia wyraża wzór (37) [2].

$$f = \frac{1}{2} (f_{bc} \bullet B_{pair} + f_{bc} \circ B_{pair}) = \frac{1}{2} (f_{bc} \oplus B_1 \ominus B_2 + f_{bc} \ominus B_1 \oplus B_2) \quad (37)$$

Elementy B_1, B_2 różnią się kształtem, ale przyjmują taką samą długość. B_1 ma kształt trójkąta i znajduje zastosowanie w detekcji "wzniesień" i "dolin" w sygnale takich jak np. załamki QRS. Element B_2 ma kształt poziomej linii i wykorzystywany jest do usuwania szumu z sygnału. W proponowanym rozwiązaniu przyjęto elementy strukturalne o długości 5 i wartościach $B_1 = (0, 1, 5, 1, 0)$ oraz $B_2 = (0, 0, 0, 0, 0)$.

Efekt filtracji przedstawiono na Rys. 32.



Rysunek 32: Wynik filtracji z użyciem filtru morfologicznego.

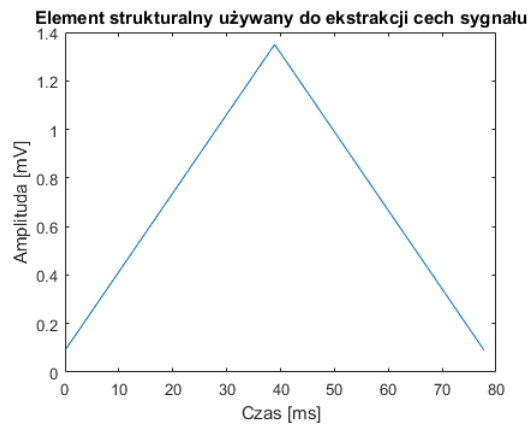
6.4 Detekcja załamków QRS

Pierwszym etapem detekcji zespołu QRS w sygnale EKG, było wyeksponowanie "wzniesień" i "dolin" sygnału, reprezentujących załamki Q, R, S. W tym celu zastosowano kombinację transformacji Top hat i Bottom hat. Transformacja Top hat polega na odjęciu od sygnału oryginalnego wyniku operacji otwarcia tego sygnału. Pozwala to na wykrycie maksimum sygnału. Z kolei transformacja Bottom hat polega na odjęciu sygnału po jego zamknięciu. Dzięki temu wykrywa się minima [3]. Połączenie tych dwóch operacji pozwala otrzymać na wyjściu wyekstrahowane

cechy sygnału (maksima i minima), wskazujące miejsce występowania załamków Q, R, S [1]. Przekształcenie wyraża się wzorem (38).

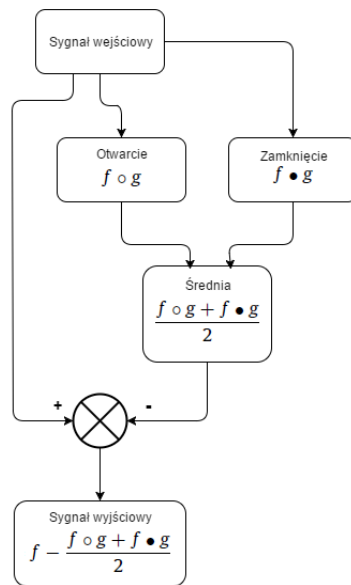
$$FS = f - \frac{f \circ g + f \bullet g}{2} \quad (38)$$

Odpowiednio f oznacza sygnał wejściowy, a g element strukturalny użyty w przekształceniach morfologicznych. Kształt elementu strukturalnego g dobrano tak, aby przypominał zespół QRS. W uproszczony sposób można go potraktować jako trójkąt. Szerokość elementu to czas trwania zespołu QRS mieszczący się w normie, czyli 80,6 ms. Amplituda elementu jest dobierana dla każdego sygnału indywidualnie jako różnica między maksimum i minimum znalezionym w sygnale w ciągu pierwszych 2 sekund trwania sygnału. Element strukturalny wygenerowany dla sygnału 100_MLII z bazy MIT-BIH Database Arrhythmia został pokazany na Rys. 33.

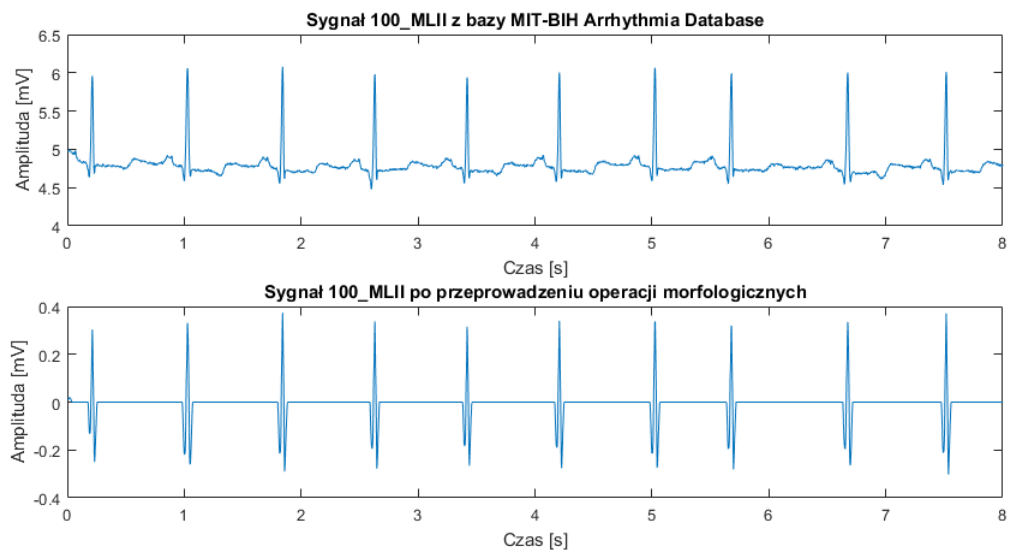


Rysunek 33: Element strukturalny użyty do ekstrakcji cech.

