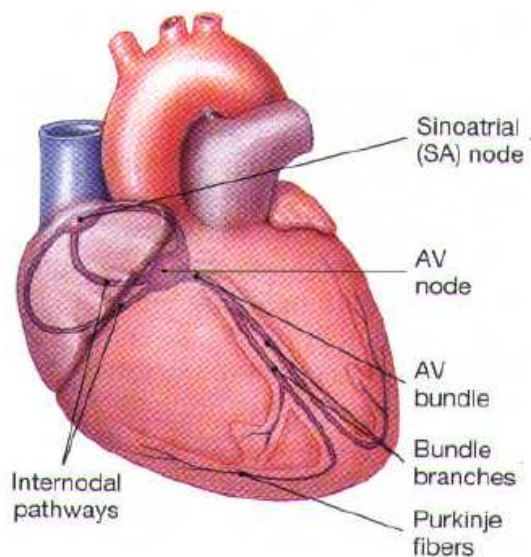


Podstawy bioinżynierii - EKG

Anatomia pracy serca

Serce (*łac. cor*), będące głównym narządem układu krążenia należy do najważniejszych organów w ciele człowieka. Pełni ono rolę pompy zapewniającej nieustanny przepływ krwi przez organizm. Położone jest w klatce piersiowej w worku osierdziowym, który składa się z **dwóch warstw zewnętrznej, włóknistej i wewnętrznej, surowiczej**. Tkanki blaszki surowiczej pokrywają również powierzchnię serca tworząc nasierdzie. **Mięsień sercowy** składa się z dwóch mięśni, mięśnia **przedsionków** i mięśnia **komór, rozdzielonych pierścieniami włóknistymi**. Ich wewnętrzną warstwę okrywa wsierdzie.



Rys. 1 Wygląd zewnętrzny serca z zaznaczonym torem przewodnictwa elektrycznego

Tak więc w sercu można wyróżnić **dwie komory - prawą i lewą** (*łac. ventriculus*) oraz **dwa przedsionki - prawy i lewy** (*łac. atrium*). Przedsionki i komory połączone są ujściami przedsionkowo-komorowymi, w których znajdują się **zastawki**. W **sercu prawym** jest to **zastawka trójdzielna** natomiast w **sercu lewym dwudzielna**. Zapewniają one prawidłowy kierunek przepływu krwi. **Serce prawe tłoczy krew z żył dużego układu krążenia oraz z naczyń wieńcowych do pnia płucnego** (*łac. truncus pulmonalis*) i dalej do **małego (płucnego) układu krążenia**. Żyłami płucnymi krew „wraca” do serca lewego skąd

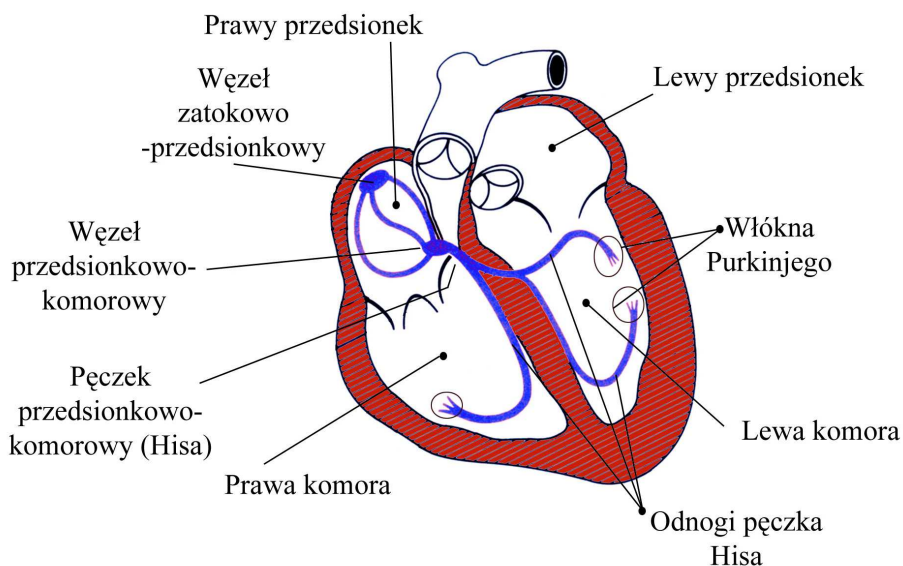
pompowana jest poprzez aortę (łac. aorta) do dużego układu krążenia. Kierunek przepływu krwi utrzymują zastawka pnia płucnego i zastawka aorty. Każdy z elementów składowych serca (przedsionki i komory) można potraktować jako osobne pompy, a całe serce uznać za układ składający się z czterech pomp pracujących szeregowo po dwie (**prawy przedsionek i prawa komora oraz lewy przedsionek i lewa komora**).

Prawidłowo funkcjonujące komórki mięśnia sercowego znajdują się naprzemiennie w jednym z trzech stanów: **polaryzacji - stan spoczynkowy, depolaryzacji - stan pobudzenia oraz repolaryzacji - powrót do stanu spoczynkowego.** W tym miejscu zaznaczyć należy, że w określonym przedziale czasowym następującym bezpośrednio po pobudzeniu tkanki mięśnia sercowego wykazują brak reakcji na kolejne pobudzenia. Okres owej niewrażliwości zwany jest **okresem refrakcji**, przy czym wyróżnia się pojęcia okresu refrakcji bezwzględnej (**200ms**) i względnej (**100ms**). Pierwszy z nich obejmuje przedział czasu, w którym komórki mięśnia sercowego nie reagują na żadne pobudzenie. Drugi okres natomiast reprezentuje dodatkowy przedział czasu, jaki jest niezbędny do osiągnięcia przez tkanki mięśnia sercowego stanu pełnej gotowości do przyjęcia i reakcji na kolejne pobudzenie.. Reakcją na rozchodzący się w mięśniu sercowym front depolaryzacji jest jego skurcz, repolaryzacja zaś uprzednio pobudzonego mięśnia sercowego wyprzedza jego rozkurcz. Fizjologia przewodzenia impulsu pobudzającego powoduje, że **skurcze przedsionków wyprzedzają skurcze komór**, podobnie rozkurcz przedsionków następuje przed rozkurczem komór. Cyklicznie powtarzane pobudzenia serca uruchamiają proces tłoczenia i przepływu krwi. Jest ona pompowana ze zbiorników żylnych (**żylami krew płynie do serca**) do zbiorników tętniczych (**tętnicami krew odpływa z serca**). Kierunek przepływu krwi wynika bezpośrednio z anatomii serca, tj. budowy przedsionków i komór oraz istnienia zastawek w sercu.

Biorąc pod uwagę główną funkcję, jaką pełnią komórki w sercu można wyróżnić dwie ich grupy:

1. **Grupa komórek wytwarzających i przewodzących impulsy pobudzające.** Charakteryzują się one zdolnością szybkiego przewodzenia pobudzenia i nie mają właściwości kurczliwych występujących w tkankach mięśniowych. Komórki należące do tej grupy tworzą układ bodźcotwórczo-przewodzący. Układ ten jako jedyny stymuluje pracę serca. Niezależnie od tego, jest on połączony z systemem nerwowym człowieka, co pozwala wpłynąć na ogólną czynność serca, np. przyśpieszenie bądź zwolnienie rytmu skurczów.

2. **Grupa komórek, które na impulsy pobudzające odpowiadają skurczem.** Do tej grupy należą mięśnie przedsionków i mięśnie komór, a ich dodatkową cechą jest to, że na pobudzenie reagują maksymalnym skurczem zgodnie z regułą „wszystko albo nic”.



Rys.2 Anatomia ludzkiego serca

Komórki wchodzące w skład pierwszej z wymienionych grup tworzą swego rodzaju wyspecjalizowany przewodnik dla wytworzonego impulsu pobudzającego, tzn. wywołującego depolaryzację mięśni serca. Bierze on swój początek pod nasierdziem prawego przedsionka, w **węźle zatokowo-przedsionkowym (SA)**. Następnie szlak międzywęzłowy prowadzi do **węzła przedsionkowo-komorowego (AV)**, a **szlak międzyprzedsionkowy** (wiązka Bachmana) do obszaru tkanek mięśniowych lewego przedsionka. Według obecnego stanu wiedzy fala pobudzenia dociera do węzła przedsionkowo-komorowego AV dzięki przewodnictwu tkanek mięśnia prawego przedsionka. Przechodzi on w pęczek przedsionkowo-komorowy zwany **pęczkiem Hisa**. Ten rozgałęzia się na **dwie odnogi wąską prawą oraz szeroką lewą**. Odnoga prawa przewodzi pobudzenie do prawej komory, natomiast lewa dzieli się na dwie wiązki przednią i tylną, których zadaniem jest szerzenie depolaryzacji w lewej komorze. Zróżnicowanie w budowie odnóg lewej i prawej wynika z anatomii ludzkiego serca. **Prawy przedsionek i komora pompują krew do małego (płucnego) krwioobiegu**, gdzie panuje relatywnie niskie ciśnienie, natomiast **lewy przedsionek i komora tłoczą krew do dużego krwioobiegu**, gdzie panuje znacznie wyższe ciśnienie. Stąd u zdrowego człowieka **masa mięśniowa komory lewej jest 10-krotnie większa od masy komory prawej**. Przewaga lewej komory wymaga rozbudowanego układu

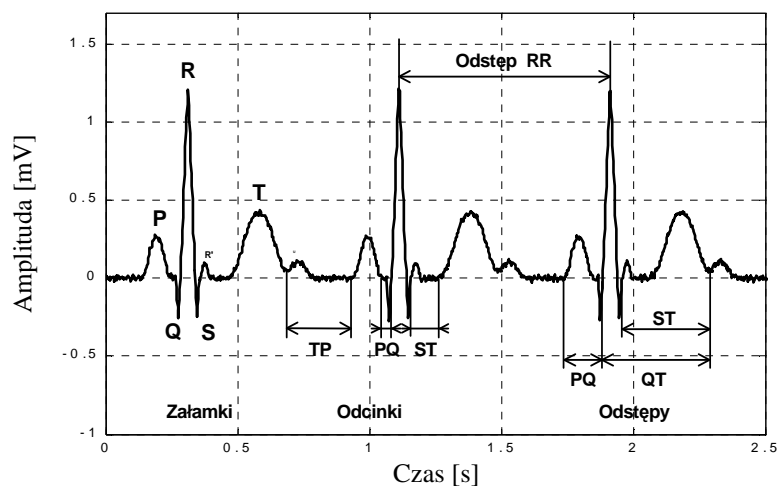
pobudzającego, które objawia się dodatkowym rozgałęzieniem lewej odnogi. Odnogi pęczka Hisa przewodzą pobudzenie odpowiednio do prawej i lewej komory serca. W końcowej fazie przechodzą one pod wsierdziem w komórki mięśniowe, przewodzące [Traczyk97] tzw. **włókna Purkiniego**, stanowiące ostatni element układu bodźcotwórczo-przewodzącego.

Poszczególne grupy komórek spośród wyżej wymienionych cechują się różnymi częstotliwościami własnymi pobudzeń. Dla **węzła zatokowego wynosi ona 70-80/min**; dla **komórek pęczka Hisa wynosi 45-60/min**; dla **odnóg pęczka Hisa ok. 40/min**; a dla **komórek Purkiniego już tylko 20/min**. Z elektrycznego punktu widzenia wymienione grupy komórek tworzą sieć generatorów pobudzeń, spośród których **ten o najwyższej częstotliwości własnej narzuca swój rytm pozostałym**.

