

# Moduł HeartClass

MICHAŁ CISZEWSKI, ŁUKASZ DUDEK, KRYSTIAN MUCHA

Akademia Górniczo - Hutnicza w Krakowie

Na przedmiot: Elektroniczne Systemy Diagnostyki Medycznej i Terapii

## SPIS TREŚCI

<b>I Wstęp</b>	<b>1</b>
<b>II Koncepcja proponowanego rozwiązania</b>	<b>3</b>
I Ekstrakcja cech . . . . .	3
II Klasteryzacja . . . . .	3
III Klasyfikacja . . . . .	5
<b>III Rezultaty i wnioski</b>	<b>7</b>
<b>IV Podsumowanie</b>	<b>7</b>
<b>V Bibliografia</b>	<b>7</b>

## Streszczenie

*Niniejszy artykuł dotyczy części programu do analizy sygnału elektrokardiograficznego, aby wykrywać w nim wszelkie niezgodności z normami. Ten moduł, nazwany "HeartClass", służy do analizy załamków QRS i grupowania ich według odpowiednio zdefiniowanego podobieństwa.*

**Słowa kluczowe:** elektrokardiografia, klasyfikacja załamków QRS, algorytm k-średnich, algorytm G-średnich, metoda wektorów nośnych.

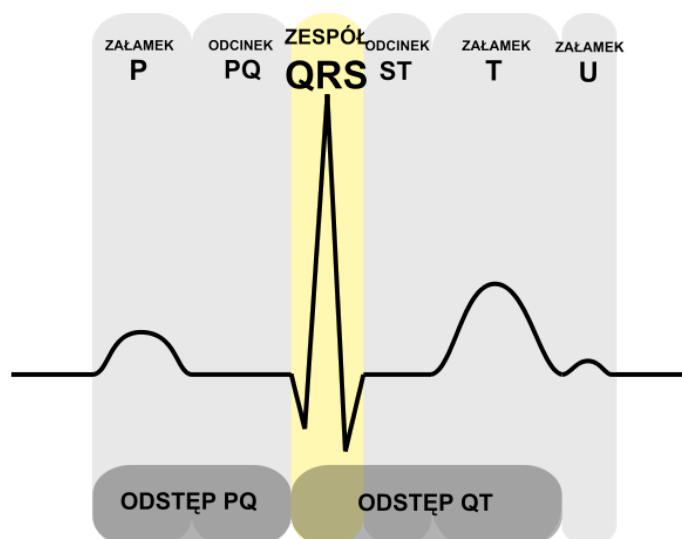
## I. WSTĘP

Elektrokardiogram jest jednym z najefektywniejszych narzędzi diagnostycznych do wykrywania chorób serca. EKG dostarcza prawie wszystkich informacji o aktywności elektrycznej serca. Typowy sygnał EKG składa się z załamka P, zespołu QRS oraz załamków T i U. Spośród wszystkich tych elementów sygnału elektrokardiograficznego najbardziej charakterystycznym i zarazem najbardziej znaczącym jest zespół QRS. Na podstawie jego kształtu można zdiagnozować różne dysfunkcje serca, dlatego jego automatyczna klasyfikacja jest ważnym zagadnieniem.

Zespół QRS opisuje pobudzenie mięśni serca i składa się z jednego lub kilku załamków określanych jako Q, R i S.

1. Załamek R – każdy załamek dodatni w obrębie zespołu QRS.
2. Załamek Q – pierwszy ujemny załamek widoczny przed załamkiem R.
3. Załamek S – pierwszy ujemny załamek widoczny po załamku R.

Przykładowy (wyidealizowany) zespół QRS widoczny jest na rys. 1, przedstawiającym schematyczny fragment zapisu elektrokardiograficznego.



**Rysunek 1:** Wyidealizowany schemat zapisu EKG z zaznaczonym zespołem QRS. Źródło [1]

Klasyfikacja zespołu QRS ma na celu wyodrębnienie grup zespołów podobnych (w zadanym zakresie tolerancji). Odmienny kształt zespołu jest konsekwencją odmiennie przebiegającego pobudzenia. Klasyfikacja polega na stwierdzeniu przynależności klasyfikowanego zespołu do jednej z istniejących klas albo tworzenie nowych klas, jeżeli przynależności nie stwierdzono [2].

