

AKADEMIA GÓRNICZO-HUTNICZA IM. STANISŁAWA STASZICA W KRAKOWIE

Elektroniczne systemy diagnostyki medycznej i terapii

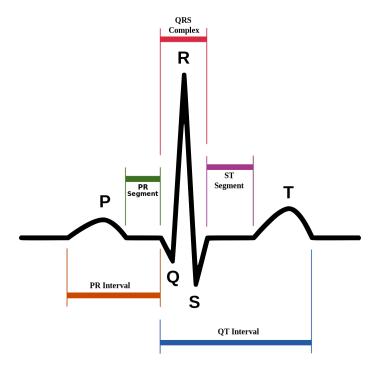
Klasyfikacja pulsu - Naiwny Bayes

Autorzy:
Piotr Janus
Kamil Piszczek

1 Wstęp

Naiwny klasyfikator Bayesa jest prostym klasyfikatorem probabilistycznym opartym na twierdzeniu Bayesa. Jest nazywany naiwnym ze względu na przyjęte założenie, mówiące, że poszczególne cechy są wzajemnie niezależne. Pomimo tak dużego uproszczenia, klasyfikator wypada niespodziewanie dobrze w wielu rzeczywistych problemach. Jego dużą zaletą jest dobra skalowalność, operuje on jedynie na jawnych wzorach w przeciwieństwie do innych metod wykorzystujących podejście iteracyjne.

Jednym z zastosowań klasyfikatora jest diagnozowanie wad i dysfunkcji serca na podstawie sygnału EKG, a dokładniej występującego w nim zespołu QRS. Jest to zespół opisujący pobudzenie mięśni serca. Uproszczony przebieg EKG z zespołem QRS został umieszczony na rysunku 1.



Rysunek 1: Uproszczony zespół QRS – źródło [1]

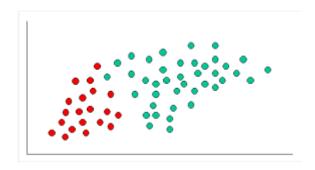
W celu dokonania klasyfikacje konieczne jest zdefiniowanie wskaźników opisujących QRS. Na podstawie rysunku 1 możemy wyróżnić następujący cechy:

- Wartość szczytowa załamka R i moment jej wystąpienie
- Odstęp pomiędzy wcześniejszym a obecnie analizowanym załamkiem R
- Odstęp pomiędzy aktualnie analizowanym i kolejnym załamkiem R
- Początek/koniec oraz początkowa/końcowa wartość załamka P
- Wartość szczytowa załamka P i moment jej wystąpienia
- Poczatek/koniec i wartość poczatkowa/końcowa całego zespołu QRS
- Wartość szczytowa załamka T i moment jego wystąpienia
- Koniec i wartość końcowa załamka T

2 Algorytm

2.1 Założenia

Idee metody Naiwnego Bayesa można łatwo wyjaśnić na prostym przykładzie, precyzyjny opis matematyczny został zamieszczony w rozdziale 3. Na rysunku 2 przedstawiony został zbiór punktów, podzielony na dwie klasy (czerwone i zielone). Zadaniem klasyfikatora jest przydzielenie nowego obiektu do jednej z tych klas. W tym przypadku klasyfikacja będzie dokonana na podstawie położenia i elementów znajdujących się w sąsiedztwie nowo dodanego obiektu. Podany zbiór punktów, pełni w tym przypadku rolę zbioru uczącego.

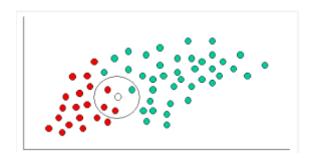


Rysunek 2: Prosty przykład – zbiór punktów (źródło [3])

2.2 Klasyfikacja

W omawianym przykładzie możemy zauważyć, że obiektów zielonych jest dwa razy więcej niż czerwonych. W związku z tym możemy założyć "z góry", że nowy obiekt ma dwa razy większe prawdopodobieństwo bycia zielonym niż czerwonym. Obliczone w ten sposób prawdopodobieństwo nazywane jest prawdopodobieństwem *a priori*.

Wszystkich obiektów jest 60 w czym 40 zielonych i 20 czerwonych. Prawdopodobieństwo a priori wylicza się jako iloraz liczby obiektów danego koloru do liczby wszystkich obiektów. Następnie przystępujemy do kolejnego etapu klasyfikacji, przyjmijmy pewne sąsiedztwo nowego punktu (rysunek 3). Możemy założyć, że im więcej obiektów danego koloru w otoczeniu nowego obiektu, tym bardziej prawdopodobne, że jest on tego koloru. Wyznaczone w ten sposób prawdopodobieństwo nazywane jest szansą, oblicza się je jako stosunek liczby obiektów danego koloru w sąsiedztwie, do całkowitej liczby obiektów tego koloru.