Na Rys. 34 przedstawiono schemat działania algorytmu służącego do ekstrakcji cech. Wynikiem działania przekształceń morfologicznych jest sygnał, który przedstawia jedynie wykryte "wzniesienia" i "doliny", co pokazano na Rys. 35.

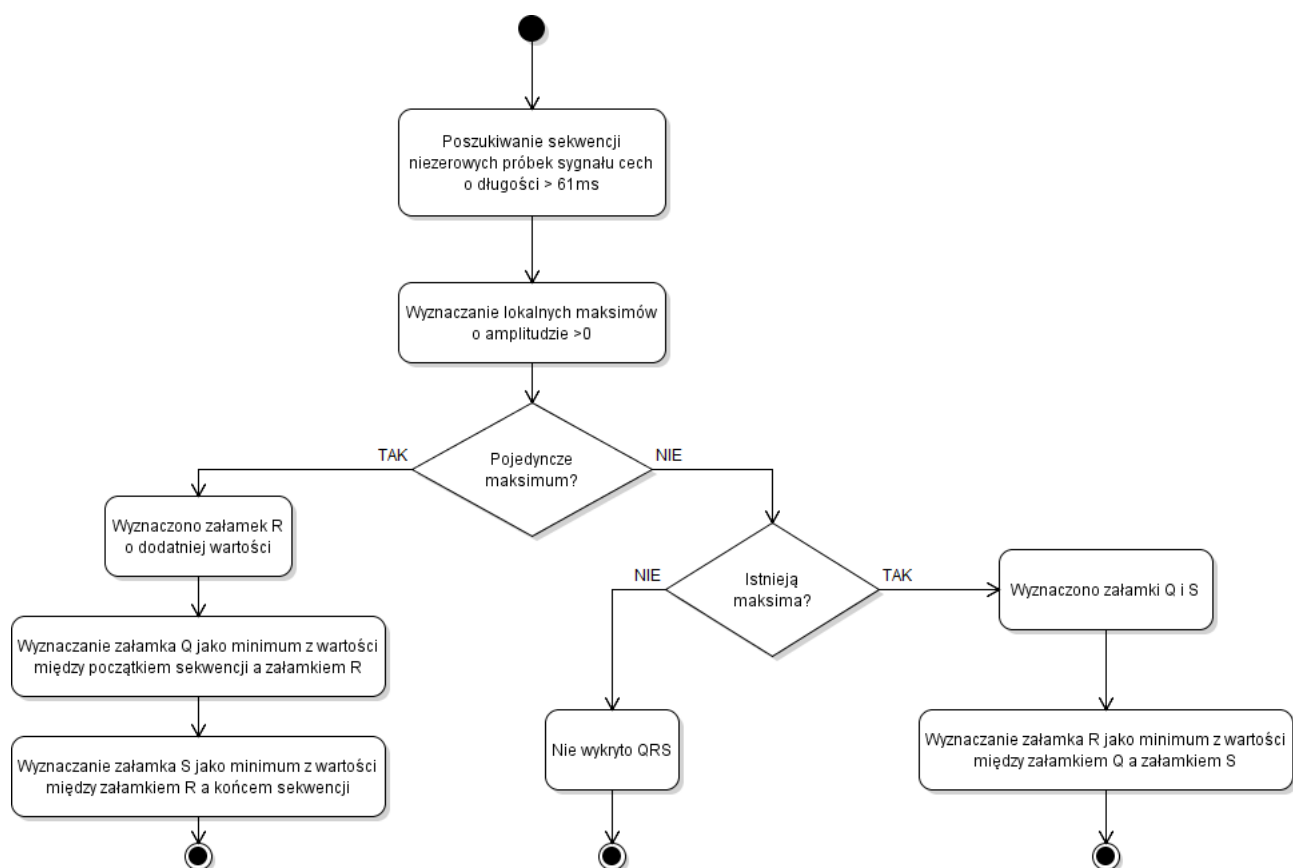


Rysunek 34: Schemat działania algorytmu ekstrakcji cech.



Rysunek 35: Wynik działania przekształceń morfologicznych

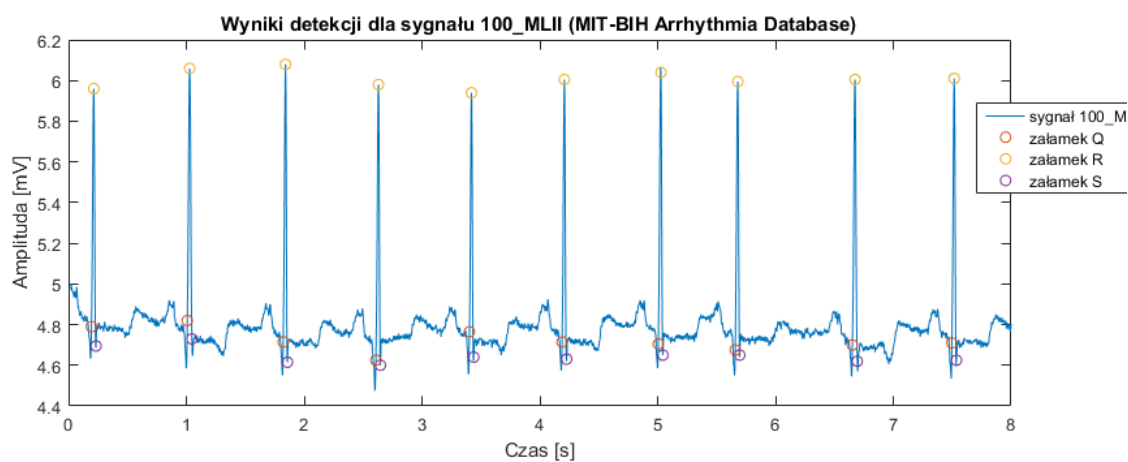
Kolejnym etapem po ekstrakcji cech sygnału była ich odpowiednia interpretacja. Wynik operacji morfologicznych nie jest całkowicie wolny od błędów. Sygnał przyjmuje wartość zero dla próbek nie należących w obrębie zespołów QRS, a wartości dodatnie lub ujemne dla zespołów QRS. Zdarzają się jednak krótkie niezerowe sekwencje będące wynikiem zakłóceń oraz wartości równe 0 w obrębie QRS. Dlatego w pierwszym kroku wyszukiwane są sekwencje niezerowych próbek sygnału cech o długości większej niż 61 ms (zakładając czas trwania prawidłowych zespołów QRS mieści się w zakresie 60-120ms). Założono także, że w sekwencji mogą pojawić się wartości 0, ale nie więcej niż 3 pod rząd. Następnie w każdej wyznaczonej sekwencji obliczane są lokalne maksima o amplitudzie większej niż 0. Jeżeli zostanie wyznaczone pojedyncze maksimum, utożsamiane jest ono z załamkiem R, a następnie wykrywany jest załamek Q jako minimum z wartości między początkiem sekwencji a załamkiem R. W podobny sposób wykrywany jest załamek S, jako minimum z wartości między załamkiem R a końcem sekwencji. W przypadku nie wykrycia pojedynczego maksimum lokalnego, algorytm sprawdza, czy istnieją jakiekolwiek maksima w wyznaczonej sekwencji, jeżeli nie, to załamek QRS nie jest wykrywany. W przeciwnym razie jeżeli istnieją maksima lokalne to wyznaczane są załamki Q,S, a załamek R obliczany jest jako minimum z wartości pomiędzy załamkiem Q a załamkiem S. Schemat opisanej metody przedstawiony jest na Rys.36.