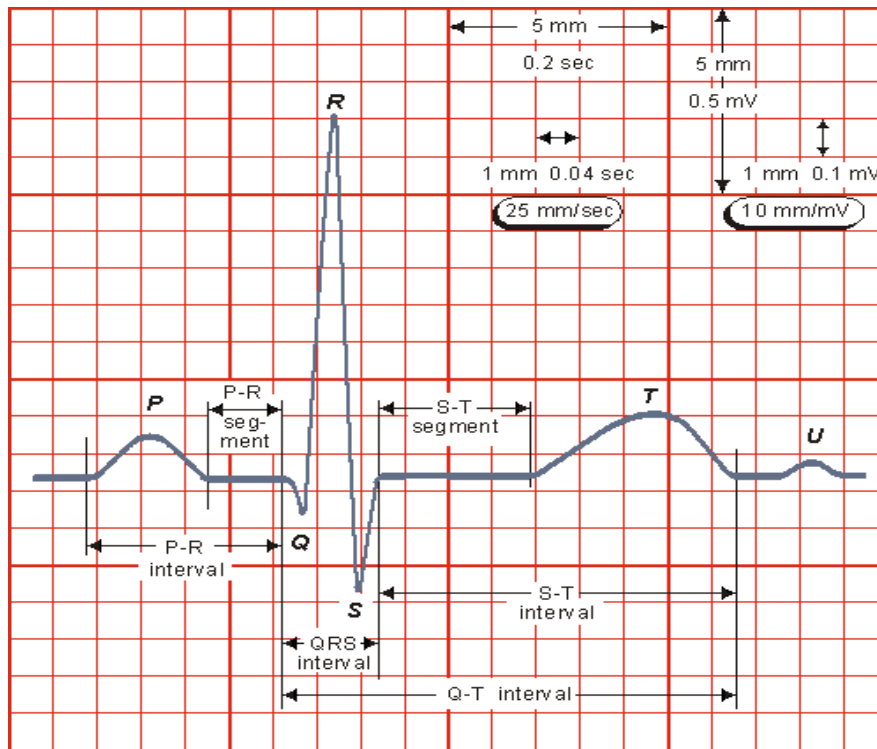
W warunkach prawidłowych **pobudzenie serca jest przewodzone „z góry na dół” - od przedsionków do komór**. Nadrzędnym ośrodkiem jest węzeł zatokowo-predsionkowy, który charakteryzując się najwyższą częstotliwością pobudzeń narzuca ją ośrodkom niżej położonym i przejmuje rolę generatora rytmu pracy serca. Wytworzona fala pobudzenia rozchodzi się w prawym i następnie w lewym przedsionku powodując ich depolaryzację i skurcz. Po przejściu przez węzeł i pęczek AV, odnogami pobudzenie rozprzestrzenia się w obrębie komór, powodując ich depolaryzację i skurcz. Cykl pracy serca nie ma zatem charakteru jednoczesnego skurczu mięśniowego, polega natomiast na uporządkowanym „przepływie” skurczu przez serce. Stanowi to naturalny warunek pracy tego organu jako pompy.

Krzywa elektrokardiograficzna (EKG)

Elektrokardiografia będąc nieinwazyjnym, tanim i nieskomplikowanym badaniem diagnostycznym. Jest on obrazem elektrycznej aktywności układu bodźcotwórczo-przewodzącego mięśnia sercowego. Sam, prawidłowy zapis elektrokardiograficzny nie wystarcza jednak, aby wykluczyć chorobę, a z drugiej strony obecność pewnych cech anormalnych w zapisie nie zawsze wskazuje na stan chorobowy. Zebrane w trakcie badania EKG dane zawierają bardzo istotne informacje dotyczące zaburzeń rytmu serca i mają nieocenione znaczenie we wczesnym rozpoznaniu choroby niedokrwiennej serca. Wykorzystuje się je również do rozpoznawania przerostu przedsionków i komór, zapalenia osierdzia oraz wpływu różnych chorób ogólnych na stan mięśnia sercowego.



Rys. 3. Typowa krzywa elektrokardiograficzna.



Rys. 4 Oznaczenia stosowane w EKG

W typowej krzywej elektrokardiograficznej wyróżnić można następujące elementy składowe (rys. 4):

- załamki stanowiące odchylenia od linii izoelektrycznej. Oznacza się je literami *P*, *Q*, *R*, *S*, *T*, (*U*),
- odcinki jako części (czasy trwania) linii izoelektrycznej pomiędzy załawkami,
- odstępy obejmujące łącznie czasy trwania załawków i odcinków.

Czas trwania pojedynczego cyklu pracy serca u zdrowego człowieka w spoczynku wynosi ok. **800 ms**, co odpowiada częstotliwości 1.25 Hz. Jako pierwszy w zapisie EKG występuje **załamek *P***, który **związany jest z rozprzestrzenianiem się fali depolaryzacji w obszarze przedsionków**. Czas trwania tego załamka przyjmuje się standardowo równy **100 ms**. W warunkach fizjologicznych (prawidłowa praca serca) bezpośrednio po załamku *P* przez okres równy w przybliżeniu **120 ms nie obserwuje się aktywności elektrycznej serca**. Ma to ścisły **związek ze znacznym zwolnieniem pasażu impulsu pobudzenia przez węzeł AV**. Dlatego też odcinek łączący koniec załamka *P* i początek załamka *Q* uznaje się za linię podstawową lub inaczej **izoelektryczną**, stanowiącą punkt odniesienia dla ręcznej i automatycznej analizy zapisów elektrokardiograficznych. Jako następny w zapisie EKG pojawia się **zespół *QRS*** (załamki *Q*, *R*, *S* położone są obok siebie), **który obrazuje pobudzenie komór**. Czas trwania tego zespołu typowo zawiera się w przedziale **60-100 ms**,

ale może sięgać 180 ms. Jako ostatni w zapisie EKG występuje **załamek *T*** będący odzwierciedleniem **repolaryzacji komór**. Czas jego trwania wynosi około **150 ms**. Średni czas trwania odcinków PQ oraz *ST* wynosi odpowiednio 50 i 120 ms. Amplitudy załamków są zróżnicowane w każdym z odprowadzeń. Przykładowo dla **załamka *P*** wynosi ona do **0.3 mV**, dla zespołu ***QRS*** w zależności od odprowadzenia zawiera się w przedziale **od 1 do 3 mV**, dla **załamka *T*** zaś ok. **0.4 mV**.

W analizie wyników badania standardowego pod uwagę bierze się przede wszystkim: występowanie, czasy trwania, amplitudy poszczególnych załamków, a także kolejność ich pojawiania się w zapisie. Z zapisu wyznaczana jest uśredniona wartość rytmu serca, a w przypadku dysponowania dłuższymi zapisami (obowiązkowe dla zapisów „holterowskich”) wyznacza się tzw. tachogramy, prezentujące wartości przedziałów czasowych pomiędzy kolejnymi skurczami serca (**odstęp *RR***) w funkcji czasu.

Zastosowanie zaawansowanych algorytmów do wyznaczania parametrów przebiegów elektrokardiograficznych pozwala na analizę i określenie wszystkich wymienionych wcześniej cech charakterystycznych przebiegów EKG. Analizę rozpoczyna się od określenia pozycji **zespołów *QRS***, które są podstawowym elementem zapisów. Następnie, na podstawie otrzymanych wyników można rozpocząć analizę bardziej zaawansowanych parametrów zapisu EKG jak np. analiza odcinka *ST* lub odstępu *QT*.

Pomiary EKG

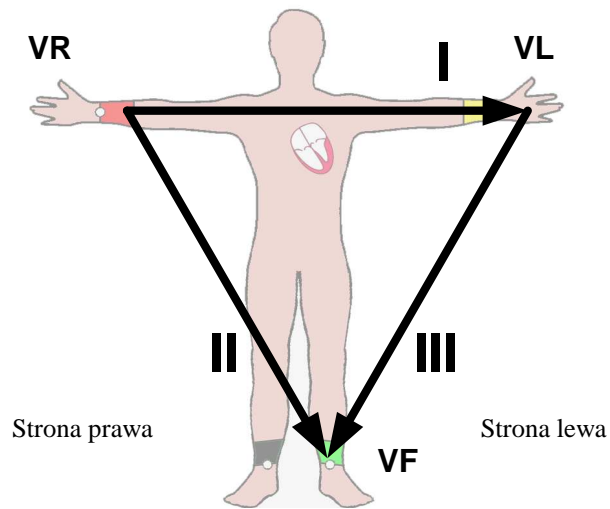
Elektroda elektrokardiograficzna

W praktyce klinicznej jest zwykle 12 elektrod, choć ich liczba jest w zasadzie dowolna.



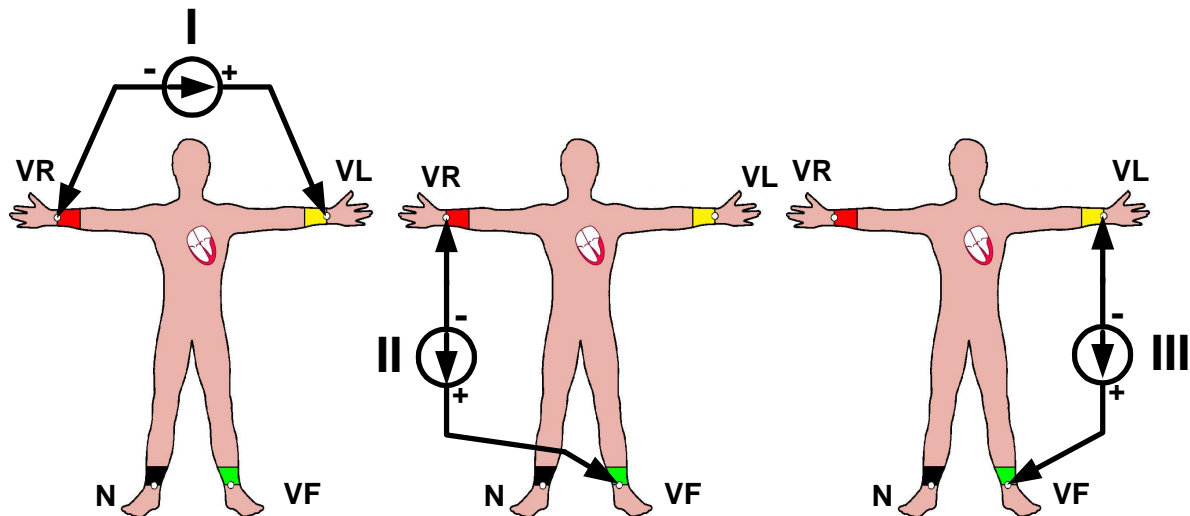
Rys. 5 Wygląd elektrod EKG

Układ Einthovena



Rys. 6 Mierzone napięcia układu Einthovena

Pomiary 2 – biegunowe Einthovena



Rys. 7 Interpretacja napięć Einthovena

$$I = VL - VR, \quad (1)$$

$$II = VF - VR, \quad (2)$$

$$III = VF - VL. \quad (3)$$

Równania: powyższe, zgodnie z drugim prawem Kirchhoffa spełniają zależność, która nosi nazwę prawa Einthovena: $I - II + III = 0$

Układy Wilsona

Frank Norman Wilson (1890-1952) investigated how electrocardiographic *unipolar* potentials could be defined. Ideally, those are measured with respect to a remote reference (infinity). But how is one to achieve this in the volume conductor of the size of the human body with electrodes already placed at the extremities? In several articles on the subject, Wilson and colleagues (Wilson, Macleod, and Barker, 1931; Wilson et al., 1934) suggested the use of the *central terminal* as this reference. This was formed by connecting a $5\text{ k}\Omega$ resistor from each terminal of the limb leads to a common point called the central terminal, as shown in Figure 8. Wilson suggested that unipolar potentials should be measured with respect to this terminal which approximates the potential at infinity.