Rysunek 3: Prosty przykład – sąsiedztwo (źródło [3])

Mając dane prawdopodobieństwo *a priori* oraz szansę, możemy przystąpić do ostatniego etapu klasyfikacji. Końcowe prawdopodobieństwo czy nowy obiekt należy do danej klasy (jest

danego koloru) obliczane jest jako iloczyn dwóch wyznaczonych wcześniej prawdopodobieństw. Obiekt zostaje oczywiście przypisany do klasy o większym prawdopodobieństwie.

2.3 Wykorzystanie w detekcji pulsu

Omówiony w poprzednich punktach przykład, był bardzo uproszczony i miał na celu jedynie pokazać idee klasyfikatora. Klasyfikacja zespołu QRS jest problemem wielowymiarowym (dokładnie 18 wymiarowym, gdyż taka jest długość wektora cech). W takim przypadku nieco inaczej oblicza "szansa". Osobno wyznaczane jest prawdopodobieństwo przynależności do danej klasy na podstawie każdego elementu z wektora cech. Ostatecznie pod uwagę brany jest iloczyn wszystkich prawdopodobieństw.

Kolejnym zagadnieniem jest sposób obliczania prawdopodobieństwa na podstawie cechy. W przypadku niniejszego projektu wykorzystywany jest w tym celu rozkład normalny (rozdział 3.3). Dla każdej klasy, poszczególne cechy mają przypisaną wartość średnią i odchylenie standardowe. Są one obliczane na podstawie zbioru uczącego w trakcie procesu uczenia.

2.4 Zbiór testowy i uczący

Metoda Naiwnego Bayesa należy do grupy algorytmów nadzorowanego uczenia maszynowego (z nauczycielem). Dane, które podlegają klasyfikacji za pomocą tej metody należy podzielić na dwa zbiory: uczący oraz testowy. Pierwszy z nich wykorzystywany jest w procesie uczenia klasyfikatora. Drugi weryfikuje, czy nauczony klasyfikator ma zdolność generalizacji, a także sprawdza efektywną skuteczność klasyfikacji. Warto zaznaczyć, że algorytmy nadzorowanego uczenia maszynowego mogą stracić zdolność do generalizacji w wyniku zjawiska overfittingu. Następuje ono wtedy, gdy algorytm nadmiernie dostosowuję się do zbioru uczącego - tzn. błąd zbioru uczącego maleje, a błąd zbioru testowego zaczyna rosnąć.

Istnieje wiele sposobów podziału danych na zbiór uczący i testowy. Generalnie metody te nazywane są sprawdzianem krzyżowym [2]. Poniżej opisane zostały najbardziej znane metody.

Pierwszy ze sposobów to metoda Prostej Walidacji. Jest ona obecnie używana w niniejszym projekcie. Metoda ta polega na losowym podziale danych na dwa rozłączne zbiory: uczący i testowy. W tym wariancie zbiór testowy stanowi co najwyżej 1/3 całkowitej próbki danych. Dodatkowo, zastosowana implementacja gwarantuje, że proporcje ilościowe klas w obu zbiorach będą takie same jak w początkowym zbiorze (przed podziałem).

Drugi ze sposobów to K-krotna Walidacja. W tym wariancie dane dzielone są na K różnych podzbiorów. Następnie kolejno każdy z nich bierze się jako zbiór testowy, a pozostałe podzbiory stanowią zbiór uczący. Cały proces powtarzany jest K razy. Otrzymane rezultaty łączone są w jeden za pomocą wybranego sposobu. Najczęściej są one po prostu uśredniane.

3 Opis matematyczny

3.1 Twierdzenie Bayesa

Twierdzenie w teorii prawdopodobieństwa określające zależność między prawdopodobieństwem warunkowym wystąpienia zdarzeń A|B i B|A. Przyjmijmy zbiór zdarzeń X, w którym zdarzenia $B_i \in X$, $P(B_i) > 0$ (i = 1, 2, ..., n) tworzą układ zupełny (iloczyn każdych dwóch zdarzeń jest zdarzeniem niemożliwym, natomiast suma wszystkich zdarzeń jest zdarzeniem pewnym). Wówczas dla dowolnego $A \in X$ zachodzi następująca zależność:

$$P(B_i|A) = \frac{P(A|B_i)P(B_i)}{P(A)} \tag{1}$$

Wykorzystując dodatkowo wzór na prawdopodobieństwo całkowite, powyższa zależność może zostać przekształcona do następującej postaci:

$$P(B_i|A) = \frac{P(A|B_i)P(B_i)}{\sum_{k=1}^{n} P(A|B_k)P(B_k)}$$
(2)