Celem opisywanego modułu jest wyliczenie liczby klas zespołów QRS, określenie reprezentantów każdej z nich oraz oznaczenie klas zespołów QRS na wykresie EKG. Wyodrębnienie klas QRS występujących w sygnale EKG pozwala na określenie prawidłowości rytmu pracy serca. Z reguły nieregularności mają charakter przejściowy, dlatego ich poprawne wyznaczenie wymaga przeprowadzenia 24-godzinnego badania pracy serca, czyli testu Holtera [3].

Rozwiązanie przyjęte w niniejszej pracy opiera się o ekstrakcję cech z sygnału EKG, klasteryzacji otrzymanych danych przy pomocy algorytmu G-średnich oraz klasyfikacji z wykorzystaniem maszyny wektorów nośnych. Dobór tych metod jest zgodny z wyborem poprzedniego zespołu projektowego, jako że celem niniejszej pracy jest porównanie działania jednego algorytmu realizowanego w różnych językach programowania. Założono, że dane wejściowe dostarczone przez poprzednie moduły są poprawne.

W literaturze można spotkać się z różnymi podejściami do klasyfikacji zespołów QRS. W [4] autorzy zaproponowali algorytm polegający na wykorzystaniu liniowej analizy dyskryminacyjnej (LDA) w celu zredukowania wymiaru przestrzeni cech. Do klasyfikacji zastosowano maszynę wektorów nośnych (SVM). Ponadto w pracy tej podjęto próbę klasyfikacji przy pomocy MLP (ang. Multilayer Perceptrons) oraz klasyfikatora FIS (ang. Fuzzy Inference System). Najlepsze rezultaty autorzy otrzymali wykorzystując SVM. Podobne podejście zastosowano w [5], gdzie dodatkowo w celu ograniczenia zakłóceń oraz ekstrakcji cech wykorzystano transformację falkową. W [6] autorzy stworzyli adaptacyjny algorytm, działający w czasie rzeczywistym, klasyfikujący zespoły QRS. Zaproponowane rozwiązanie bazuje na modelu funkcji Hermite'a. W innej pracy autorzy wyekstrahowali cztery konkretne cechy z sygnału EKG, aby następnie wykorzystać odległość Mahalanobisa jako kryterium klasyfikacji [7].

## II. KONCEPCJA PROPONOWANEGO ROZWIĄZANIA

Algorytm klasyfikacji załamków QRS został podzielony na trzy części. Najpierw dane wejściowe zostają znormalizowane i skwantyzowane, następnie przeprowadzana jest procedura ekstrakcji cech. W drugiej części następuje klasteryzacja wektorów cech zespołów QRS. Polega to na grupowaniu tych danych w klasy, które mają najwięcej wspólnego - leżą najbliżej siebie w przestrzeni o wymiarze równym liczbie porównywanych cech (stosowana jest tutaj metryka Euklidesowa). Warto zaznaczyć, iż każdy współczynnik reprezentuje inną wielkość i z tego powodu wartość tolerancji jest dobierana dla każdego z nich indywidualnie. Do klasteryzacji wykorzystywany jest algorytm G-średnich (ang. "G-means"). W ostatnim kroku następuje klasyfikacja, czyli przyporządkowanie każdego zespołu QRS do jednej z klas. W tym celu wykorzystywana jest metoda wektorów nośnych (ang. Support Vector Machine", w skrócie SVM).

Dobór tych metod - w tym również wybór klasyfikacji na podstawie wektorów cech, a nie sygnałów - został dokonany przez poprzedni zespół projektowy, a zadaniem autorów niniejszego raportu było przeprowadzenie porównania funkcjonowania tych metod w trzech innych językach programowania niż oryginalny język implementacji.

### I. Ekstrakcja cech

Zadaniem tej części zastosowanego algorytmu jest wyliczenie pewnych istotnych wskaźników charakteryzujących zespół QRS na podstawie znormalizowanych danych wejściowych. Bazując na implementacji poprzedniego zespołu projektowego, stosowane są współczynniki wymienione poniżej [3].