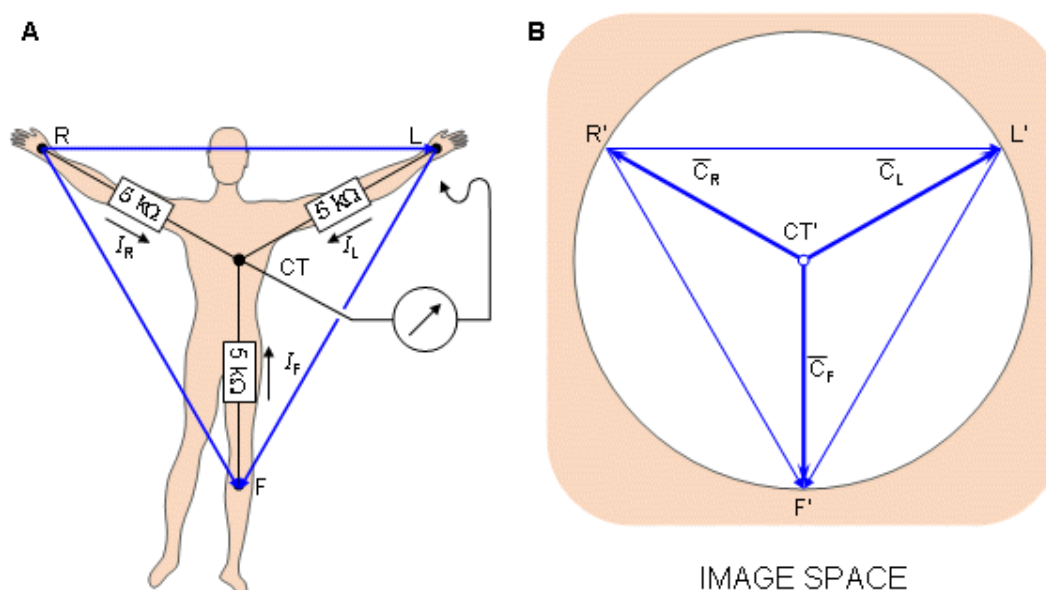
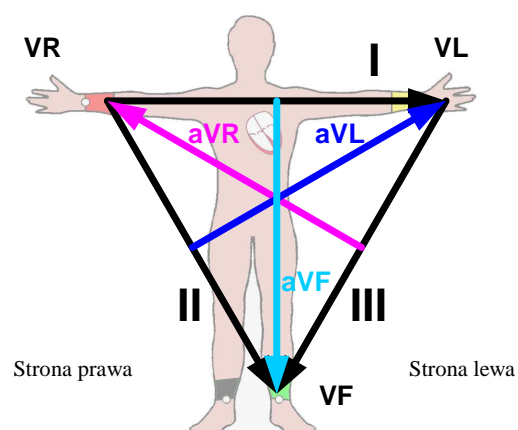
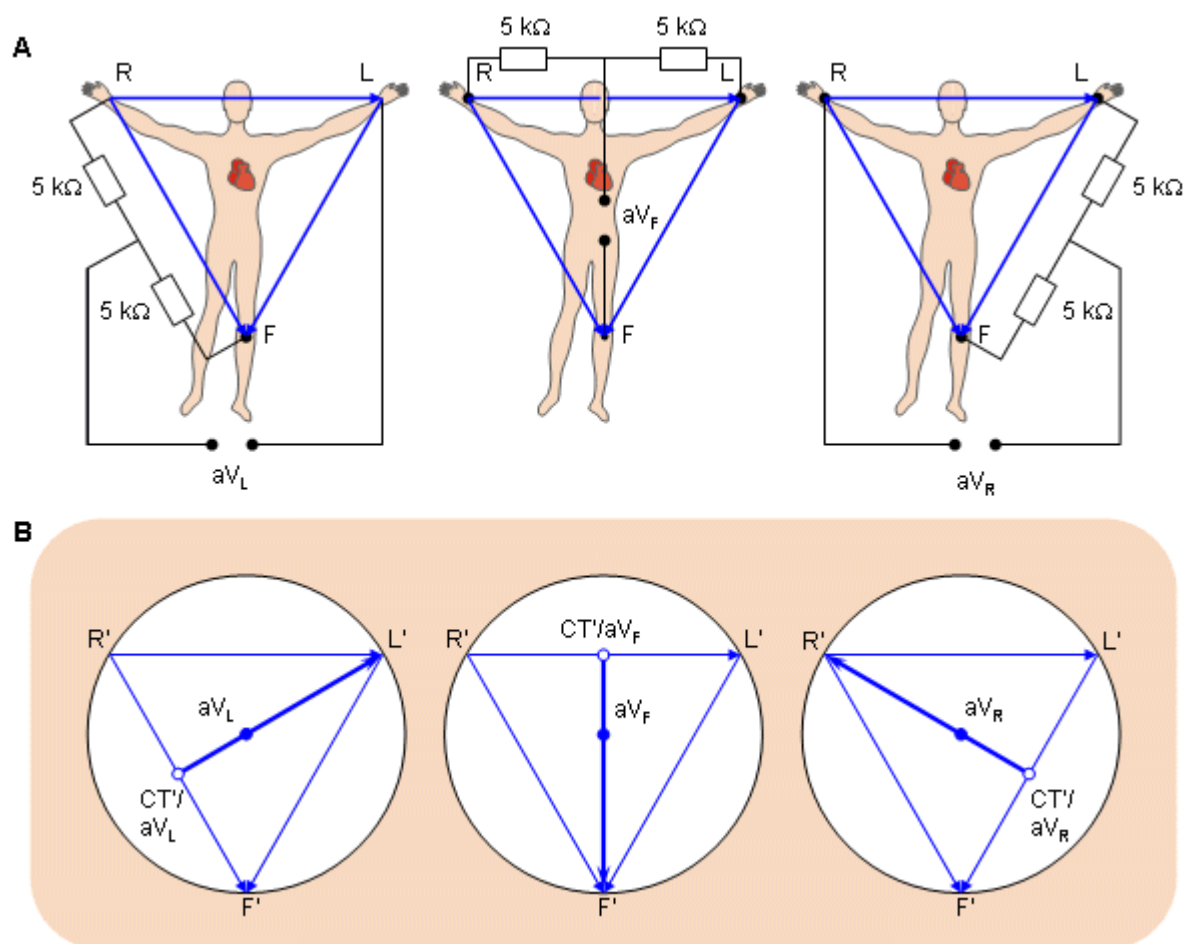


Fig. 8 (A) The circuit of the Wilson central terminal (CT). (B) The location of the Wilson central terminal in the image space (CT'). It is located in the center of the Einthoven triangle.

Układ pomiarowy Goldbergera



Rys. 9 Układ napięć pomiarowych Goldbergera



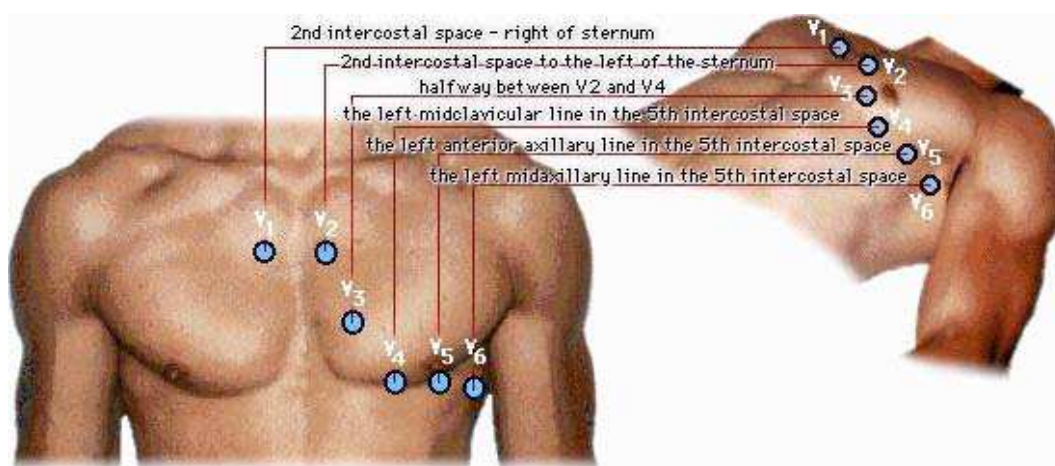
Rys. 10 Układy pomiarowe i interpretacja napięć Goldbergera

$$aVL = VL - 0.5(VR + VF) \quad (4)$$

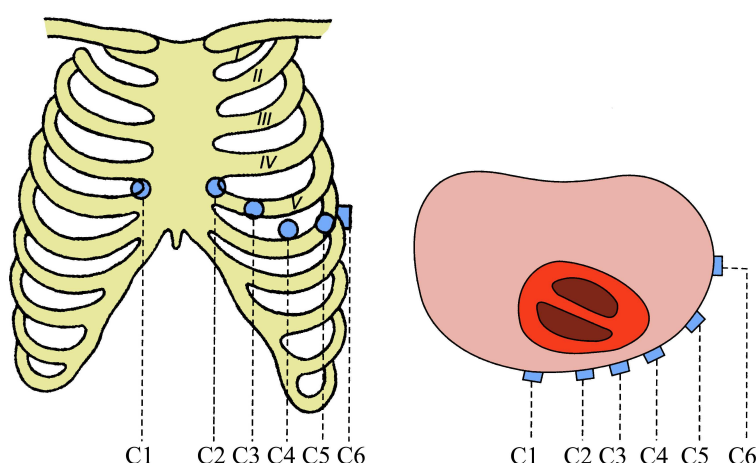
$$aVR = VR - 0.5(VL + VF), \quad (5)$$

$$aVF = VF - 0.5(VL + VR). \quad (6)$$

Układ elektrod w płaszczyźnie czołowej



Rys. 11 Rozmieszczenie fizyczne elektrod



Rys. 12 Szczegółowe rozmieszczenie elektrod Cn

Zapisy przedsercowe otrzymuje się jako różnicę potencjałów pomiędzy elektrodami C_n , a punktem odniesienia tzw. potencjałem odniesienia Wilsona,. Oznacza się je przez V_n i opisuje równaniem:

$$V_n = C_n - \frac{1}{3}(V_R + V_L + V_F). \quad (7)$$

Podsumowując, standardowa elektrokardiografia obejmuje 12 - odprowadzeń podzielonych na 3 grupy: 3 odprowadzenia kończynowe dwubiegunowe (bipolarne) zwykłe zwane również odprowadzeniami klasycznymi lub Einthovena; 3 odprowadzenia kończynowe wzmacnione jednobiegunowe (unipolarne) zwane również odprowadzeniami Goldbergera i 6 odprowadzeń przedsercowych jednobiegunowych - Wilsona.