3.2 Model probabilistyczny

Zdefiniujmy k-elementowy zbiór klas $C = \{C_1, C_2, \dots, C_k\}$ oraz dane do klasyfikacji opisane jako wektor $x = \{x_1, x_2, \dots, x_n\}$ zawierający n niezależnych cech. Prawdopodobieństwo przynależności do danej klasy może zostać zapisane z wykorzystaniem twierdzenia Bayesa (rozdział 3.1):

$$P(C_i|x) = \frac{P(x|C_i)P(C_i)}{P(x)}$$
(3)

Prawdopodobieństwo P(x) występujące w mianowniku wzoru (3) nie zależy od C i jest stałe, licznik może natomiast zostać przekształcony poprzez wykorzystanie definicji prawdopodobieństwa warunkowego:

$$P(x_1, \dots, x_n | C_i) P(C_i) = P(x_1, \dots, x_n, C_i)$$
 (4)

$$P(x, C_i) = P(x_1 | x_2, \dots, x_n, C_i) P(x_2 | x_3, \dots, x_n, C_i) \dots P(x_{n-1} | x_n, C_i) P(x_n | C_i) P(C_i)$$
 (5)

Wykorzystując przyjęte na początku założenie, że cechy x_1, \ldots, x_n są niezależne można wyprowadzić następująca zależność:

$$P(x_j|x_{j+1},\dots,x_n,C_i) = P(x_j|C_i) \quad dla \quad j = \{1,2,\dots,n-1\}$$
(6)

Podstawiajac (6) do równania (5) otrzymujemy:

$$P(x_1, \dots, x_n, C_i) = P(C_i) \prod_{j=1}^n P(x_j | C_i)$$
(7)

Ostatecznie wzór (3) można zapisać w postaci:

$$P(C_i|x) = \frac{P(C_i) \prod_{j=1}^n P(x_j|C_i)}{P(x)}$$
(8)

3.3 Rozkłady prawdopodobieństwa

Występujące w równaniu (8) prawdopodobieństwo, że dany obiekt należy do klasy j na podstawie cechy i może zostać wyznaczone na różne sposoby, w zależności od analizowanego problemu. Jak zostało napisane w rozdziałe 2.3, w niniejszym projekcie wykorzystywany jest rozkład normalny. Warto pamiętać, że istnieje także możliwość wykorzystania innych funkcji gęstości prawdopodobieństwa.

3.3.1 Rozkład normalny

$$p(x_i|C_j) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} \exp\left(\frac{-(x-\mu_{ij})^2}{2\sigma_{ij}^2}\right), \quad -\infty < x < \infty, \ -\infty < \mu_{ij} < \infty, \ \sigma_{ij} > 0$$
 (9)

Gdzie: μ_{ij} – średnia, σ_{ij} – odchylenie standardowe

3.3.2 Rozkład lognormalny

$$p(x_i|C_j) = \frac{1}{x\sigma_{ij}(2\pi)^{1/2}} \exp\left(\frac{-(\log(x/m_{ij}))^2}{2\sigma_{ij}^2}\right), \quad 0 < x < \infty, \ m_{ij} > 0, \ \sigma_{ij} > 0$$
 (10)

Gdzie: m_{ij} – parametr skali, σ_{ij} – parametr kształtu

3.3.3 Rozkład Gamma

$$p(x_i|C_j) = \frac{(x/b_{ij})^{c_{ij}-1}}{b_{ij}\Gamma(c_{ij})} \exp\left(\frac{-x}{b_{ij}}\right), \quad 0 \leqslant x < \infty, \ b_{ij} > 0, \ c_{ij} > 0$$
(11)

Gdzie: b_{ij} – parametr skali, c_{ij} – parametr kształtu

3.3.4 Rozkład Poissona

$$p(x_i|C_j) = \frac{\lambda_{ij}^x \exp\left(-\lambda_{ij}\right)}{x!}, \quad 0 \leqslant x < \infty, \ \lambda_{ij} > 0, \ x = 0, 1, 2, \dots$$
 (12)

Gdzie: λ_{ij} – średnia

4 Implementacja

4.1 Prototyp

Prototyp algorytmu został zaimplementowany w Pythonie. Ta implementacja miała na celu dostosowanie opisu matematycznego zamieszczonego w rozdziale 3 do problemu klasyfikacji pulsu i wstępne zweryfikowanie poprawności metody oraz oszacowanie dokładności przed przejściem do właściwej implementacji w C++.