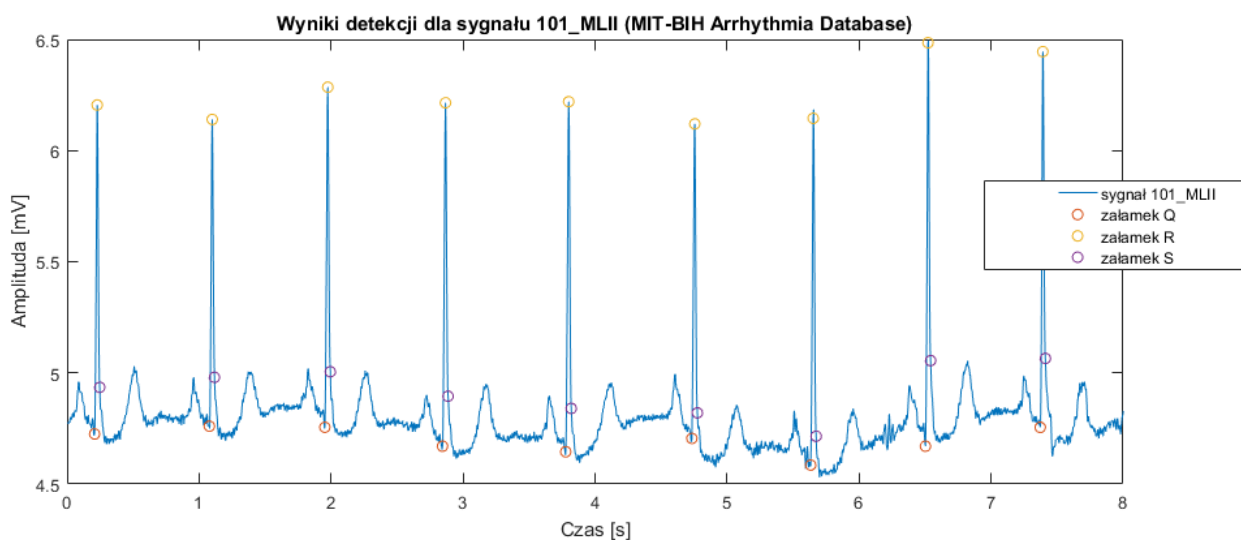
Rysunek 36: Schemat decyzji

6.5 Wyniki detekcji

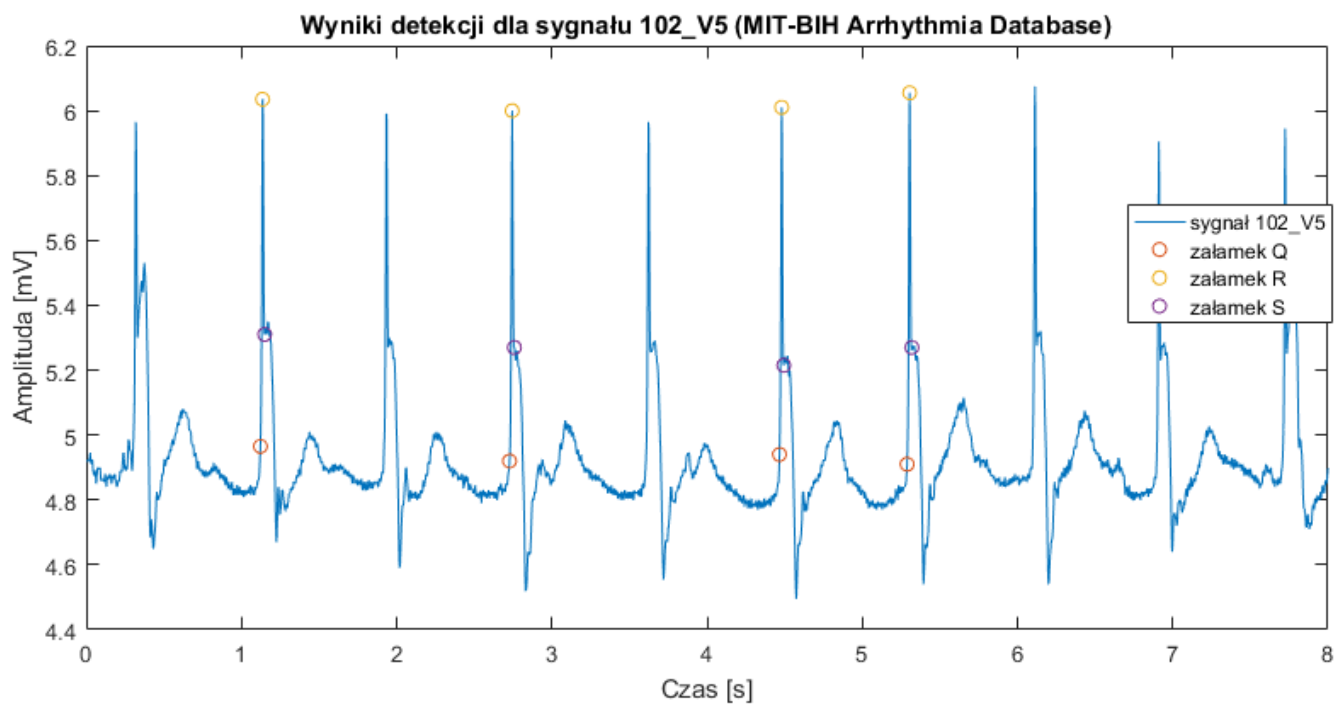
W celu implementacji algorytmu do wykrywania zespołów QRS użyto środowiska MATLAB. Badane sygnały EKG pochodzą z ogólnodostępnej bazy MIT-BIH Arrhythmia Database. Poniżej na Rys.37-40 przedstawiono wyniki wykrywania załamków QRS metodą morfologicznych przekształceń.