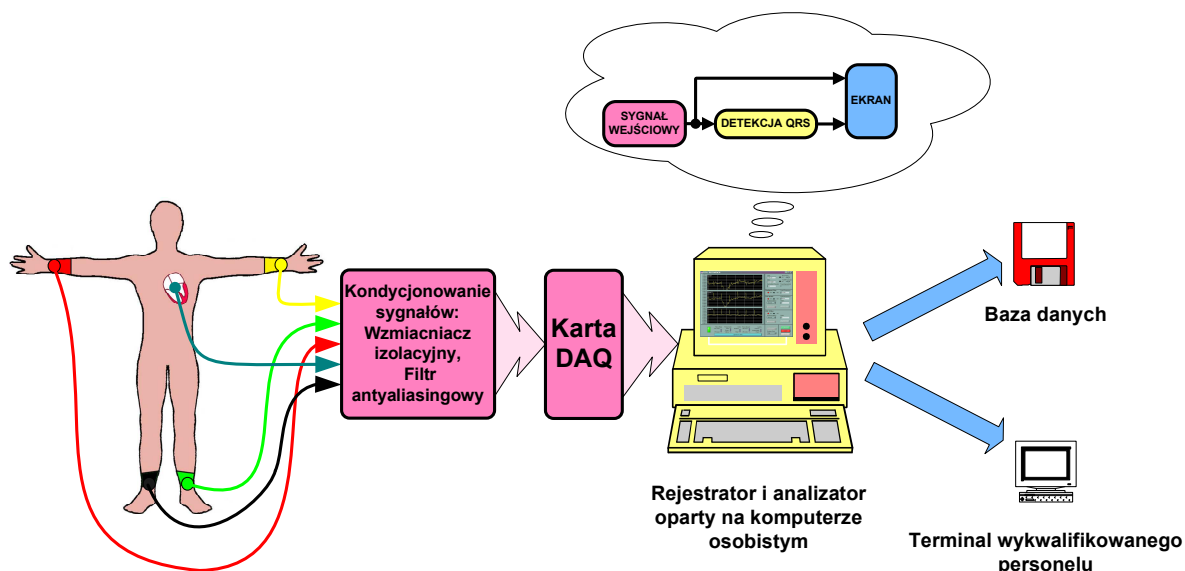
Dwanaście odprowadzeń wchodzących w skład standardowego badania EKG „obserwuje” serce z różnych stron, co w efekcie daje możliwość przestrzennej analizy elektrycznej aktywności serca. Ułatwia również wyznaczanie zależności czasowych dla poszczególnych załamków, odcinków i odstępów. Fakt, iż pewne zjawiska zachodzące w sercu mogą „ujawnić się” jedynie w pewnym podzbiorze odprowadzeń kompensuje występującą nadmiarowość informacji. Nadmiarowość, ta wynika z obserwacji tego samego zjawiska elektrofizjologicznego z wielu punktów.

Elektrokardiograf jako wirtualny przyrząd pomiarowy

Budowa i zasada działania przyrządu

Sercem przyrządu jest komputer osobisty wyposażony w kartę zbierania danych (np. karta National Instruments PCI-MIO-16E-4 i PCI-6036E). Sygnały podawane na wejścia karty zbierania danych (DAQ) poddawane są kondycjonowaniu realizowanemu z użyciem:

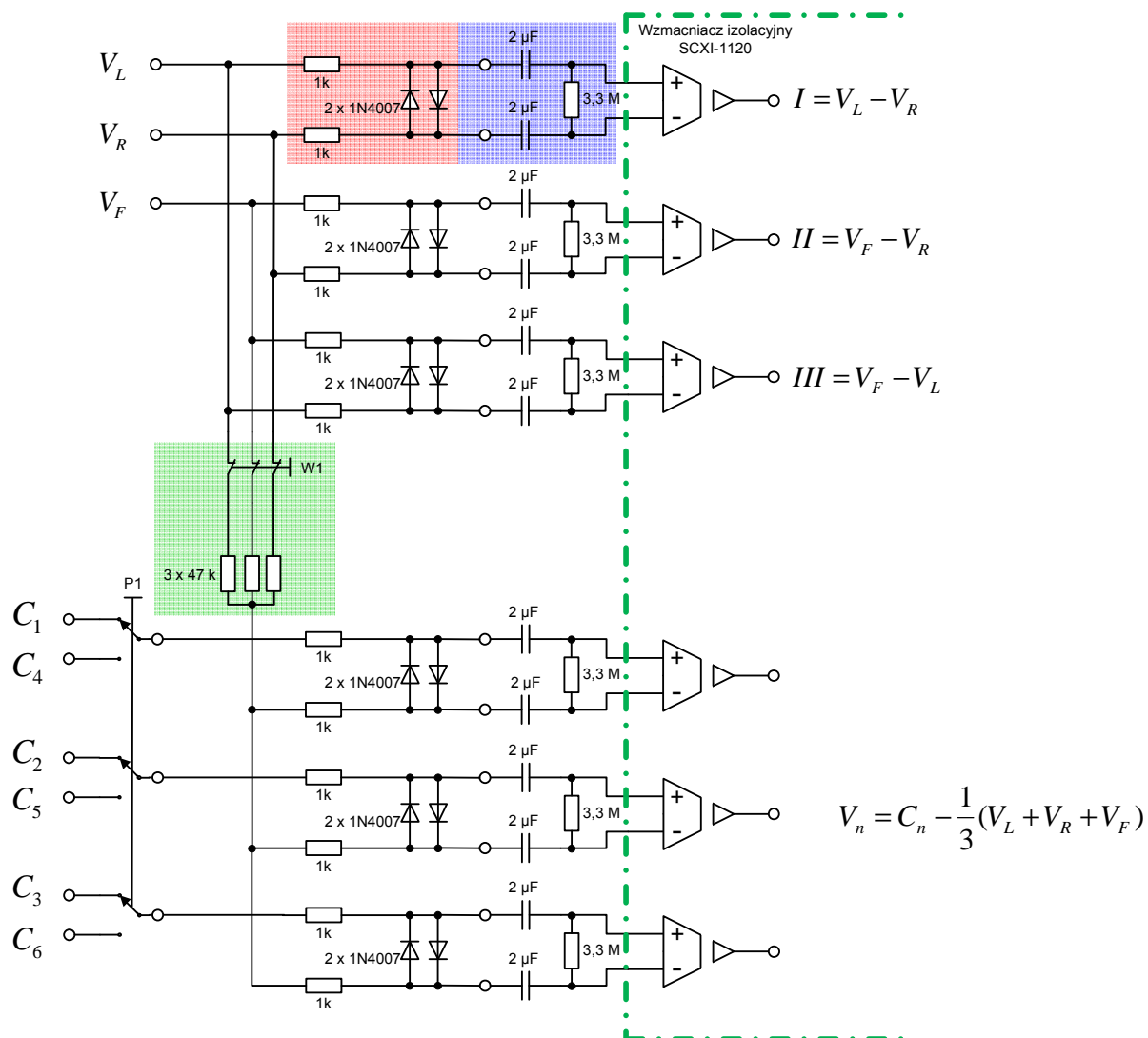
- wzmacniacza izolacyjnego (SCXI-1120), pełniącego funkcję galwanicznego separatora obwodów wejściowych połączonych z pacjentem od pozostałej części toru przetwarzania sygnałów,
- dolnoprzepustowego filtra eliptycznego (SCXI-1141), który pełni rolę filtra antyaliasingowego.
-



Rys. 13 Schemat blokowy wirtualnego rejestratora przebiegów EKG.

Całość sterowana jest z poziomu aplikacji (graficzny interfejs użytkownika) stworzonej w środowisku National Instruments LabWindows/CVI [NI CVI, Rak01]. Schemat blokowy wirtualnego rejestratora przebiegów EKG przedstawiony został na rysunku 13. System pomiarowy może także działać na komputerze przenośnym (Laptop PC), jeśli tylko będzie on wyposażony w kartę DAQ wykonaną np. w standardzie PCMCIA

Na rysunku 14 zamieszczono schemat obwodu wejściowego, łączącego elektrody pomiarowe ze wzmacniaczem izolacyjnym (SCXI-1120).



Rys. 14 Schemat obwodu wejściowego wirtualnego rejestratora.

Czerwonym tłem zaznaczono fragment obwodu stanowiący ogranicznik napięcia wejściowego (maks. 0.7 V). Odcieniem niebieskim - stopień RC stanowiący wejściowy filtr górnoprzepustowy o dolnej częstotliwości granicznej (-3 dB) wynoszącej $f_{dg} = 0.048$ Hz. Natomiast kolorem zielonym zaznaczono obwód służący do wyznaczania potencjału odniesienia Wilsona.

W zakresie podstawowych parametrów przyrząd spełnia wymagania stawiane przez odpowiednie normy i zalecenia:

- Zakres przetwarzanych napięć: 0-10 mV (+/- 5 mV),
- Pasmo przenoszonych częstotliwości: 0.05-100 Hz. (Górna wartość może zostać zwiększona do wartości wynikającej z częstotliwości próbkowania (f_p)),
- Dostępne częstotliwości próbkowania (f_p): 125 Hz - częstotliwość próbkowania sygnałów bazy [AHA ADB], 360 Hz - częstotliwość próbkowania bazy [MITBIH ADB], 500 Hz - wartość minimalna zalecana przez [Willems90], 1000-2000 Hz - częstotliwości próbkowania do niedawna stosowane jedynie w zaawansowanych technikach elektrokardiograficznych np. elektrokardiografia wysokiej rozdzielczości. Obecnie wykorzystuje się je także w rejestracjach „rutynowych”,
- Rozdzielczość przetwarzania A/C, w zależności od wykorzystanej karty zbierania danych (DAQ): 12-bitów - minimalna, zalecana wartość [Willems90], 16-bitów - rozdzielczość charakterystyczna dla zaawansowanych technik rejestracyjnych,
- Impedancja wejściowa: >2.5 MΩ w paśmie od 0.67 do 40 Hz,
- Współczynnik tłumienia sygnału współbieżnego CMRR: >100 dB.

Opracowany rejestrator umożliwia rejestrację i obserwację odprowadzeń klasycznych (*I*, *II*, *III*). Na ich podstawie, po stronie aplikacji programowej wyznacza się przebiegi jednobiegunowych odprowadzeń kończynowych wzmocnionych (Goldbergera): *aVR*, *aVL* i *aVF*, zgodnie z równaniami:

$$aVR = -0.5(I + II), \quad (8)$$

$$aVL = 0.5(I - III), \quad (9)$$

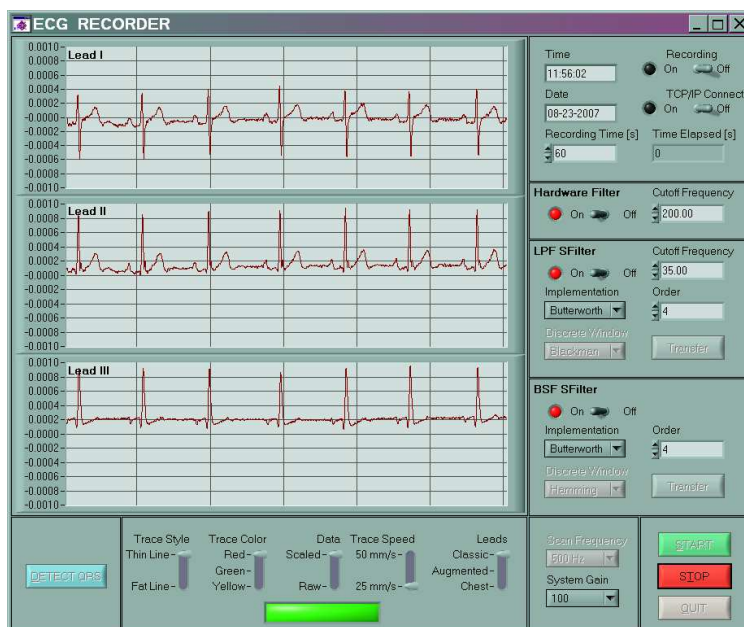
$$aVF = 0.5(II + III). \quad (10)$$

Dodatkowo, po załączeniu włącznikiem W1 obwodu wyznaczającego potencjał odniesienia Wilsona, możliwe jest rejestrowanie odprowadzeń jednobiegunowych przedsercowych: *V1*, *V2*, *V3*, a po zmianie pozycji przełącznika P1 (rys. B.2), odprowadzeń: *V4*, *V5*, *V6*. Zastosowanie przełącznika P1 jest konieczne ze względu na ograniczoną liczbę wejść układu rejestrującego. W torze utworzonym przez wzmacniacz, filtr i kartę zbierania danych jest ich bowiem 8 (po zastosowaniu przełącznika P1 korzysta się z 6 wejść).

