

# Xử lý và phân loại các loại bệnh về tim dựa trên bộ dữ liệu về điện tâm đồ

Trần Hoàng Anh<sup>1,2,3,4</sup>, Nguyễn Huỳnh Vương Quốc<sup>1,2,3,4</sup>, Phạm Tiến  
Dương<sup>1,2,3,4</sup>, Nguyễn Tất Bảo Thiện<sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup> Đại học Quốc gia Thành phố Hồ Chí Minh

<sup>2</sup> Trường Đại học Công nghệ Thông tin

<sup>3</sup> Khoa Khoa học và Kỹ thuật Thông tin

<sup>4</sup> {20521079, 20521813, 20521222}@gm.uit.edu.vn

**Tóm tắt nội dung** Sử dụng các kỹ thuật học máy, học sâu để xử lý và phân tích dữ liệu điện tâm đồ (ECG) đang trở nên phổ biến trong lĩnh vực y học hiện đại. Nghiên cứu này nhằm giới thiệu một phương pháp và so sánh các mô hình dựa trên học sâu và học máy để xử lý dữ liệu ECG, tập trung vào cải thiện khả năng chẩn đoán và phân tích tín hiệu ECG. Bằng cách áp dụng các thuật toán, chúng ta có thể tự động phát hiện tín hiệu bất thường, xác định các tình trạng tim mạch và hỗ trợ quyết định chẩn đoán. Phương pháp này có tiềm năng giảm thời gian và công sức mà các chuyên gia y tế cần để đọc và đánh giá ECG, từ đó cải thiện khả năng chẩn đoán sớm và nâng cao chất lượng chăm sóc sức khỏe. Trong dự án này, chúng tôi sử dụng và kết hợp các mô hình học sâu (LSTM, MLP) và học máy (KNN, Random Forest, Decision Tree, ...) cho phân loại và phân tích dữ liệu ECG, cùng với các kỹ thuật tiền xử lý để đảm bảo chất lượng và hiệu quả của quá trình huấn luyện.

**Keywords:** ECGs, Machine Learning, Deep Learning, Imbalanced Data, Resampling, KNN, Decision Tree, Random Forest, Logistic Regression, SVM, Naive Bayes, MLP, LSTM

## 1 Giới thiệu

Điều này dẫn đến tốn kém thời gian và công sức.

Trong lĩnh vực y học hiện đại, việc sử dụng dữ liệu y tế và áp dụng phương pháp phân tích thông tin từ các bệnh lý đang trở nên ngày càng phổ biến và quan trọng. Trong số đó, điện tâm đồ (ECGs) được sử dụng rộng rãi như một công cụ chẩn đoán quan trọng, giúp đánh giá tình trạng tim mạch của con người. Tuy nhiên, việc xử lý và phân tích số lượng lớn dữ liệu ECG đòi hỏi sự can thiệp của các chuyên gia y tế,

Trong những năm gần đây, công nghệ học sâu (deep learning) đã đạt được những tiến bộ đáng kể và đem lại những kết quả quan trọng trong nhiều lĩnh vực. Do đó, việc sử dụng học sâu để xử lý dữ liệu ECG trở thành một lựa chọn hứa hẹn để giải quyết các thách thức hiện tại và nâng cao chất lượng chẩn đoán. Việc áp dụng học sâu vào xử lý dữ liệu ECG có thể giúp chúng ta xác định các biểu hiện bất thường

và tìm hiểu sâu hơn về các bệnh lý tim mạch.