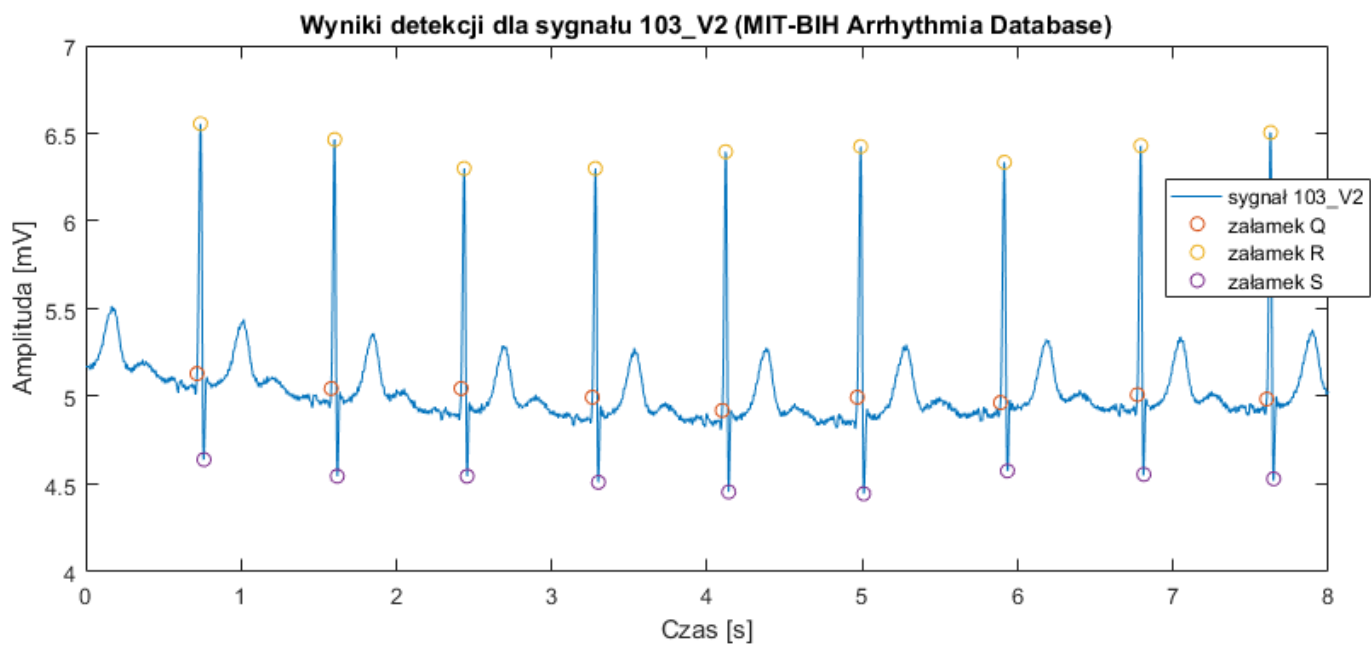
Rysunek 37: Wynik detekcji dla sygnału 100(MLII).



Rysunek 38: Wynik detekcji dla sygnału 101(MLII).



Rysunek 39: Wynik detekcji dla sygnału 102(V5).



Rysunek 40: Wynik detekcji dla sygnału 103(V2).