Z racji tego, że prototyp posłużył jedynie do wstępnej weryfikacji metody, jego funkcjonalność została także ograniczona w stosunku do końcowej implementacji. Zasada działania
programu jest bardzo prosta, podany zbiór wejściowy rozdzielany jest na uczący i testowy w
sposób losowy. Zbiór uczący stanowi 70% zbioru wejściowego, pozostałe 30% wykorzystywane
jest jako zbiór testowy. Po załadowaniu danych, program przeprowadza proces generacji modelu prawdopodobieństwa (inaczej proces uczenia), a następnie uruchamia procedurę testową i
zwraca dokładność metody.

Dodatkowo została dodana możliwość wyłączenia z modelu prawdopodobieństwa niektórych cech opisujących QRS. Może się okazać, że nie wszystkie z 18 cech przedstawionych w rozdziale 1 mają wpływ na klasyfikację z wykorzystaniem metody Naiwnego Bayesa. Takie podejście pozwoliło przetestować wiele przypadków. Dokładny opis i zestawienie przeprowadzonych testów zostało przedstawione w rozdziale 5, natomiast szczegółową instrukcję do programu umieszczono w rozdziale 6.

4.2 Implementacja w C++

4.2.1 Opis

Model w C++ zapewnia kilka dodatkowych funkcji w stosunku do prototypu zaimplementowanego w Pythonie. Sam algorytm został dokładnie odwzorowany bez stosowania żadnych uproszczeń, dodana funkcjonalność ma na celu jedynie uprościć proces weryfikacji i testowania metody.

Najważniejszą funkcją jest możliwość zapisu do pliku efektów uczenia (wygenerowanego modelu probabilistycznego) i odtworzenia ich przy następnym uruchomieniu programu. Dzięki temu możemy ręcznie rozdzielić zbiór danych na uczący i testowy, przy jednym uruchomieniu programu przeprowadzić jedynie proces uczenia, a w następnym same testy na innym zbiorze. Dodatkowo istnieje także możliwość douczania przy pomocy kolejnych zbiorów. Przypomnijmy, że w przypadku implementacji w *Pythonie* można wskazać jedynie jeden zbiór, który następnie jest losowo rozdzielany na uczący i testowy w odpowiednich proporcjach.

4.2.2 Dodatkowe funkcje

Jak zostało wspomniane implementacja w C++ posiada kilka dodatkowych funkcji w stosunku do prototypu napisanego w Pythonie. Mogą one zostać aktywowane poprzez ustawienie odpowiednich flag:

- -r resetuje efekty uczenia zapisane w pliku
- -v rozszerzone logowanie, wyświetla dodatkowo efekty uczenia w postaci wartości średniej i odchylenia standardowego każdej cechy oraz liczbę próbek wykorzystanych do nauczenia danej klasy.
- -l wykonywany jest jedynie proces uczenia/douczenia z wykorzystaniem podanego zbioru wejściowego

- \bullet -t wykonywane są jedynie testy z wykorzystaniem podanego zbioru wejściowego, model probabilistyczny musi zostać wygenerowany wcześniej z użyciem flagi –l i jest odczytywany z pliku
- -m mierzy i wyświetla czas wykonania programu

Jedyna zabroniona kombinacja to użycie jednocześnie flag –l i –t. W celu uzyskania efektu jak w wersji prototypowej, czyli losowe rozdzielnie zbioru na testowy i uczący należy pominąć obie flagi. Dokładny opis korzystania programu został zamieszczony w rozdziale 6

4.2.3 Wykorzystane biblioteki

W celu polepszenia wydajności implementacji. poprawienie funkcjonalności i uproszczenia kodu źródłowego wykorzystano opensourcowe biblioteki. Z racji niewielkich rozmiarów zostały one dołączone do folderu projektowego, takie rozwiązanie ułatwia kompilację i przenoszenie projektu.

Przy implementacji algorytmu zastosowana została bilbioteka Eigen[4]. Z jej wykorzystaniem można zoptymalizować operacje matematyczne wykonywane na dużych wektorach danych. W omawianym przypadku zbiór danych wejściowych zawierał do 30 tysięcy rekordów, zastosowanie zoptymalizowanej biblioteki pozwoliło znacząco podnieść wydajność programu a także uprościć implementację.