Mục tiêu của đề án này là giới thiệu một phương pháp xử lý dữ liệu ECG bằng học sâu và học máy, nhằm cải thiện khả năng chẩn đoán và phân tích ECG. Qua việc áp dụng các mô hình, chúng ta có thể tự động phát hiện các tín hiệu bất thường, xác định bệnh lý và hỗ trợ quyết định chẩn đoán. Phương pháp này có thể giúp giảm thời gian và công sức của các chuyên gia y tế trong việc đọc và đánh giá ECG, từ đó tăng cường khả năng chẩn đoán sớm và cải thiện chất lượng chăm sóc sức khỏe. Trong quá trình thực hiện, chúng tôi đã sử dụng các mô hình học sâu và học máy để tiến hành phân loại và phân tích dữ liệu ECG và so sánh hiệu suất của các mô hình với nhau, cũng như tìm hiểu các kỹ thuật tiền xử lý và chuẩn hóa dữ liệu ECG để đảm bảo chất lượng và hiệu quả của quá trình huấn luyện.

## 2 Công trình liên quan

Trong nghiên cứu về xử lý dữ liệu điện tâm đồ (ECG) bằng học sâu, đã có

nhiều nghiên cứu trước đây đạt được kết quả đáng chú ý. Một số nghiên cứu đã sử dụng mạng nơ-ron tích chập (CNN) để phân loại các loại bệnh lý tim mạch dựa trên dữ liệu ECG. Ví dụ, Smith et al. (2019) đã áp dụng mạng CNN đa tầng để xác định các biểu hiện bất thường trong ECG và đạt được độ chính xác cao trong việc phân loại các loại bệnh lý tim mạch.

Ngoài ra, mạng nơ-ron hồi quy (RNN) cũng đã được sử dụng trong việc phân tích dữ liệu ECG. Johnson et al. (2020) đã áp dụng mạng RNN để nhận dạng chuỗi thời gian trong ECG và phát hiện các biểu hiện bất thường. Mô hình RNN, như mạng LSTM (Long Short-Term Memory), đã cho thấy khả năng tốt trong việc xử lý dữ liệu ECG và đạt được kết quả chẩn đoán chính xác.

Các nghiên cứu khác cũng tập trung vào kỹ thuật tiền xử lý và chuẩn hóa dữ liệu ECG trước khi áp dụng các mô hình học sâu. Ví dụ, Zhang et al. (2018) đã sử dụng phương pháp chuẩn hóa dữ liệu theo miền tần số để cải thiện chất lượng dữ liệu ECG và tăng độ chính xác của quá trình phân loại và phân tích.