1. Początek i koniec całego zespołu QRS,
2. Wartość szczytowa załamka R,
3. Interwał między poprzednim a rozważanym załamkiem R,
4. Interwał między rozważanym a kolejnym załamkiem R,
5. Wartość szczytowa oraz koniec załamka T,
6. Początek, wartość szczytowa i koniec załamka P.

Wszystkie te współczynniki powinny być zapisywane po synchronizacji wszystkich wykrytych zespołów, na przykład względem pozycji załamka R [2].

### II. Klasteryzacja

Jak już zostało wspomniane, do grupowania danych w klastry (klasy) użyto algorytmu G-średnich. Jest rozszerzeniem popularnej metody k-średnich, która polega na dobraniu  $k$  klas w zbiorze danych tak, aby każdy punkt należał do klasy, do której środka ciężkości ma najbliżej [8].

Przyjęto, że dane, które należy pogrupować to  $d$ -wymiarowe wektory należące do zbioru  $X$  o liczności  $n$ .  $S$  to zbiór klas, a więc  $S_j = \{x_i \in X | klasa(x_i) = j\}$  dla  $i = 1, 2, \dots, n$ . Zbiór środków ciężkości klas oznaczony został literą  $C$  i zdefiniowany jako:  $C = \{c_j = \frac{\sum_{x \in S_j} x}{|S_j|}\}$  dla  $j = 1, 2, \dots, k$ . Cel algorytmu k-średnich to minimalizacja wyrażenia przedstawionego wzorem 1.

$$\sum_{j=1}^k \sum_{x \in S_j} \|x - c_j\| \quad (1)$$

Poważnym problemem tego algorytmu jest fakt, iż liczba klas musi być znana bądź przyjęta z góry, co oznacza posiadanie pewnej wcześniejszej wiedzy na temat klasteryzowanego zbioru danych [9, 10]. W przypadku braku takich informacji, należy zastosować uogólnienie algorytmu k-średnich, które pozwoli dobrać optymalne  $k$  względem pewnego wskaźnika jakości. Algorytm, który został zastosowany w opisywanym module dobiera  $k$  tak, aby w każdej klasie rozkład punktów był możliwie bliski rozkładowi normalnego. Stąd też wzięta się litera "G" w nazwie - od rozkładu Gaussa [9].

Metoda G-średnich zaczyna od niewielkiej liczby klas, by później odpowiednio zwiększać  $k$  - nie jest przewidziana procedura zmniejszania tego parametru. W pierwszym kroku zwykle przyjmowane jest  $k = 1$ , z czego wynika, że  $C$  jest zbiorem jednoelementowym, zawierającym środek ciężkości całego zbioru  $X$  [9]. W każdym kroku algorytm sprawdza, czy dana klasa ma rozkład normalny, a jeśli nie, to dodaje jej dodatkowy środek. Między każdym takim dodawaniem środków jest używana procedura k-średnich, aby poprawić jakość rozwiązania.

Sprawdzenie normalności rozkładu wewnątrz klasy odbywa się za pomocą testu Andersona - Darlinga. Pozwala on rozstrzygnąć, czy znormalizowane dane są rozłożone zgodnie z pewnym rozkładem prawdopodobieństwa. Elementy zbioru danych oznaczono przez  $y_i, i = 1, 2, \dots, n$ . Wartość statystyki Andersona - Darlinga oblicza się na podstawie wzoru 2.

$$A^2 = -n - \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (2i-1)(\log(\Phi(y_i)) + \log(1 - \Phi(y_{n-i+1}))) \quad (2)$$

Gdy wartość średnia i odchylenie standardowe w testowanym zbiorze danych są obliczane na jego podstawie (a nie znane), wartość statystyki należy poprawić według wzoru 3 [9].