Wyznaczanie potencjału odniesienia odbywa się w uproszczony sposób, poprzez połączenie w gwiazdę elektrod kończynowych. Konsekwencją tego jest znaczne zmniejszenie wartości modułu impedancji wejściowej obwodu i obniżenie amplitudy rejestrowanego sygnału.

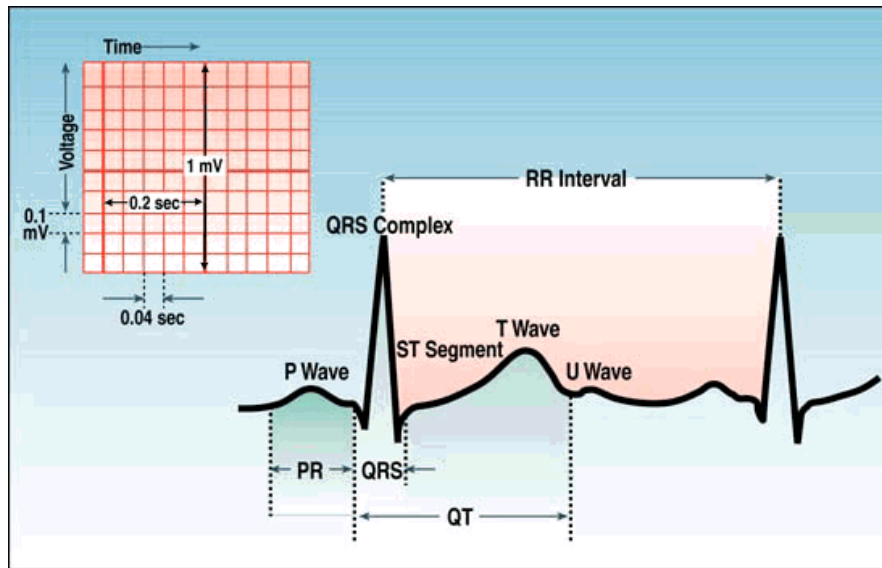
Za pomocą opisywanego, wirtualnego elektrokardiografu można jednocześnie rejestrować 6 (odprowadzenia klasyczne i odprowadzenia Goldbergera) lub 9 odprowadzeń (spośród 6 odprowadzeń przedsercowych obserwować można wybrane 3). Nie ma zatem możliwości jednoczesnego śledzenia wszystkich 12 zapisów. Nie należy jednak traktować tego faktu jako wady, gdyż w praktyce kardiologicznej odprowadzenia prezentowane są w 4 grupach po 3 zapisy: *I, II, III*; *aVR, aVL, aVF*; *V1, V2, V3* i *V4, V5, V6*.

Alternatywnie można rejestrować tylko odprowadzenia *I* i *II*. Na ich podstawie odtworzyć odprowadzenie *III* i odprowadzenia Goldbergera. Dzięki temu przy 8 wejściach analogowych zastosowanego toru przetwarzania sygnałów możliwa jest jednoczesna obserwacja wszystkich odprowadzeń przedsercowych V_n . Poczynione założenia projektowe zakładały minimalną liczbę odprowadzeń „odtworzanych” w związku z czym konieczny był podział zestawu odprowadzeń Wilsona. Tym nie mniej niewielka zmiana obwodu wejściowego (przełączenie toru odprowadzenia *III* do grupy V_n i wykorzystanie pozostałych dwóch wejść wzmacniacza izolacyjnego) pozwala na przeprowadzenie jednoczesnej rejestracji 12 odprowadzeń.



Rys. 15 Płyta czołowa wirtualnego rejestratora EKG.

Interpretacja sygnału EKG -arytmie



Rys. 16 Ilustracja różnych rodzajów fal i załamków EKG

ECG Waves and Intervals:

What do they mean?

- **P wave:** the *sequential* activation (depolarization) of the right and left atria
- **QRS complex:** right and left ventricular depolarization (normally the ventricles are activated *simultaneously*)
- **ST-T wave:** ventricular repolarization
- **U wave:** origin for this wave is not clear - but probably represents after depolarizations" in the ventricles
- **PR interval:** time interval from onset of atrial depolarization (P wave) to onset of ventricular depolarization (QRS complex)
- **QRS duration:** duration of ventricular muscle depolarization
- **QT interval:** duration of ventricular depolarization and repolarization
- **RR interval:** duration of ventricular cardiac cycle (an indicator of ventricular rate)
- **PP interval:** duration of atrial cycle (an indicator of atrial rate)

Regular rhythm



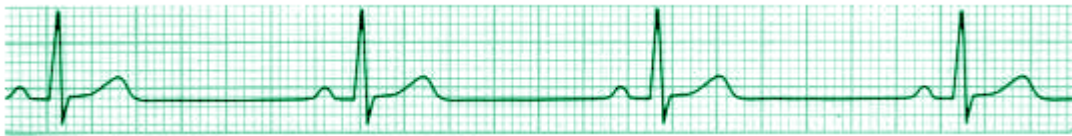
Irregular rhythm



Sinus Bradycardia (normalny spowolnienie)

Sinus bradycardia (**brady - slow**) occurs when the heart's rate is slower than **60 beats per minute**. The sinus bradycardia rhythm is similar to normal sinus rhythm, except that the RR interval is longer. Each P wave is followed by a QRS complex in a ratio of 1:1.

The EKG on the top shows normal sinus rhythm. The EKG at the bottom shows sinus bradycardia



Sinus Tachycardia – normalny przyspieszony

Sinus tachycardia (**tachy - fast**) occurs when the sinus rhythm is faster than **100 beats per minute**. The rhythm is similar to normal sinus rhythm with the exception that the RR interval is shorter, less than 0.6 seconds. P waves are present and regular and each P-wave is followed by a QRS complex in a ratio of 1:1.

The EKG on the top shows normal sinus rhythm. The EKG at the bottom shows sinus tachycardia



Atrial Flutter (trzepotanie przedsionków)

Atrial flutter occurs when the atria are stimulated to contract at 200-350 beats per minute usually because electrical impulses are traveling in a circular fashion around and around the atria.

Not every atrial flutter wave results in a QRS complex (ventricular depolarization) because the AV node acts as a filter. Some flutter waves reach the AV node when it is refractory and thus are not propagated to the ventricles.

The EKG on the top shows normal sinus rhythm. The EKG at the bottom shows atrial flutter



Atrial Fibrillation (migotanie przedsionków)

Atrial fibrillation occurs when the atria depolarize repeatedly and in an irregular uncontrolled manner usually at an atrial rate greater than 350 beats per minute. No P-waves are observed in the EKG due to the chaotic atrial depolarization.

The chaotic atrial depolarization waves penetrate the AV node in an irregular manner, resulting in irregular ventricular contractions. The QRS complexes have normal shape, due to normal ventricular conduction. However the RR intervals vary from beat to beat.

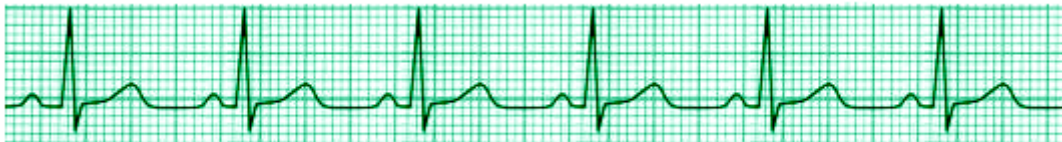
The EKG on the top shows normal sinus rhythm. The EKG at the bottom shows atrial fibrillation



Ventricular Tachycardia (częstoskurcz komorowy -VT)

Ventricular tachycardia occurs when electrical impulses originating either from the ventricles cause rapid ventricular depolarization (140-250 beats per minute). Since the impulse originates from the ventricles, the QRS complexes are wide and bizarre. Ventricular impulses can be sometimes conducted backwards to the atria, in which case, P-waves may be inverted.

The EKG on the top shows normal sinus rhythm. The two EKGs at the bottom show ventricular tachycardia



Ventricular Fibrillation (migotanie komór)

Ventricular fibrillation occurs when parts of the ventricles depolarize repeatedly in an erratic, uncoordinated manner. The EKG in ventricular fibrillation shows random, apparently unrelated waves. Usually, there is no recognizable QRS complex.

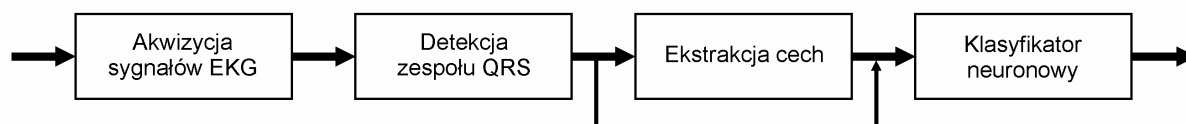
The EKG on the top shows normal sinus rhythm. The EKG at the bottom shows ventricular fibrillation



Ventricular fibrillation is almost invariably fatal because the uncoordinated contractions of ventricular myocardium result in ineffective pumping and little or no blood flow to the body. There is lack of a pulse and pulse pressure and the patients lose unconsciousness rapidly. When the patient has no pulse and respiration the patient is said to be in cardiac arrest. A person in cardiac arrest must receive CPR immediately.

Rozpoznawanie arytmii za pomocą klasyfikatorów neuronowych

W dotychczasowej praktyce za najważniejszy dla rozpoznania uważa się tak zwany segment QRS, niosący najwięcej informacji diagnostycznej. Przetworzenie informacji zawartej w tym segmencie EKG stanowić będzie podstawę diagnostyki arytmii. W procesie rozpoznania i klasyfikacji rytmów ogromną rolę odgrywa wstępne przetworzenie sygnałów, których celem jest ekstrakcja cech procesu, na podstawie których dokonane zostanie rozpoznanie a następnie klasyfikacja. Pokażemy metodę ekstrakcji cech opartą zastosowaniu aproksymacji wielomianami Hermita. Metoda ta generuje ograniczoną liczbę cech, dobrze charakteryzującą przebiegi rzeczywiste EKG i w zadowalającym stopniu różnicującą różne klasy arytmii. Rolę układu rozpoznającego i klasyfikującego sygnały na podstawie tych cech pełni sieć neuronowa.