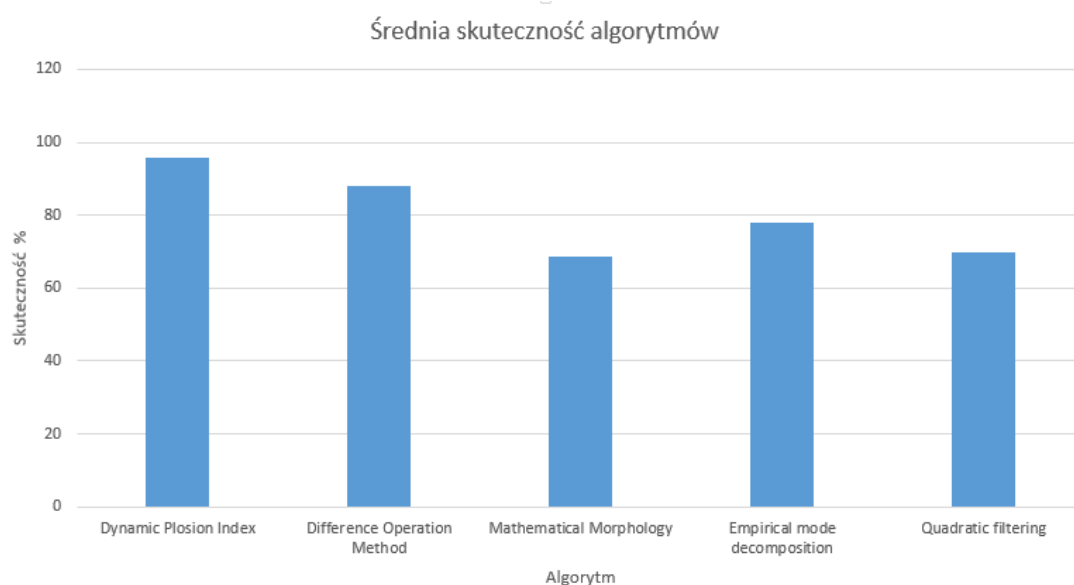
Literatura

- [1] S. Yazdani, J.-M. Vesin. *Extraction of QRS fiducial points from the ECG using adaptive mathematical morphology*. Digital Signal Processing, 56 (2016): 100-109.
- [2] S.M. Krishnan, K.C. Keong, S. Yan, C.K. Luk. *ECG Signal Conditioning by Morphological Filters*. Springer 2007.
- [3] P.E. Trahanias. *An approach to QRS complex detection using mathematical morphology*. IEEE Transactions on Biomedical Engineering 40.2 (1993): 201-205.

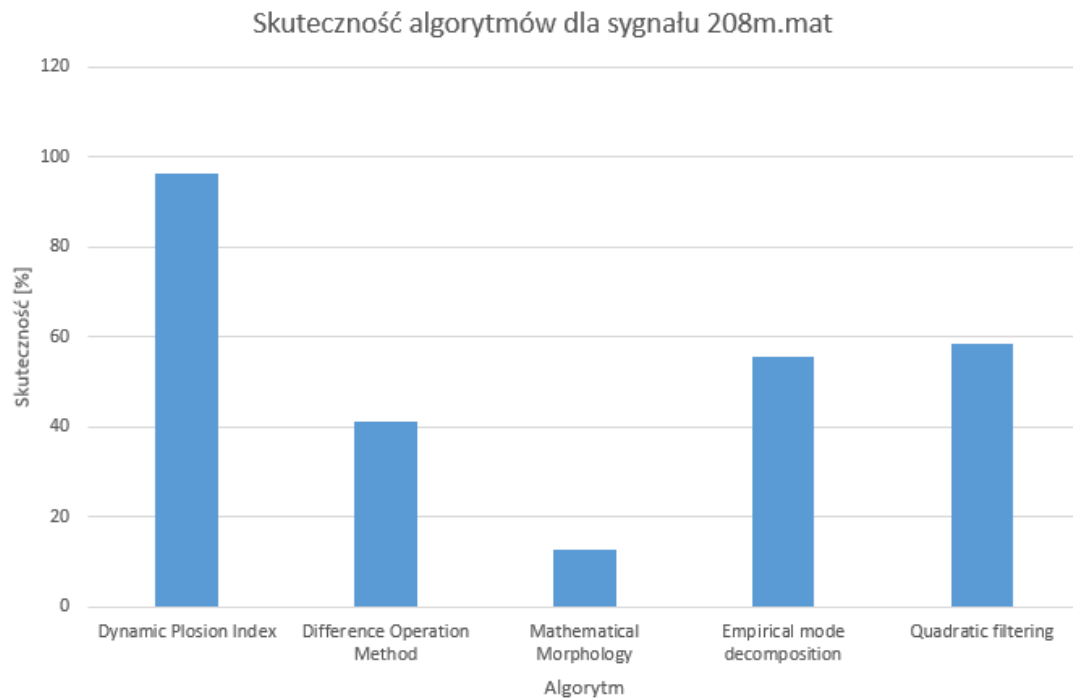
7 Porównanie wyników

Dla każdego algorytmu wyznaczono wartości parametrów skuteczności, czułości oraz precyzji dla wszystkich sygnałów dostępnych w bazie MIT. Następnie wyznaczono wartości średnie oraz porównano wyżej wymienione parametry dla wszystkich algorytmów. Wyniki przedstawiono na wykresach oraz tabelach.

Pierwszym parametrem, który porównywano była skuteczność algorytmów. Najskuteczniejszym okazał się być algorytm Dynamic Plosion Index, natomiast najmniej skutecznym – Mathematical Morphology. Analogiczne wyniki skuteczności otrzymano dla sygnału 208m.mat, który ma niestandardowy przebieg. Rys.41 oraz 42.