$$A^{2*} = A^2 \left(1 + \frac{4}{n} + \frac{25}{n^2}\right) \quad (3)$$

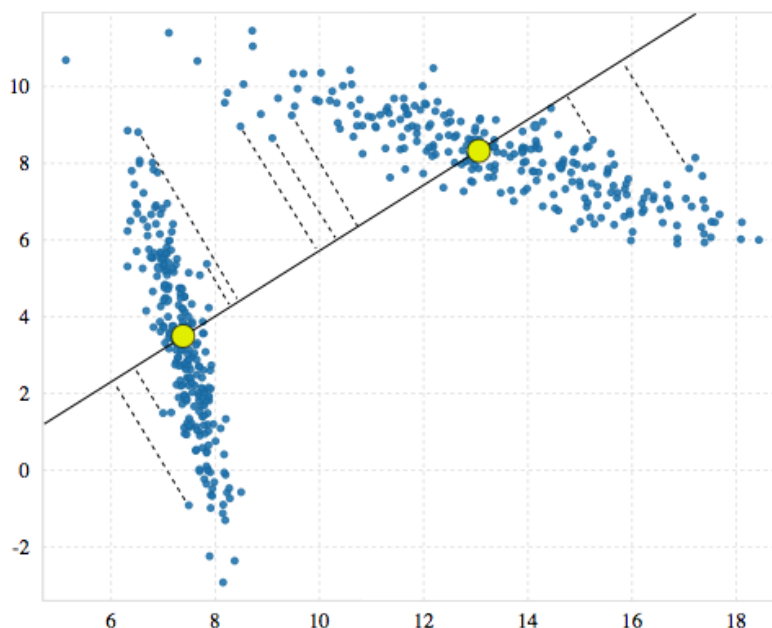
Parametrem wejściowym dla tego testu jest poziom ufności  $\alpha$ . Jest on zwykle wyrażony w procentach, bądź w ułamku dziesiętnym. Zależy od niego tzw. wartość krytyczna, czyli próg wartości statystyki, ponad którym odrzucana jest hipoteza o rozkładzie normalnym danych. Wzorem autorów algorytmu G-średnich, użyto  $\alpha = 0.0001$  [9].

Test Andersona - Darlinga można stosować tylko do jednowymiarowych danych, a więc należy sprowadzić wyjściowy zbiór (o wymiarze  $d$ ) do przestrzeni liczb rzeczywistych. W tym celu algorytm G-średnich dla każdej klasy używa metody k-średnich z  $k = 2$  oraz dwoma środkami  $c_j^{1,2} = c_j \pm m$ , gdzie  $m$  jest wektorem o normie niewielkiej w porównaniu z odległościami między punktami w klasie. Niech otrzymane w wyniku tej operacji środki to  $c^1$  oraz  $c^2$ , a wektor  $u$  opisuje odległość między nimi:  $u = c^1 - c^2$ . Cała klasa  $S_j$  jest rzutowana prostopadłe na wektor  $u$ , w wyniku czego otrzymuje się jednowymiarową przestrzeń  $S'_j$ , dla której po normalizacji stosuje się test Andersona - Darlinga. W przypadku gdy wartość statystyki jest mniejsza niż wartość krytyczna dla danej ufności, nowe środki są odrzucane. W przeciwnym razie zachowuje się je, dzieląc klasę  $S_j$  na dwie.

Rysunek 2 przedstawia przykład takiego rzutowania. Widać na nim dwa nowe środki znalezione przez metodę k-średnich dla danej klasy oraz rzutowanie prostopadłe punktów tej klasy na prostą wyznaczaną przez wektor między tymi dwoma środkami. Jak można się spodziewać, rozkład takiego zbioru danych jest bimodalny, a nie normalny, tak więc te dwa widoczne na rysunku środki zostaną przyjęte.

Cały zastosowany algorytm klasteryzacji może być przedstawiony w następujących krokach:

1. Jako parametry wejściowe przyjmij zbiór danych oraz ufność testu Andersona-Darlinga.



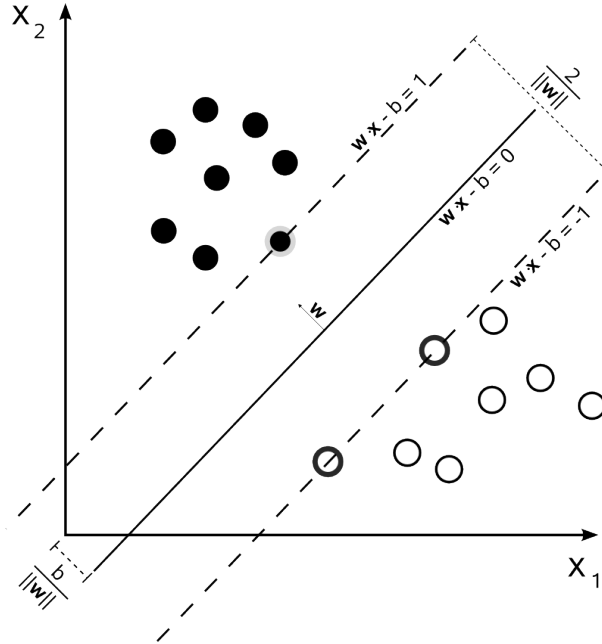
**Rysunek 2:** Przykład rzutowania zbioru danych na wektor łączący znalezione środki ciężkości. Źródło: [10]

2. Wylicz początkowy środek ciężkości:  $C = \{\bar{x}\}$ .
3. Wykonaj klasteryzację:  $C = k\text{-}\text{średnich}(X, C)$ .
4. Dla każdej klasy  $S_j$  sprawdź jej rozkład testem Andersona-Darlinga:
  - (a) Wylicz dwa środki pochodne  $c_j^1, c_j^2$ .
  - (b) Wykonaj ponowną klasteryzację:  $\{c^1, c^2\} = k\text{-}\text{średnich}(S_j, \{c_j^1, c_j^2\})$ .
  - (c) Wyznacz wektor  $u = c^1 - c^2$ .
  - (d) Wyznacz jednowymiarową przestrzeń  $S'_j$ .
  - (e) Wylicz wartość statystyki Andersona - Darlinga dla  $S'_j$ .
  - (f) Jeśli jest ona większa od wartości krytycznej, podziel klasę  $S_j$  na dwie ze środkami  $c^1$  oraz  $c^2$ . Jeśli jest mniejsza, zachowaj poprzedni środek.
5. Powtarzaj od kroku 3 dopóki żadne nowe środki nie zostaną dodane.

### III. Klasyfikacja

Aby sklasyfikować powstałe w poprzednim kroku klastry wykorzystano klasyfikator SVM (Support Vector Machine). Problem klasyfikacji wymaga podziału zbioru danych wejściowych na zbiór uczący oraz zbiór testowy. Każdy z elementów zbioru uczącego zawiera wartość oczekiwaną (np. etykieta klasy) oraz jakąś ilość atrybutów (np. wektor cech). Celem SVM jest stworzenie modelu (bazującego na danych uczących), który przewiduje nieznaną wartość oczekiwaną (etykieta) dla podanego na wejściu elementu zbioru testowego.

W najprostszej postaci klasyfikator SVM służy do wyznaczenia hiperpłaszczyzny rozdzielającej dwa liniowo separowalne zbiory. Hiperpłaszczyzna ta wyznaczana jest z maksymalnym marginesem, tzn. tak, aby suma jej odległości od najbliższych próbek z obu klas była jak największa (patrz rys. 3).



**Rysunek 3:** Dwuwymiarowy przypadek hiperpłaszczyzny rozdzielającej dwie klasy z zaznaczonym marginesem. Źródło [11]

Mając dany zbiór uczący, będący zbiorem par składających się z wektora cech oraz etykiety  $(x_i, y_i)$ ,  $i = 1, \dots, l$ , gdzie  $x_i \in \mathbb{R}^n$  i  $y_i \in \{1, -1\}$ , maszyna wektorów nośnych (SVM) wymaga rozwiązania następującego problemu optymalizacji [12]:

$$\min_{w, b, \xi} \frac{1}{2} w^T w + C \sum_{i=1}^l \xi_i \quad (4)$$

z ograniczeniem:

$$y_i (w^T \phi(x_i) + b) \geq 1 - \xi_i, \quad \xi_i > 0 \quad (5)$$

W wielu przypadkach nie można zagwarantować liniowej separowalności zbiorów. W takich sytuacjach stosuje się tzw. Kernel Trick. Polega to na zwiększeniu wymiaru przestrzeni danych wejściowych, aby w nowej przestrzeni istniała własność liniowej separowalności zbiorów.