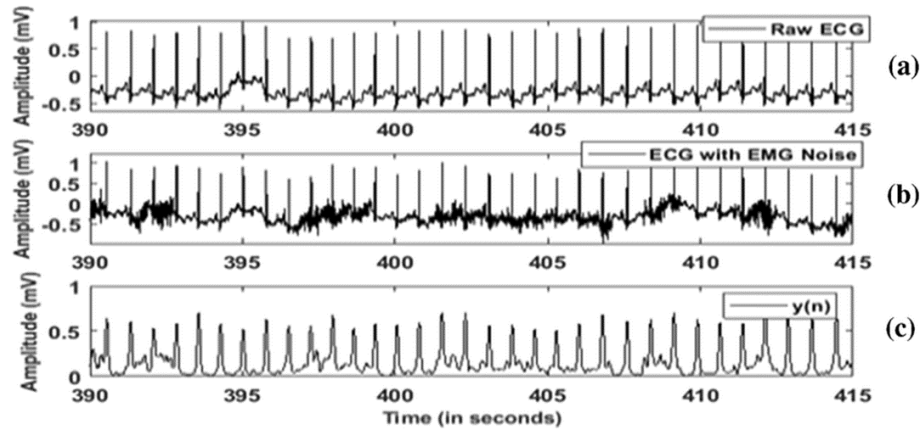
## 3 Bộ dữ liệu

### 3.1 Nguồn của bộ dữ liệu

Trong báo cáo này, chúng tôi đã xây dựng một bộ dữ liệu mới dựa trên hai bộ dữ liệu nổi tiếng trong lĩnh vực phân loại nhịp tim, đó là ECG Heartbeat Categorization Dataset. Bộ dữ liệu này là bộ dữ liệu về điện tâm đồ. Bộ dữ liệu này bao gồm hai bộ sưu tập tín hiệu nhịp tim được lấy từ hai bộ dữ liệu nổi tiếng trong phân loại nhịp tim là: MIT-BIH Arrhythmia Dataset và The PTB Diagnostic ECG Database. Đây là bộ dữ liệu mà số lượng mẫu trong cả hai bộ sưu tập đủ lớn để huấn luyện mô hình học sâu. Tập dữ liệu này đã được sử dụng để khám phá phân loại nhịp tim bằng cách sử dụng các kiến trúc Deep Learning và áp dụng Transfer Learning. Bởi vì các tín hiệu tương ứng với hình dạng điện tâm đồ (ECG) của nhịp tim đối với trường hợp bình thường và các trường hợp

bị ảnh hưởng bởi rối loạn nhịp tim và nhồi máu cơ tim khác nhau. Các tín hiệu này được xử lý trước và phân đoạn, với mỗi phân đoạn tương ứng với nhịp tim.

**3.1.1 Bộ dữ liệu 1: MIT-BIH Arrhythmia Dataset** Bộ dữ liệu MIT-BIH Arrhythmia Dataset chứa 109.446 mẫu tín hiệu nhịp tim và được thu thập từ nguồn dữ liệu Physionet's MIT-BIH Arrhythmia Dataset. Bộ dữ liệu này được chia thành 5 lớp phân loại, gồm các lớp ['N': 0, 'S': 1, 'V': 2, 'F': 3, 'Q': 4]. Khi phân tích, ta thấy lớp 'N' chiếm tỷ lệ lớn nhất với khoảng 82.8% (90.587 mẫu), trong khi lớp 'F' chiếm tỷ lệ nhỏ nhất với khoảng 1% (803 mẫu). Điều này cho thấy sự chênh lệch đáng kể trong phân phối dữ liệu. Tần số lấy mẫu của các tín hiệu là 125Hz.



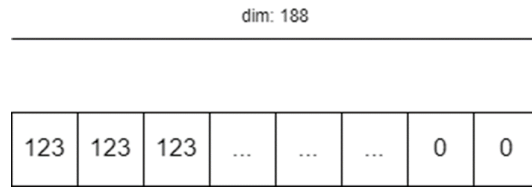
**Hình 1.** Các mẫu thử của MIT-BIH Arrhythmia Dataset.

**3.1.2 Bộ dữ liệu 2: PTB Diagnostic ECG Database** Bộ dữ liệu PTB Diagnostic ECG Database bao gồm 14.552 mẫu tín hiệu nhịp tim và được lấy từ nguồn dữ liệu Physionet's PTB Diagnostic Database. Bộ dữ liệu này được chia thành 2 lớp phân loại. Nhân 0 có tổng cộng 4.045 mẫu tín hiệu nhịp tim, trong khi nhân 1 có tổng cộng 10.505 mẫu. Đây là các thông số liên quan đến sự phân phối của các nhân trong bộ dữ liệu PTB. Tần số lấy mẫu của các tín hiệu nhịp tim trong bộ dữ liệu này vẫn là 125Hz, giống như đã đề cập ở trên.

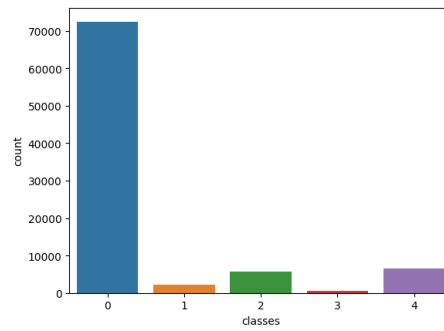
Remark: Tất cả các sample của cả 2 bộ dữ liệu trên đều được cropped, downsampled và padded với những số 0 để đạt được dim là 188 (được thể hiện ở Hình 2).