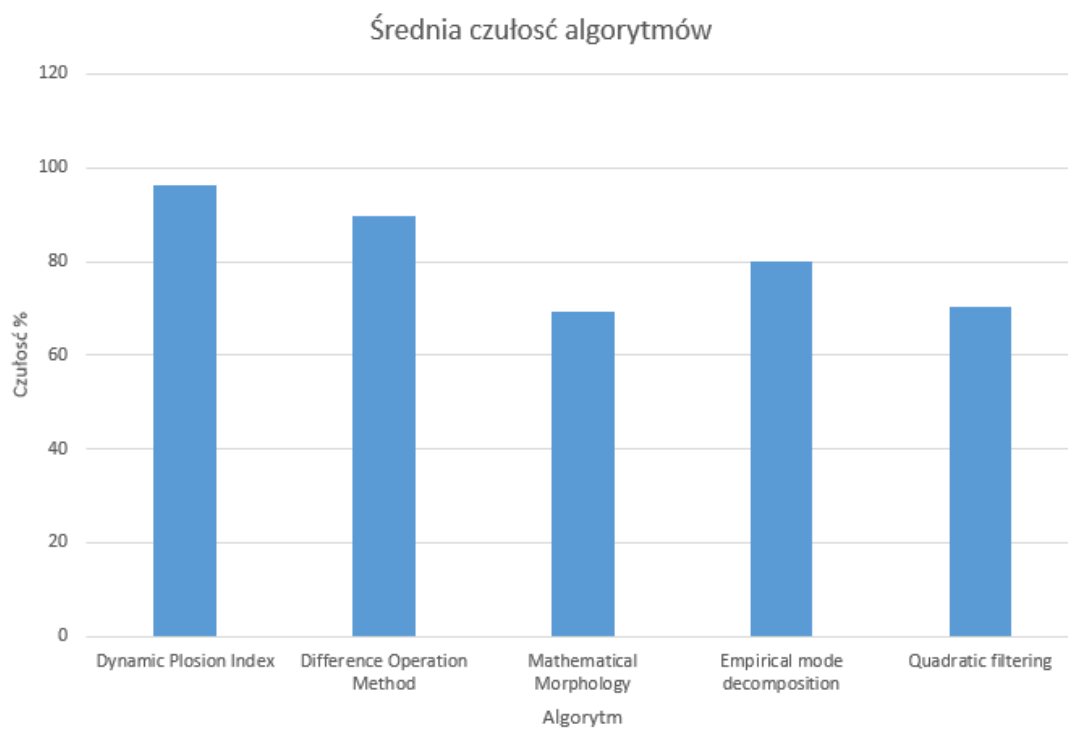


Rysunek 41: Średnia skuteczność algorytmów [%].

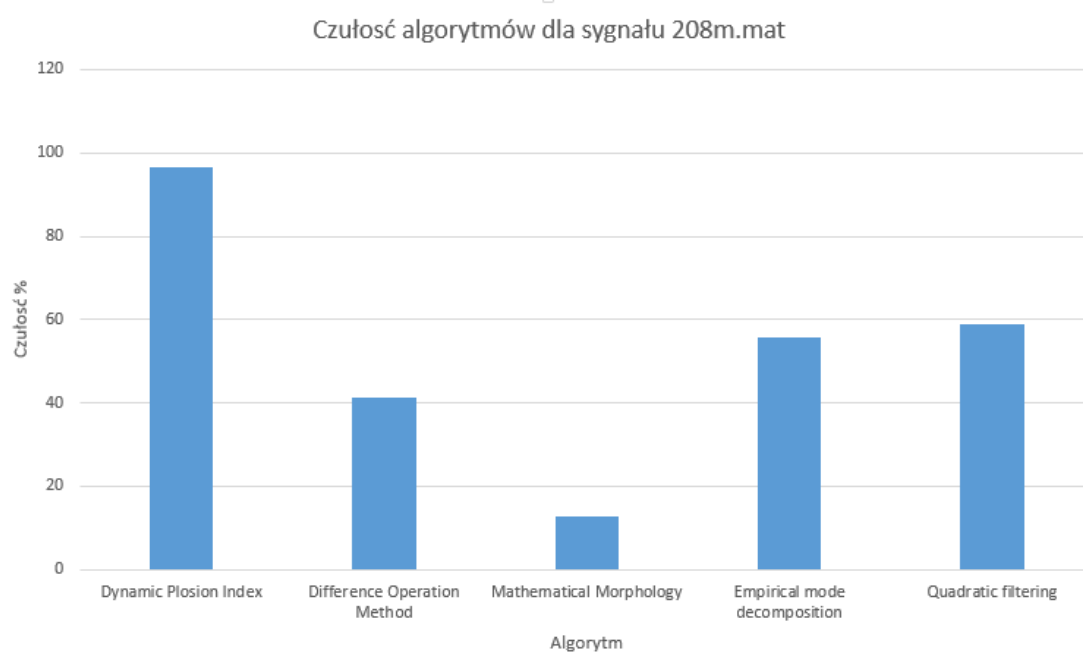


Rysunek 42: Skuteczność algorytmów dla wybranego sygnału [%].

Drugim parametrem, który porównywano była czułość algorytmów. Najbardziej czułym algorytmem okazał się być algorytm DynamicPlosion Index, natomiast najmniej czułym – Mathematical Morphology. Takie same wyniki czułości otrzymano dla sygnału 208m.mat. Rys.43 oraz 44.

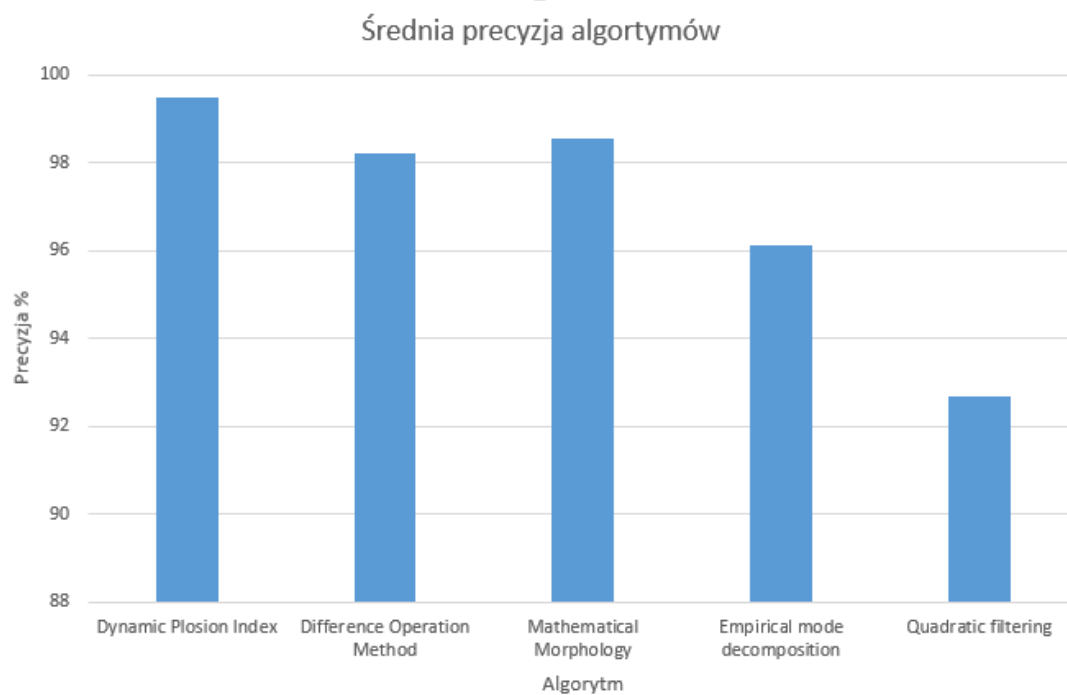


Rysunek 43: Średnia czułość algorytmów [%].