W celu implementacji obsługi dodatkowych funkcji z poziomu wiersza poleceń wykorzystano bibliotekę Tclap [5]. Udostępnia ona prosty interfejs do obsługi argumentów z wiersza poleceń. Jej zaletą jest implementacja jedynie z wykorzystaniem plików nagłówkowych, dzięki czemu jest łatwa w użyciu i integracji z różnymi projektami.

4.3 Dodatkowe narzędzia

4.4 Porównanie

5 Testy i wnioski

6 Dodatek A: Instrukcja uruchomienia programów

Repozytorium z projektem dostępne jest pod linkiem: Klasyfikacja pulsu - Naiwny Bayes.

6.1 Prototyp

Model programowy algorytmu został napisany przy pomocy Pythona. Do skonfigurowania środowiska uruchomieniowego dla projektu służą poniższe instrukcje:

- 1. Kod programu jest kompatybilny z interpreterem języka Python w wersji 2.7.x i znajduje się w folderze Model.
- 2. Aby włączyć program, należy uruchomić skrypt main.py.
- 3. Wynik działania programu jest przekierowany na standardowe wyjście oraz zapisany do pliku bayes_logger.txt.

W pliku main.py można edytować zmienne globalne data_input_path i class_input_path w celu określenia ścieżek do danych wejściowych. Wymagane jest określenie dwóch plików: zawierającego zbiór zespołów QRS oraz drugiego określającego przynależność do odpowiedniej klasy.

Dodatkowo można także zdefiniować listę cech które zostaną pominięte przez algorytm (zmienna globalna fields2skip). Na podstawie rozdziału 1 zdefiniowane zostały następujące cechy:

 r_peak , r_peak_value , $rr_pre_interval$, $rr_post_interval$, p_onset , p_onset_val , p_peak , p_peak_val , p_end , p_end_val , qrs_onset_val , qrs_end_val , qrs_end_val , t_peak_val , t_peak_val , t_peak_val , t_end_val .

6.2 Program w C++

Program uruchamiany jest przez wiersz poleceń, kod źródłowy znajduje się w katalogu Program. Wszystkie dodatkowe biblioteki umieszczone są w folderze projektowym, nie ma konieczności dołączania zewnętrznych bibliotek. Do kompilacji wykorzystywany jest plik Makefile, generujący plik wykonywalny bayes.exe.

Tak jak w przypadku prototypu konieczne jest określenie dwóch plików, ścieżki mogą zostać podane jako argumenty w wierszu poleceń. W tym celu należy wykorzystać flagę -d w następujący sposób: $-d < scieżka do qrs_data > -d < scieżka do class_id >$. W przypadku niezdefiniowania ścieżek zostanie wykorzystane domyślne wejście.

Wykorzystując flagę -f można zdefiniować maskę binarną aktywującą poszczególne cechy. Maska podawana jest w postaci heksadecymalnej z przedrostkiem θx . Najmłodszy bit odpowiada pierwszej cesze z listy (lista jest oczywiście taka sama jak w przypadku prototypu), przykładowo maska: -f 0x0040c powoduje, że algorytm bierze pod uwagę jedynie: $rr_pre_interval$, $rr_post_interval$, qrs_onset .

Kolejność podawania flag przy uruchomieniu programu jest dowolna, ich dokładny opis został zamieszczony w rozdziale 4.2. Przykładowe wywołanie programu:

bayes --d ../ReferencyjneDane/101/ConvertedQRSRawData.txt --d ../ReferencyjneDane/101/Class_IDs.txt --r --l --f 0x3fffe

Instrukcja ta powoduje usunięcie modelu prawdopodobieństwa zapisanego w pliku (jeżeli istnieje) i wygenerowanie nowego (bez przeprowadzenia testów z powodu flagi -l). Zgodnie ze zdefiniowaną maską, algorytm uwzględni wszystkie cechy oprócz pierwszej (r-peak).

Literatura

- [1] Wikipedia, hasło: QRS complex, https://en.wikipedia.org/wiki/QRS_complex (ostatni dostęp 11.01.2017)
- [2] Wikipedia, hasło: *Sprawdzian krzyżowy*, https://pl.wikipedia.org/wiki/Sprawdzian_krzy%C5%BCowy (ostatni dostęp 11.01.2017)
- [3] Internetowy Podręcznik Statystyki, rozdział: Naiwny klasyfikator Bayesa, http://www.statsoft.pl/textbook/stathome.html (ostatni dostęp 11.01.2017)
- [4] Eigen, http://eigen.tuxfamily.org/index.php?title=Main_Page (ostatni dostęp 11.01.2017)
- [5] Tclap, http://tclap.sourceforge.net/ (ostatni dostęp 11.01.2017)