W zdefiniowanym wzorami (4) oraz (5) problemie optymalizacji wektor uczący  $x_i$  przekształcany jest do przestrzeni o większym wymiarze dzięki funkcji  $\phi$ . Parametr  $C > 0$  jest karą za niespełnienie warunków zadania. Ponadto, funkcja  $K(x_i, x_j) = \phi(x_i)^T \phi(x_j)$  jest nazywana funkcją jądra (ang. kernel function). Poniżej wypisano cztery przykładowe funkcje jądra, jakie można spotkać w literaturze poświęconej SVM.

1. Liniowa:  $K(x_i, x_j) = x_i^T x_j$

2. Wielomianowa:  $K(x_i, y_j) = (\gamma x_i^T x_j + r)^d, \gamma > 0$
3. Radialna funkcja bazowa (RBF):  $K(x_i, y_j) = \exp(-\gamma \|x_i - x_j\|^2), \gamma > 0$
4. Sigmoida:  $K(x_i, y_j) = \tanh(\gamma x_i^T x_j + r)$

W opisywanym module wykorzystana została funkcja RBF (ang. Radial Basis Function).

Aby klasyfikator mógł działać wcześniej należy go wytrenować. Polega to na podaniu mu ciągu wektorów uczących. Opisywany klasyfikator został wytrenowany za pomocą bazy danych MIT-BIH Arrhythmia Database [13]. Gotowy model klasyfikatora wczytywany jest z pliku, w którym zapisane są różne parametry oraz zestaw wektorów nośnych, na których opiera się działanie metody SVM.

### III. REZULTATY I WNIOSKI

Pomiary czasu wykonywania programów napisanych w poszczególnych językach dla różnych paczek danych z bazy MIT-BIH zostały przedstawione w Tab.1.

Krótki czas wykonywania programu napisanego w Matlabie wynika głównie z wykorzystania biblioteki libsvm [12], która jest napisana w C. Dla pozostałych języków zaimplementowano maszynę wektorów nośnych w oparciu o pliki źródłowe wspomnianej biblioteki.

Wykorzystanie metody SVM z szesnastoelementowym wektorem cech wydaje się złym rozwiązaniem, gdyż niemal zawsze wektor klasyfikowany jest do jednej klasy - patrz Rys.4. Poza zbyt licznym wektorem cech wpływ na to ma również fakt, że około 90% zespołów QRS z bazy MIT-BIH reprezentują pobudzenia nadkomorowe. Rozwiązaniem problemu klasyfikacji może okazać się odpowiednie zmniejszenie liczności wykorzystywanego wektora cech.

Przeprowadzono również testy, w których SVM korzystał z różnych modeli (wygenerowanych z różnych paczek danych). Zaobserwowano, że normalizacja wektorów uczących znacznie przyspiesza proces uczenia, czego potwierdzeniem jest Rys.3.

<Coś o gmeans - że w C++ nie było, a tutaj jest>

### IV. PODSUMOWANIE

W ramach projektu zaimplementowano moduł HeartClass w trzech różnych językach programowania: Matlabie, Pythonie (3.4.x) oraz Julii. Moduł ten ma celu klasyfikowanie zespołów QRS sygnału EKG. W pracy udało się zaimplementować moduł odpowiedzialny za klasteryzację oraz klasyfikację. Z wykonanych testów wynika, że moduł najszybciej wykonuje się w Matlabie. Powodem tego jest głównie fakt, iż w tym module wykorzystano gotową bibliotekę, a nie, jak w przypadku pozostałych dwóch, gdzie zaimplementowano swoją maszynę SVM.