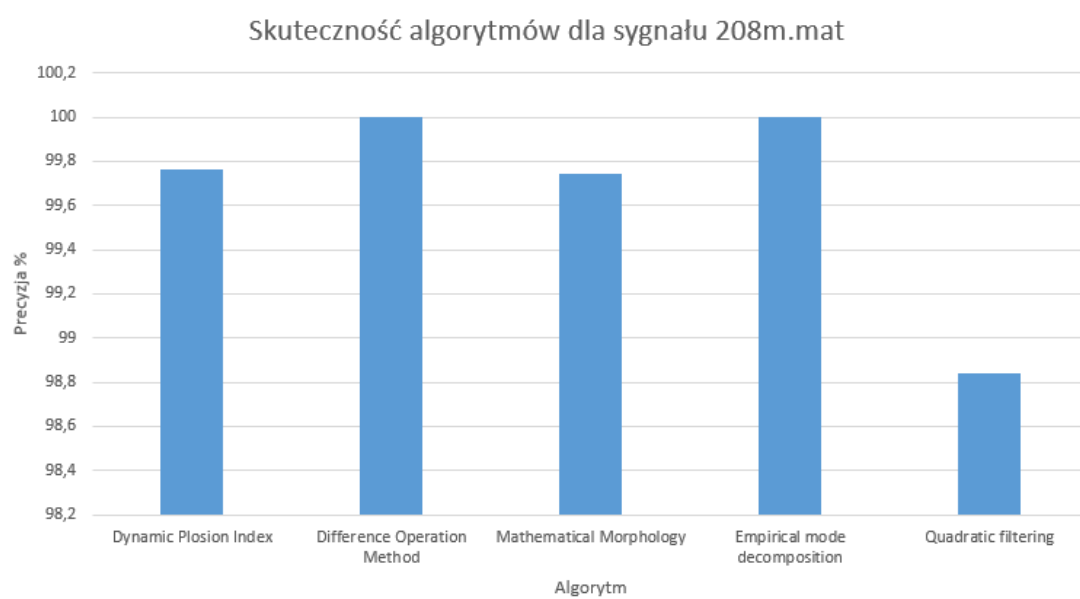


Rysunek 44: Czułość algorytmów dla wybranego sygnału[%].

Ostatnim parametrem, który porównywano była precyzja algorytmów. Najbardziej precyzyjnym algorytmem okazał się być algorytm DynamicPlosion Index, natomiast najmniej dokładnym – QuadraticFiltering. Takie same wyniki precyzji otrzymano dla sygnału 208m.mat. Rys.45 oraz 46.



Rysunek 45: Średnia precyzja algorytmów [%].



Rysunek 46: Czulość algorytmów dla wybranego sygnału[%].

Tablica 2: Skuteczność uzyskana dla poszczególnych sygnałów.

MIT-BIH	Dynamic Plosion Index	Difference Operation Method	Mathematical Morphology	Empirical mode decomposition	Quadratic filtering	ŚREDNIA:
100	99.82	92.86	99.96	100	99.47	98.42
101	99.36	91.67	99.47	100	97.31	97.56
102	99.68	92.31	18.85	71.43	94.28	75.31
103	99.62	91.67	99.43	100	99.52	98.05
104	95.69	92.86	5.68	16.67	28.57	47.89
105	94.61	93.33	93.51	57.14	0.33	67.78
106	96.38	83.33	52.12	100	68	79.97
107	97.62	84.62	70.18	66.67	95.92	83.00
108	94.39	61.16	56.74	66.67	5.9	56.97
109	99.61	94.44	94.91	42.86	10.42	68.45
111	99.44	92.31	89.73	100	65.64	89.42
112	99.45	93.33	99.29	100	33.70	85.15
113	99.34	90	99.78	100	99.94	97.81
114	97.9	90	98.52	100	98.37	96.96
115	99.54	90.91	99.44	100	99.69	97.92
116	98.72	86.67	71.42	100	98.31	91.02
117	99.68	90	26.33	83.33	96.64	79.20
118	98.91	92.31	73.13	14.29	97.41	75.21
119	94.79	90.91	0.29	83.33	94.84	72.83
121	99.09	90.91	52.48	83.33	1.74	65.51
122	99.76	93.75	99.88	100	99.92	98.66
123	99.8	88.89	99.8	100	99.8	97.66
124	98.9	88.89	93.69	100	74.56	91.21
200	93.05	93.75	40.58	25	10.02	52.48
201	94.37	93.33	92.44	66.67	92.16	87.79
202	99.11	90	98.23	80	98.47	93.16
203	86.36	70.37	24.95	20	1.5	40.64
205	98.8	93.75	98.73	80	97.49	93.75
207	84.08	100	0.59	50	0.17	46.97
208	96.42	41.18	12.63	55.56	58.37	52.83
209	95.41	93.75	96.49	100	94.28	95.99
210	94.79	94.12	55.16	88.89	0.78	66.75
212	99.38	93.75	98.84	62.5	95.7	90.03
213	98.27	90	93.65	90.91	76.05	89.78
214	97.52	92.31	35.19	71.43	43.63	68.02
215	97.79	90	97.94	100	36.56	84.46
217	96.33	92.31	0.75	100	93.61	76.60
219	92.96	92.86	88.75	77.78	92.08	88.89
220	98.74	100	51.26	85.71	99.03	86.95
221	98.34	78.57	70.05	71.43	93.42	82.36
222	91.4	92.86	62.28	100	81.94	85.70
223	98.37	92.86	56.32	100	79.15	85.34
228	88.02	92.31	90.85	42.86	1.94	63.20
230	91.36	87.5	66.86	88.89	89.05	84.73
231	77.98	83.33	77.66	100	77.81	83.36
232	83.85	50	95.87	80	95.5	81.04
233	87.79	78.95	0.38	22.2	85.55	54.97
234	99.49	93.75	99.1	100	98.7	98.21
ŚREDNIA:	95.88	88.10	68.75	78.03	69.86	80.12

Tablica 3: Czułość uzyskana dla poszczególnych sygnałów.