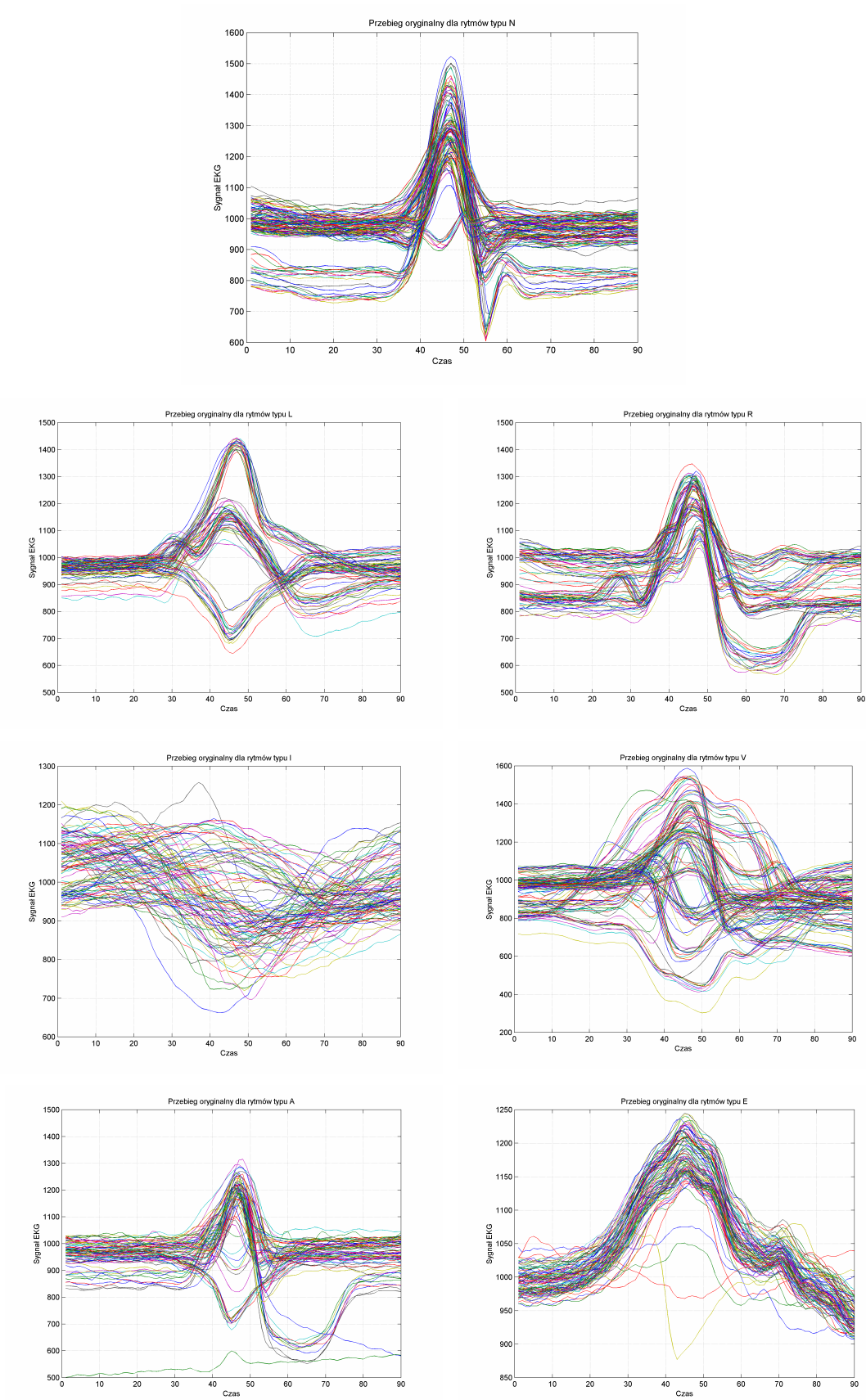


Rys. 17 Ogólny schemat systemu rozpoznania i klasyfikacji rytmów EKG

Rys. 17 przedstawia ogólny schemat systemu, zastosowany w rozwiązaniu. Zawiera on rejestrator sygnałów EKG, układ dokonujący detekcji części sygnału odpowiadającej zespołowi QRS, następnie układ przetwarzania wstępnego wyławiający cechy procesu. Ostatnim elementem jest sieć neuronowa dokonująca rozpoznania i klasyfikacji końcowej. W uczeniu i testowaniu systemu wykorzystamy bazę sygnałów EKG zwaną MIT - BIH Arrhythmia Database [11].

EKSTRAKCJA CECH

Podstawowym problemem przy rozpoznaniu różnych rytmów serca jest duża różnorodność morfologii przebiegów. Krzywe EKG nawet dla jednego pacjenta i jednego rodzaju rytmu mogą różnić się w sposób znaczący od siebie. Wystąpić może również znaczne podobieństwo między rytмами różnych typów.



Rys. 18 Przykładowe przebiegi EKG dla różnego typu arytmii oraz rytmu zatokowego

Na rys. 18 przedstawiono zbiór rytmów typu N (rytm normalny zatokowy) oraz 6 różnych rodzajów arytmii z bazy MIT. Są to:

- rytm zatokowy – normalny (N)
- blok lewej odnogi pęczka Hissa (L),
- blok prawej odnogi pęczka Hissa (R),
- przedwczesne pobudzenie przedsionkowe komorowe (A),
- przedwczesny skurcz komory (V),
- migotanie przedsionków (I),
- wtrącone pobudzenie komorowe (E).

Jak widać zarówno w przypadku rytmów normalnych jak i arytmii istnieje duże zróżnicowanie między poszczególnymi obserwacjami które utrudnia proces rozpoznania i klasyfikacji. W pracy przedstawimy metodę wstępnego przetworzenia sygnałów opartą na aproksymacji sygnału poprzez rozwinięcie w szereg funkcji Hermita oraz opis sygnałów za pomocą kumulantów wyższych rzędów.

W metodzie rozwinięcia Hermita wykorzystuje się podobieństwo kształtu wielomianów Hermita wyższych rzędów oraz fragmentów przebiegu EKG[10]. Współczynniki rozwinięcia w szereg Hermita stanowią cechy sygnału EKG, wykorzystywane dalej w rozpoznaniu rytmu. Przy oznaczeniu sygnału EKG w postaci $x(t)$ jego rozwinięcie w szereg Hermita może być zapisane w postaci zależności

$$x(t) = \sum_{n=0}^{N-1} c_n \phi_n(t, \sigma) \quad (11)$$

gdzie

$$\phi_n(t, \sigma) = \frac{1}{\sqrt{\sigma 2^n n! \sqrt{\pi}}} e^{-t^2/2\sigma^2} H_n(t/\sigma) \quad (12)$$

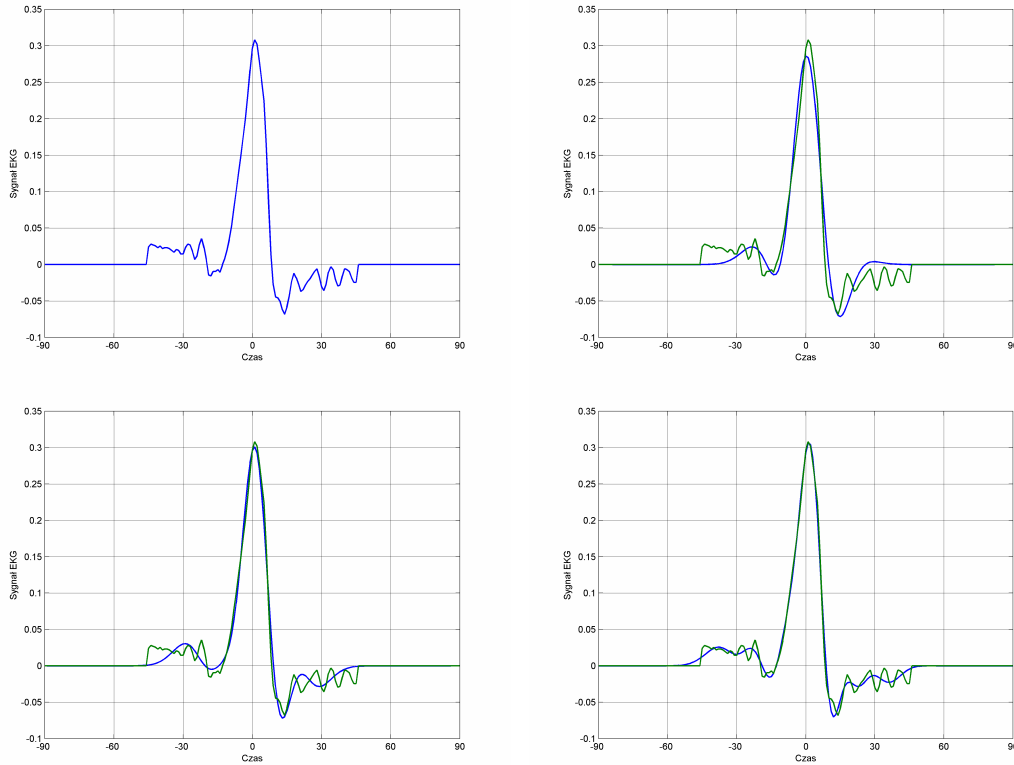
a $H_n(t/\sigma)$ jest wielomianem Hermita n-tego rzędu. W definicji tego wielomianu zakłada się $H_0(x) = 1$ oraz $H_1(x) = 2x$. Przy takim założeniu wielomiany Hermita wyższych rzędów definiuje się rekurencyjnie w postaci

$$H_n(x) = 2xH_{n-1}(x) - 2(n-1)H_{n-2}(x) \quad (13)$$

dla kolejnych wartości n, n=2, 3,....

Dla zilustrowania sposobu aproksymacji zespołu QRS poprzez wielomiany Hermita rozważmy wybrany przebieg oryginalny EKG przedstawiony na rys. 19. Dla potrzeb obliczeniowych przyjmujemy jego reprezentację w postaci 91 punktów rozmieszczonych równomiernie wokół punktu R (45 punktów przed i 45 po tym punkcie) . Przyjęta liczba punktów jest wystarczająca do odtworzenia zespołów QRS zdecydowanej większości przebiegów EKG (przy próbkowaniu z częstotliwością 360kHz odpowiada to oknu o długości około 250ms). Dodatkowo dla uzyskania lepszej reprezentacji Hermita na krańcach przedziału przebieg oryginalny został uzupełniony 45 zerami z każdej strony (podwojenie

liczby punktów). Przebieg oryginalny został znormalizowany przez odjęcie wartości średniej pierwszego i ostatniego punktu danych oryginalnych. W eksperymentach numerycznych przyjęto znormalizowaną wartość parametru $\sigma = 1$. Tak zmodyfikowany przebieg EKG w zakresie QRS został rozłożony na szereg funkcji Hermita i przedstawiony jako ich liniowa superpozycja wg wzoru (11).



Rys. 19 Ilustracja metody aproksymacji krzywych EKG (zespół QRS) poprzez wielomiany Hermita różnych rzędów: a) krzywa oryginalna, b) 6 wielomianów, c) 9 wielomianów, d) 15 wielomianów.

Rys. 19 przedstawiają uzyskane wyniki aproksymacji przy zastosowaniu różnych liczb wielomianów użytych w reprezentacji: 6, 9 i 15. Już przy 15 wielomianach uzyskuje się dobre odwzorowanie głównych cech zespołu QRS (czas trwania, kształt, itp.).

Another approach to the feature generation is the application of the statistical description of the QRS curves. Three types of statistics have been applied: the second-, third- and fourth-order cumulants. The cumulants are the coefficients of the Taylor expansion of the cumulant generating function. They can be also expressed in terms of the well known statistical moments as their linear or non-linear combinations. For zero mean statistical process $x(t)$ the 2nd and 3rd order cumulants are equal to their corresponding moments

$$c_{2x}(\tau_1) = m_{2x}(\tau_1) \quad (14)$$

$$c_{3x}(\tau_1, \tau_2) = m_{3x}(\tau_1, \tau_2) \quad (15)$$

where the n th-order moment of $x(k)$, $m_{nx}(\tau_1, \tau_2, \dots, \tau_{n-1})$ is formally defined as the coefficient in the Taylor expansion of the moment generating function [12]. Equivalently each n th-order

statistical moment can be calculated by taking an expectation over the process multiplied by (n-1) lagged versions of itself. The expression of the 4th-order cumulants is a bit more complex [12]:

$$c_{4x}(\tau_1, \tau_2, \tau_3) = m_{4x}(\tau_1, \tau_2, \tau_3) - m_{2x}(\tau_1)m_{2x}(\tau_3 - \tau_2) + m_{2x}(\tau_2)m_{2x}(\tau_3 - \tau_1) - m_{2x}(\tau_3)m_{2x}(\tau_2 - \tau_1) \quad (16)$$

In these expressions c_{nx} means the n^{th} order cumulant and m_{nx} - the n^{th} order statistical moment of the process $x(k)$, while τ_1, τ_2, τ_3 are the time lags.