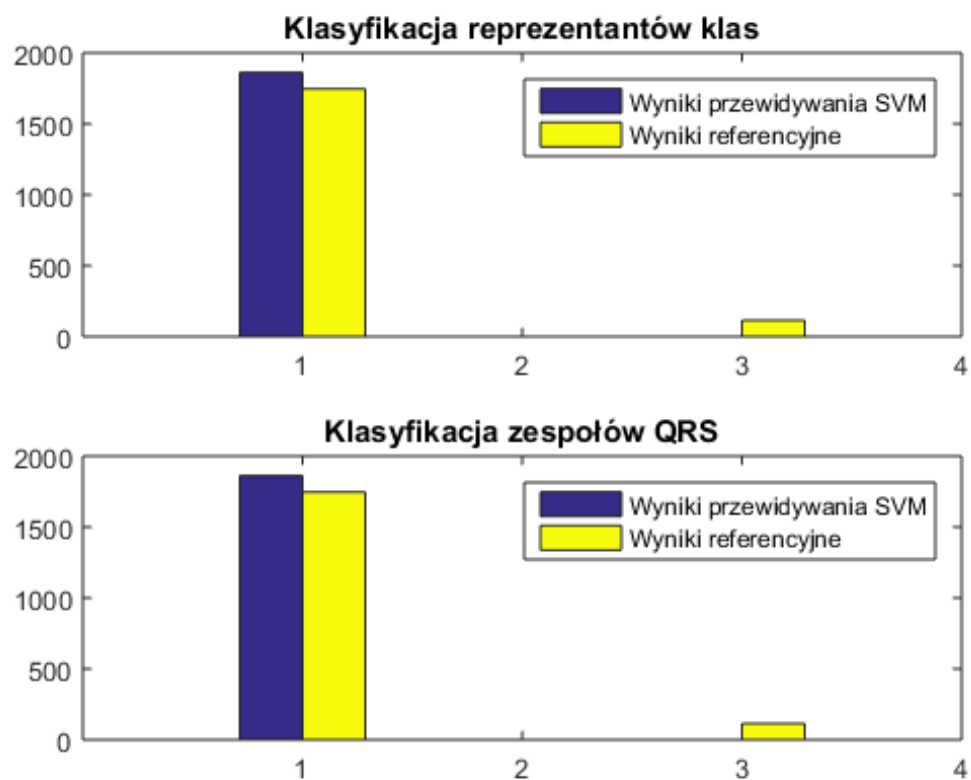
### V. BIBLIOGRAFIA

- [1] QRS Complex, [https://en.wikipedia.org/wiki/QRS\\_complex](https://en.wikipedia.org/wiki/QRS_complex). Stan na: 05.12.2015 r.
- [2] Augustyniak, P. *Przetwarzanie sygnałów elektrodiagnostycznych*. Uczelniane Wydawnictwo Naukowo - Dydaktyczne, AGH, Kraków, 2001 r.
- [3] Studenci Automatyki i Robotyki. *ESDMiT - Raport końcowy*. 04.02.2015 r.

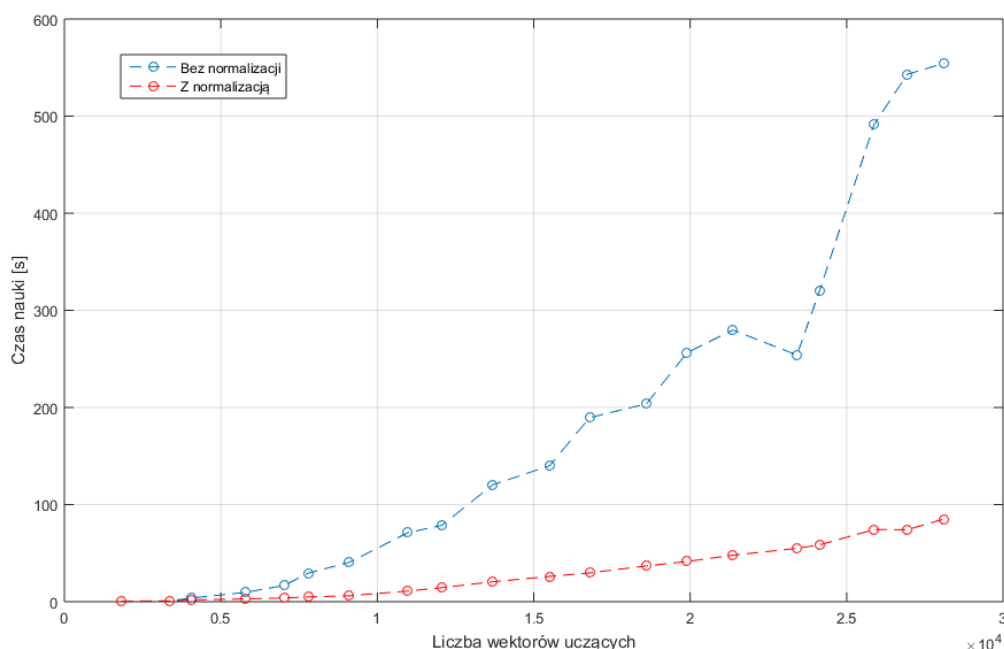
**Tablica 1:** Czasy wykonywania programu w poszczególnych językach dla różnych paczek danych. Wyniki wyrażone w sekundach