MIT-BIH	Dynamic Plosion Index	Difference Operation Method	Mathematical Morphology	Empirical mode decomposition	Quadratic filtering	ŚREDNIA:
100	99.82	92.86	99.96	100	99.52	98.43
101	99.41	91.67	99.47	100	98.61	97.83
102	99.68	92.31	18.85	83.33	94.71	77.78
103	99.62	91.67	99.43	100	99.57	98.06
104	96.15	92.86	5.71	16.67	29.39	48.16
105	95.17	93.33	94.28	66.67	0.33	69.96
106	96.38	83.33	52.12	100	68.29	80.02
107	97.62	84.62	70.3	100	96.73	89.85
108	96	91.67	56.77	100	6.09	70.11
109	99.61	100	94.91	42.86	10.46	69.57
111	99.44	92.31	89.77	100	66.14	89.53
112	99.45	93.33	99.33	100	34.09	85.24
113	99.83	90	99.78	100	99.94	97.91
114	98.52	90	98.94	100	98.73	97.238
115	99.54	90.91	99.34	100	99.64	97.89
116	99.09	92.86	71.45	100	98.64	92.41
117	99.68	90	26.33	100	97.27	82.66
118	98.91	92.31	73.13	14.29	98.09	75.35
119	94.79	90.91	0.29	83.33	94.84	72.83
121	99.15	90.91	52.48	83.33	1.76	65.53
122	99.76	93.75	99.88	100	99.92	98.66
123	99.8	88.89	99.8	100	99.8	97.66
124	98.96	88.89	93.69	100	75.38	91.38
200	93.05	93.75	46.9	25	10.21	53.78
201	95.29	93.33	92.44	75	92.25	89.66
202	99.11	90	98.23	80	98.93	93.25
203	86.36	86.36	28.81	20	1.51	44.61
205	98.8	93.75	98.61	100	97.45	97.72
207	85.91	100	0.59	50	0.17	47.33
208	96.64	41.18	12.64	55.56	58.77	52.96
209	95.41	93.75	96.49	100	95.61	96.25
210	94.79	94.12	55.18	88.89	0.78	66.75
212	99.38	93.75	98.84	62.5	97.47	90.39
213	98.27	94.74	93.65	100	78.01	92.93
214	97.56	92.31	35.19	7.43	43.73	55.24
215	97.79	94.74	97.91	100	36.57	85.40
217	96.62	92.31	0.75	100	94.43	76.82
219	93.12	92.86	88.75	100	92.12	93.37
220	98.74	100	51.26	85.71	99.03	86.95
221	98.42	78.57	70.05	71.43	93.5	82.39
222	92.03	92.86	62.21	100	82.87	85.994
223	98.37	92.86	65.32	100	79.18	87.15
228	88.23	92.31	93.27	42.86	1.96	63.73
230	91.36	87.5	66.86	88.89	89.37	84.80
231	78.17	83.33	77.66	100	77.81	83.39
232	97.8	50	95.92	80	97.14	84.17
233	87.79	83.33	0.38	22	87.15	56.12
234	99.49	93.75	99.1	100	98.95	98.25
ŚREDNIA:	96.35	89.60	69.23	80.12	70.27	

Tablica 4: Precyzja uzyskana dla poszczególnych sygnałów.

MIT-BIH	Dynamic Plosion Index	Difference Operation Method	Mathematical Morphology	Empirical mode decomposition	Quadratic filtering	ŚREDNIA:
100	100	100	100	100	99.96	99.99
101	99.95	100	100	100	98.66	99.72
102	100	100	100	83.33	99.52	96.57
103	100	100	100	100	99.95	99.99
104	99.51	100	91.03	100	91.02	96.31
105	99.38	100	99.14	80	60	87.7
106	100	100	100	100	99.38	99.88
107	100	100	91.24	66.7	99.14	91.42
108	98.26	64.71	99.98	66.7	65.29	78.99
109	100	94.44	100	100	97.07	98.3
111	100	100	99.95	100	98.88	99.77
112	100	100	99.96	100	96.66	99.32
113	99.5	100	100	100	100	99.9
114	99.36	100	99.57	100	99.63	99.71
115	100	100	100	100	100	100
116	99.63	92.86	99.94	100	99.67	98.42
117	100	100	100	83.33	99.34	96.53
118	100	100	100	100	99.3	99.86
119	100	100	100	100	100	100
121	99.95	100	100	100	55.93	91.18
122	100	100	100	100	100	100
123	100	100	100	100	100	100
124	99.94	100	100	100	98.56	99.7
200	100	100	75.06	100	84.32	91.88
201	98.98	100	100	85.71	99.89	96.92
202	100	100	100	100	99.53	99.91
203	100	79.17	100	100	63.51	88.54
205	100	100	100	80	100	96
207	97.52	100	77.78	100	33.33	81.73
208	99.76	100	99.74	100	98.84	99.67
209	100	100	100	100	98.55	99.71
210	100	100	99.93	100	61.76	92.34
212	100	100	100	100	98.14	99.63
213	100	94.74	100	90.91	96.8	96.49
214	99.96	100	100	100	99.5	99.89
215	100	94.74	100	100	99.92	98.93
217	99.68	100	100	100	99.08	99.75
219	99.81	100	100	77.78	99.95	95.51
220	100	100	100	100	100	100
221	99.92	100	100	100	99.91	99.97
222	99.26	100	100	100	98.64	99.58
223	100	100	100	100	99.95	99.99
228	99.74	100	97.22	100	63.64	92.12
230	100	100	100	100	99.59	99.92
231	99.68	100	100	100	100	99.94
232	85.47	100	99.94	100	98.27	96.74
233	100	93.75	100	100	97.9	98.33
234	100	100	100	100	99.74	99.95
ŚREDNIA:	99.48	98.22	98.55	96.13	92.68	