As the features used in the heart rhythm recognition we have chosen the values of the cumulants of the 2nd, 3rd and 4th orders at five points distributed evenly within the QRS length (for the 3rd and 4th order cumulants the diagonal slices have been calculated). We have chosen 5 point representation to achieve the number of features comparable with Hermite representation. For 91-element vector representation of the QRS complex the cumulants corresponding to the time lags of 15, 30, 45, 60 and 75 have been chosen. **Additionally we have added two temporal features: one corresponding to the instantaneous RR interval of the beat and the second representing the average RR interval of 10 preceding beats. In this way each beat has been represented here by the 17-element feature vector, with the first 15 elements corresponding to the higher order statistics of QRS complex (the second, third and fourth order cumulants, each represented by 5 values) and the last two - the temporal features of the actual QRS signal.**

Application of the cumulant characterization of QRS complexes reduces the relative spread of the ECG characteristics belonging to the same type of heart rhythm and in this way makes the classification easier. This is well seen on the example of the variance of the signals corresponding to the normal (N) and abnormal (L, R, A, V, I, E) beats. Table 13.1 presents the values of variance for the chosen 7 types of the normalized heart beats (the original QRS complex) and their cumulant characterizations for over 6600 registered beats.

It is evident that the variance of the cumulant characteristics has been significantly reduced with respect to the variance of the original signals. It means that the spreads of parameter values characterizing the ECG signals belonging to the same class are now smaller and this makes the recognition problem much easier. This phenomenon has been confirmed by many numerical experiments for all types of beats existing in MIT BIH AD.

Table 1 The variance of the chosen heart rhythms and their cumulants characterizations

| Rhythm type | Original QRS signals | 2 nd order cumulants | 3 rd order cumulants | 4 th order cumulants |
|-------------|----------------------|---------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|
| N | 0.74E-2 | 0.31E-2 | 0.28E-2 | 0.24E-2 |
| L | 1.46E-2 | 0.60E-2 | 1.03E-2 | 0.51E-2 |
| R | 1.49E-2 | 0.94E-2 | 1.06E-2 | 0.55E-2 |
| A | 1.47E-2 | 0.67E-2 | 0.85E-2 | 0.38E-2 |
| V | 1.64E-2 | 0.68E-2 | 0.71E-2 | 0.54E-2 |
| I | 1.72E-2 | 0.52E-2 | 0.34E-2 | 0.24E-2 |
| E | 0.59E-2 | 0.42E-2 | 0.40E-2 | 0.60E-2 |

THE NEURAL CLASSIFIERS

Different classifier solutions can be applied in practice. In this paper we will consider only the neural classifiers of different types. The considered classifiers include: the neuro-fuzzy networks of the modified Takagi-Sugeno-Kang (TSK) structure, the hybrid network and Support Vector Machine (SVM). They form variety of classifying systems relying their performance on different aspects of signal processing. Hence we may assume that their actions are to some degree independent from each other, establishing good prospects for integration their results.

Hybrid fuzzy network

The hybrid fuzzy network [10] is the combination of the fuzzy self-organizing layer and the multilayer perceptron (MLP) connected in cascade (generalization of the so called Hecht-Nielsen counter-propagation network). The fuzzy self-organizing layer is responsible for the fuzzy clusterization of the input data, in which the vector \mathbf{x} is pre-classified to all clusters with different membership grades. The particular membership value of some data vector \mathbf{x}_j to the cluster of the center \mathbf{c}_i is defined by the equation

$$u_{ij}(\mathbf{x}_j) = \frac{1}{\sum_{k=1}^c (d_{ij} / d_{kj})^2} \quad (17)$$

where c is the number of clusters and $d_{ij} = \|\mathbf{x}_j - \mathbf{c}_i\|$. The position of the center of each cluster is adjusted in the learning procedure over all learning vectors \mathbf{x}_j . In our work we have applied the c-means algorithm [5].

The signals of the self-organizing neurons (the membership grades) form the input vector to the second subnetwork of MLP. MLP consists of many simple neuron-like processing units of sigmoidal activation function, grouped together in layers. Information is processed locally in each unit by computing the dot product between the corresponding input vector and the weight vector of the neuron. Traditionally training the network to produce a desired output vector when presented with an input vector involves systematically changing the weights of all neurons until the network produces the desired output within a given tolerance (error).

The MLP part of the hybrid network is responsible for the association of the input vector with the appropriate class (the final classification). It is trained after the first self-organizing layer has been established. The training algorithm is identical to that used in training MLP alone [2].

TSK neuro-fuzzy network

Another neuro-fuzzy network involved in comparison is the modified Takagi-Sugeno-Kang (TSK) network [12]. It is implemented in the neuro-like structure realizing the fuzzy inference rules with the crisp TSK conclusion, described by the linear function. The TSK network can be associated with the approximation function $y(\mathbf{x})$

$$y(\mathbf{x}_j) = \sum_{i=1}^K \mu_{ij}(\mathbf{x}_j) \left[p_{i0} + \sum_{k=1}^N p_{ik} x_k \right] \quad (18)$$

where $\mu_{ij}(\mathbf{x})$ is described by (17) and p_{ik} are the coefficients of the linear TSK functions $f_i(\mathbf{x}) = p_{i0} + \sum_{k=1}^N p_{ik} x_k$.

The parameters of the premise part of the inference rules (the membership values $\mu_{ij}(\mathbf{x}_j)$) are selected very precisely using Gustafson-Kessel self-organization algorithm [12]. After then they are frozen and don't take part in further adaptation. It means that at application of the input vector \mathbf{x}_j ($j = 1, 2, \dots, p$) to the network, the membership values $\mu_{ij}(\mathbf{x}_j)$ are constant. The remaining parameters p_{ij} of the linear TSK functions can be then easily obtained by solving the set of linear equations following from equating the actual values of $y(\mathbf{x}_j)$ and the

destination values d_j for $j=1, 2, \dots, p$. The determination of these variables can be done in one step by using the singular value decomposition (SVD) algorithm and the pseudo-inverse technique.

SVM classifier

The last classifier involved in the ensemble is the Support Vector Machine network [13,14]. It is known as the efficient tool for the classification problems, of a very good generalization ability. The SVM is a linear machine working in the high dimensional feature space formed by the nonlinear mapping of the n -dimensional input vector \mathbf{x} into a K -dimensional feature space ($K > n$) through the use of the nonlinear function $\phi(\mathbf{x})$. The equation of the hyperplane separating two classes is defined in terms of these functions

$$y(\mathbf{x}) = \sum_{j=1}^K w_j \phi_j(\mathbf{x}) + b = 0, \text{ where } b \text{ is the bias, and } w_j \text{ the synaptic weight of the network. The}$$

parameters of this separating hyperplane are adjusted in a way to maximize the distance between the closest representatives of both classes. In practice the learning problem of SVM is solved in two stages involving the solution of the primary and dual problems [13,14].

The most distinctive fact about SVM is that the learning task is simplified to the quadratic programming by introducing the Lagrange multipliers α_i . All operations in learning and testing modes are done in SVM using kernel functions $K(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i)$, satisfying the Mercer conditions [13,14]. The most known kernels are Gaussian, polynomial, linear or spline functions. The output signal $y(\mathbf{x})$ of the SVM network is finally determined as

$$y(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^p \alpha_i d_i K(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}) + b \quad (19)$$

where $d_i = \pm 1$ is the binary destination value associated with the input vector \mathbf{x}_i . The positive value of the output signal means membership of the vector \mathbf{x} to the particular class, while the negative one – to the opposite one. Although the SVM separates the data into two classes only, the recognition of more classes is straightforward by applying either one against one or one against all methods [3]. The more powerful is one against one approach, in which many SVM networks are trained to recognize between all combinations of two classes of data. For N classes we have to train $N(N-1)/2$ individual SVM networks. In the retrieval mode the vector \mathbf{x} belongs to the class of the highest number of winnings in all combinations of classes.

THE METHODS OF CLASSIFIER INTEGRATION

The general view of the ensemble system of many classifiers is shown in Fig. 1 [7]. It is formed from M independent classifying channels, containing the preprocessing blocks P_i and neural classifiers C_i ($i=1, 2, \dots, M$), and the block integrating the results of individual classifiers.

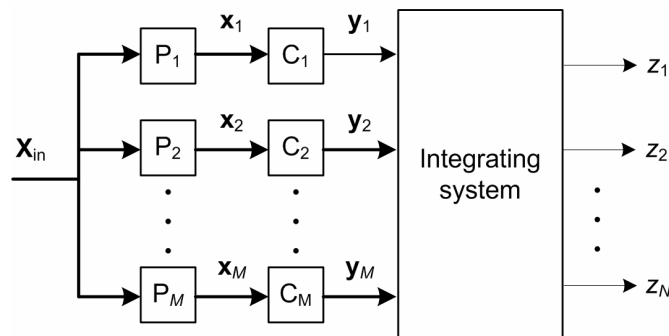


Fig. 1: The general scheme of classification using many classifiers

The measured signals of the process form the vector \mathbf{x}_{in} , subject to the preprocessing in the preprocessing blocks P_i ($i=1, 2, \dots, M$). The preprocessors may be of various kinds, stressing different aspects of signal. The features generated by the preprocessors form the vectors \mathbf{x}_i applied to the neural classifiers C_i . These vectors may vary in many aspects, including even the size (the number of diagnostic features). Each classifier has N outputs (N classes) and the output signals of each classifier are arranged in the form of vectors \mathbf{y}_i for $i=1, 2, \dots, M$, where M is the number of classification channels. These vectors are combined in the integrating unit to form one final output vector \mathbf{z} of the classifier ($\mathbf{z} \in R^N$). The highest value of elements of \mathbf{z} indicates the membership to the appropriate class.

The integration of many classifiers into one ensemble of networks may be done using different methodologies. We will apply here four different approaches. They include: the simple majority voting, the weighted voting, Kullback-Leibler divergence method and the modified Bayes combination.

The majority voting

Suppose we have M neural network classifiers, which were trained on the same data. The committee of these classifiers assigns the pattern to the class that obtains the majority of the votes. Each classifier has the same influence on the final score. The majority voting is effective when the probability pr for each classifier to give the correct class label is equal for all input vectors \mathbf{x}_i and at the same time the classifier outputs are independent. However even in this case we can expect improvement over the individual accuracy pr only when pr is higher than 0.5 [6]. In the other case the majority voting integration does not bring any improvement over the individual classifier results.

The weighted voting

If the classifiers in the ensemble system are not of the same accuracy then it is reasonable to give more competent classifiers more power for the final decision. The weighted majority voting combines the results of M classifiers with the weights according to the accuracy of each classifier obtained for the learning data. This is done through the integrating matrix \mathbf{W} to form one response of the classifying system [11]. Let us denote by \mathbf{y}_i the vector of the classification results of i th classifier and by \mathbf{z} the output vector of the ensemble system. The number of learning data pairs is denoted by p . The result of integration of all classifiers at the presentation of one particular input vector \mathbf{x}_{in} can be expressed now by the relation

$$\mathbf{z} = \mathbf{W}\mathbf{y} \quad (20)$$

where $\mathbf{y} = [\mathbf{y}_1^T, \mathbf{y}_2^T, \dots, \mathbf{y}_M^T]^T$ and $\mathbf{W} \in R^{N \times NM}$. The position of the highest value element of \mathbf{z} indicates the membership to the appropriate class. In adjusting the values of elements of the weight matrix \mathbf{W} we have applied the minimization of the sum of squared error of the whole ensemble of the classifiers, measured on the learning data set [11]. This minimization leads to the solution expressed through the Moore-Penrose pseudoinverse in the form $\mathbf{W} = \mathbf{D}\mathbf{Y}^+$, where \mathbf{Y} is the $NM \times p$ matrix composed of p vectors \mathbf{y} corresponding to p results of individual M classifications for learning data and \mathbf{D} is the appropriate $N \times p$ matrix formed by the destination vectors associated with each learning pair of data.