Nr paczki z MIT-BIH	C++	Matlab	Python	Julia
100		1.9523	12.815439	
101		1.4195	10.492137	
102		1.2609	12.242185	
103		2.3951	11.708208	
104		1.6457	11.895952	
105		1.3186	14.702323	
106		1.8217	10.365989	
107		1.5331	9.988119	
108		1.7391	8.503747	
109		1.2506	13.910034	
111		1.8369	11.575133	
112		2.2931	14.707609	
113		1.2857	10.2796	
114		0.5056	5.547578	
115		1.2325	11.059755	
116		1.242	13.344349	
117		1.506	8.462129	
119		1.5771	10.99204	
121		2.0902	10.279925	
122		2.0928	14.211312	
123		0.7942	8.39699	
124		1.6778	8.137572	
200		1.8849	11.517102	
201		1.8963	9.249272	
202		2.132	13.789148	
203		1.2565	14.579523	
205		1.3475	15.066897	
208		2.4411	15.573072	
209		2.139	17.397029	
221		1.7631	13.708571	
222		1.2655	14.3837	
223		1.2356	13.731657	
230		1.8286	14.19151	
231		1.4458	8.698872	
232		1.3707	10.32135	
233		2.5759	15.583746	
234		3.6223	16.492193	





**Rysunek 4:** Histogramy klasyfikacji zespołów dla paczki danych o numerze 101



**Rysunek 5:** Wpływ normalizacji na czas nauki SVM

- [4] Song, M. H., i inni. *Support Vector Machine Based Arrhythmia Classification Using Reduced Features*. International Journal of Control, Automation, and Systems, vol. 3, nr 4, strony 571-579, grudzień 2005.
- [5] Thakare, A. S. *QRS Complex Detection and Arrhythmia Classification*. Uniwersytet Pune, Indie.
- [6] Laguna, P., Jane, R., Caminal, P. *Adaptive Feature Extraction for QRS Classification and Ectopic Beat Detection*. Computers in Cardiology, IEEE, 1991.
- [7] Moraes, J.C.T.B., Seixas, M.O., Vilani, F.N., Costa, E.V. *A Real Time QRS Complex Classification Method using Mahalanobis Distance*. Escola Politécnica da Universidade de São Paulo, São Paulo, Brazylia.
- [8] MacQueen, J. *Some methods for classification and analysis of multivariate observations*. W materiałach: "Fifth Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability, Volume 1: Statistics", strony 281-297, University of California Press, Berkeley, Kalifornia, USA, 1967.
- [9] Hamerly, G., Elkan, Ch. *Learning the k in k-means*. W: Neural Information Processing Systems, MIT Press, 2003.
- [10] Użytkownik 'ashenfad'. *Divining the 'K' in K-means Clustering*. <http://blog.bigml.com/2015/02/24/divining-the-k-in-k-means-clustering/>. Dodane: 24.02.2015 r. Stan na: 05.12.2015 r.
- [11] Support vector machine, [https://en.wikipedia.org/wiki/Support\\_vector\\_machine](https://en.wikipedia.org/wiki/Support_vector_machine). Stan na: 05.12.2015 r.

- [12] Chih-Wei, H., Chih-Chung C., Chih-Jen L. A Practical Guide to Support Vector Classification Department of Computer Science, National Taiwan University, Tajpej, Tajwan, 2003 <https://www.csie.ntu.edu.tw/~cjlin/papers/guide/guide.pdf>. Stan na 05.12.2015 r.
- [13] MIT-BIH Arrhythmia Database. <https://www.physionet.org/physiobank/database/mitdb/> Stan na: 05.12.2015 r.