Kullback-Leibler divergence method

Kullback-Leibler divergence measures the distance between the prior distribution and a posterior distribution. It is interpreted as the amount of information needed to change the prior probability distribution into the posterior one. In Kullback-Leibler divergence method [6] we

calculate the ensemble probability μ_j supporting the j th class given the actual input vector \mathbf{x}_{in} , as the normalized arithmetic mean

$$\mu_j = \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M d_{ij} \quad (21)$$

where d_{ij} means the probability of indicating j th class by i th classifier for the data of this class. This probability is determined in the testing mode for each multiple output classifier on the basis of the signal values on each output. In the case of one output classifier (for example SVM) we apply the one against one approach and the probability of each class is equal to the ratio of the number of victories of j th class to all possible indications. Observe that at two classes and 0-1 membership value to the particular class the Kullback-Leibler method is equivalent to the simple majority voting.

The modified naive Bayes combination

This method assumes that the classifiers are mutually independent given a class label. We apply here the modification of the naive Bayes combination [6] since it gives more reliable results at zero estimated probability of any classifier. According to this modification the ensemble probability μ_j supporting the j th class is determined on the basis of the known results of testing the networks on the learning data and is given in the form

$$\mu_j = \prod_{i=1}^M \frac{cm_{js_i}^{(i)} + 1/N}{n_j + 1} \quad (22)$$

where n_j is the number of elements in training set for class j and $cm_{js_i}^{(i)}$ is the element of the confusion matrix generated for learning data of i th classifier. The (j,s) th entry of the confusion matrix is the number of elements of the data set whose true class label was j and were assigned by i th classifier to s th class.

THE RESULTS OF NUMERICAL EXPERIMENTS

The data base

The numerical experiments have been directed for the recognition of the heartbeat type on the basis of the ECG waveform. The recognition of arrhythmia is performed on the basis of the QRS segments of the registered ECG waveforms for 7 patients. The data have been taken from the MIT BIH Arrhythmia Database [8]. The important difficulty of the accurate recognition of the arrhythmia type is the large variability of the morphology of the EEG rhythms belonging to the same class [8]. Moreover the beats belonging to different classes are also morphologically alike to each other. Their frequency representation is also similar occupying the same region of frequencies. Hence the confusion of different classes is very likely.

In our numerical experiments we have considered six types of arrhythmia: left bundle branch block (L), right bundle branch block (R), atrial premature beat (A), ventricular premature beat (V), ventricular flutter wave (I), ventricular escape beat (E), and the waveforms corresponding to the normal sinus rhythm (N). All these 7 rhythms have been discovered at one patient. So this kind of experiment may be regarded as the individual classifier specialized for the single patient. 3500 data pairs have been generated for the purpose of learning and 3068 were used for testing purposes. Table 1 presents the number of representatives of all seven beat types used in testing of the trained system.

Table 1 The number of testing samples of each beat type

| Beat | N | L | R | A | V | I | E |
|------|---|---|---|---|---|---|---|
|------|---|---|---|---|---|---|---|

| type | | | | | | | |
|-----------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|----|
| Number of beats | 935 | 561 | 485 | 398 | 451 | 201 | 37 |

The limited number of representatives of some beat types (for example E or I) is the result of the limitation of the MIT BIH database [8].

The results of numerical experiments

In solving the problem of arrhythmia recognition we have relied on two sets of features. One set is related to the higher order statistics (HOS) and the second to the Hermite basis function expansion (HER) of the QRS part of the ECG waveform. Three different classifiers have been applied: SVM, Hybrid and TSK. All of them have been trained separately on both sets of features (HOS and HER) and their results have been combined together. In this way the ensemble of 6 recognition systems have been created. The integration of the results of all classifiers has been done using four presented above methods. We will limit the presentation of the results to the testing mode only, the most important from the practical point of view. The results are given in the form of the relative classification error, calculated as the ratio of all misclassification cases to the number of samples used in testing.

Table 2 presents the results of testing all individual classifiers and the ensemble system integrated according to different methodologies. All classifier networks have been first learned on the same learning data set and then tested on another testing data set, the same in all cases. The best results of single classifiers refer to the application of SVM-HER methodology (Hermite expansion for generation of features and SVM network classifier) and Hybrid-HOS (HOS representation for generation of features and hybrid network classifier). The worst results have been obtained at the application of TSK-HER solution (TSK classifier in combination with Hermite preprocessing of data). The relative difference between the accuracy of the best and worse classifier is very large (more than 60%). In spite of large difference of the quality of the individual recognition systems even the simple majority voting was able to improve results significantly. However the best results have been obtained at the application of the weighted majority voting. The best individual result of 1.96% of relative misclassification (SVM-HER) has been improved to 1.37% (over 30% of relative improvement) in this case. Observe that all integration methods have improved the final accuracy of recognition in comparison to the best individual classification system.

Table 2 The average misclassification rate for the family of 7 beat types (the individual classifiers and ensemble of classifiers)

| No | Classifier system | Testing error |
|----|-----------------------|---------------|
| 1 | Hybrid-HER (H-HER) | 2.93% |
| 2 | Hybrid-HOS (H-HOS) | 2.35% |
| 3 | TSK-HER (T-HER) | 3.26% |
| 4 | TSK-HOS (T-HOS) | 2.71% |
| 5 | SVM-HER (S-HER) | 1.96% |
| 6 | SVM-HOS (S-HOS) | 2.80% |
| 7 | Majority voting (MV) | 1.63% |
| 8 | Weighted voting (WV) | 1.37% |
| 9 | Kullback-Leibler (KL) | 1.47% |

| | | |
|----|---------------------|-------|
| 10 | Modified Bayes (MB) | 1.56% |
|----|---------------------|-------|

Generally we may state that integration of many classifiers improves the recognition results significantly. The improvement rate depends on the applied integration scheme and the quality of the individual classifiers. Fig. 2 presents the relative improvement of the final classification results of the ensemble obtained thanks to the applied integration method. Fig. 2a illustrates the improvement with regards to the best individual classifier (SVM-HER) and Fig. 2b to the worst one (TSK-HER).

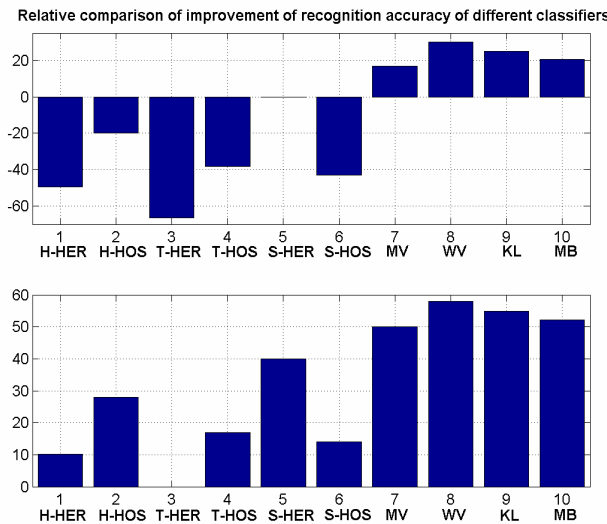


Fig. 2 The relative improvement of different integration methods with respect to a) the best, b) the worst individual classifier

The notations used on the horizontal axis of the figure mean the type of the recognition system, for example H-HER means Hybrid-HER system, etc. It is seen that the relative improvement of the best integration scheme (weighted majority voting) with respect to the best individual classifier (SVM-HER) is over 30% and with respect to the worst one (TSK-HER) almost 60%. The results prove that integrating the results of many classifiers of even not equal quality brings the significant improvement of the quality of performance of the whole classifier system.

The quality of results can be assessed in details on the basis of the error distribution within different beat types. Table 3 presents the distribution of classification errors for the testing data in the form of the confusion matrix divided into different beat types. These results correspond to the best integration scheme. The diagonal entries of this matrix represent right recognition of the beat type and the off diagonal – the misclassifications. The column presents how the beats of particular type have been classified. The row indicates which beats have been classified as the type mentioned in this row. Thanks to the confusion matrix we can easily analyze which classes have been confused by our classifying system.

Table 3 The confusion matrix of the integrated classifying system for 7 types of rhythms of testing data

| | N | L | R | A | V | I | E |
|---|-----|-----|-----|----|---|---|---|
| N | 921 | 1 | 1 | 12 | 0 | 0 | 0 |
| L | 1 | 553 | 0 | 2 | 4 | 1 | 0 |
| R | 1 | 0 | 482 | 1 | 0 | 1 | 0 |

| | | | | | | | |
|----------|---|---|---|-----|-----|-----|----|
| A | 7 | 0 | 2 | 388 | 1 | 0 | 0 |
| B | 0 | 2 | 0 | 1 | 488 | 0 | 0 |
| I | 0 | 0 | 0 | 1 | 2 | 198 | 0 |
| E | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 36 |

The analysis of the error distribution shows that some classes are confused more frequently than the others. It is evident that most misclassifications have been committed between two classes: N and A (12 N-rhythms have been classified as A-rhythms and 7 A-rhythms have been recognized as N-rhythms). This confusion is the result of large similarity of ECG waveforms for these two rhythms.

The last but not least aspect of heart beat recognition is the analysis of how the abnormal rhythms have been separated from the normal one. In practice the most dangerous case is when the ill person is diagnosed as the healthy one (false negative diagnosed patient). To deal with such case we have introduced the quality measure equal to the number of all false negative diagnosed patients. Analyzing the obtained results we have noticed the evident improvement of this quality measure for the integration schemes, both in learning and in the testing mode. Table 4 presents the number of the false negative diagnoses for the individual classifiers and for all integrated systems under investigation. The results correspond to the testing data, not taking part in learning. The best results in terms of the number of the false negative diagnoses have been obtained for most of the integration methods (except Kullback-Leibler approach). Fig. 3 presents the distribution of the false negative cases for all proposed solutions (the individual classifiers and all integration schemes).

Table 4 The comparison of the number of false negative diagnoses for different solution of the classifying systems

| No | Classifier system | No of false negative cases |
|-----------|--------------------------|-----------------------------------|
| 1 | Hybrid-HER | 22 |
| 2 | Hybrid-HOS | 10 |
| 3 | TSK-HER | 23 |
| 4 | TSK-HOS | 36 |
| 5 | SVM-HER | 14 |
| 6 | SVM-HOS | 11 |
| 7 | Majority voting | 9 |
| 8 | Weighted voting | 9 |
| 9 | Kullback-Leibler | 11 |
| 10 | Modified Bayes | 9 |

The interesting fact is that most of the integration schemes have produced the same number of false negative diagnoses, much better than the average number obtained at application of individual classifiers. Only the Kullback-Leibler method has produced slightly worse results.

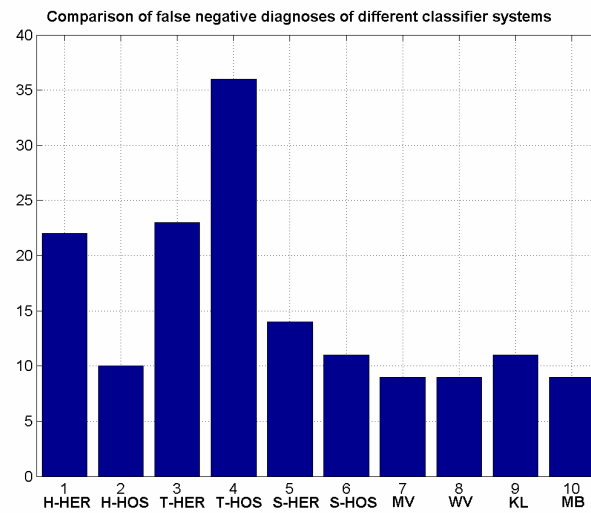


Fig. 3 The comparison of the number of the false negative cases corresponding to the individual classifiers and to different ensemble systems