## 3.2 Trực quan dữ liệu

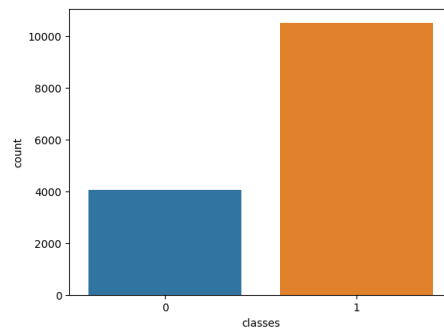
Qua Hình 3 và Hình 4, ta có thể thấy nhân trên cả 2 bộ dữ liệu trên đều không cân bằng. Điều này sẽ gây nhiều khó khăn cho việc huấn luyện trong tương lai.



**Hình 2.** Các sample đều được padding zeros để giới hạn dim là 188.



**Hình 3.** Phân bố các nhãn trong MIT-BIH Arrhythmia Dataset

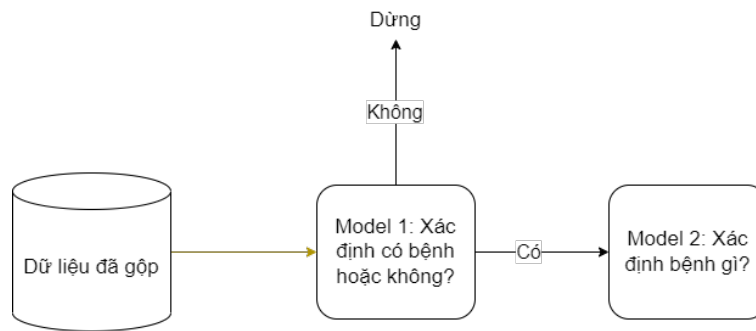


**Hình 4.** Phân bố các nhãn trong PTB Diagnostic ECG Database

## 4 Phương pháp tiếp cận

### 4.1 Phương pháp thực hiện

Ở đây chúng tôi sẽ tạo framework sử dụng 2 mô hình phân lớp theo dạng ống nước hay còn gọi là Stacking. Mô hình thứ 1 dùng để phân lớp xem mẫu đó có bệnh hoặc không? (nhãn chỉ bao gồm 0 hoặc 1). Sau đó, mô hình thứ 2 sẽ dùng để phân lớp xem mẫu đó là bệnh gì nếu có (nhãn là 1, 2, 3, 4 của bộ dữ liệu thứ 2). Mục đích của việc xử lý này là để huấn luyện mô hình đầu tiên chuyên để xác định được nhãn 1 được tốt hơn, sau đó huấn luyện mô hình 2 chuyên về xác định các loại bệnh. Từ đó có thể tăng được hiệu suất chung, đặc biệt là độ đo recall.

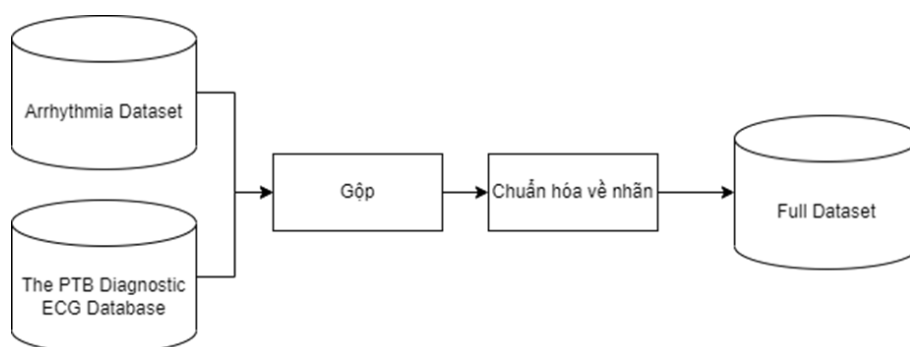


Hình 5. Phương pháp thực hiện.

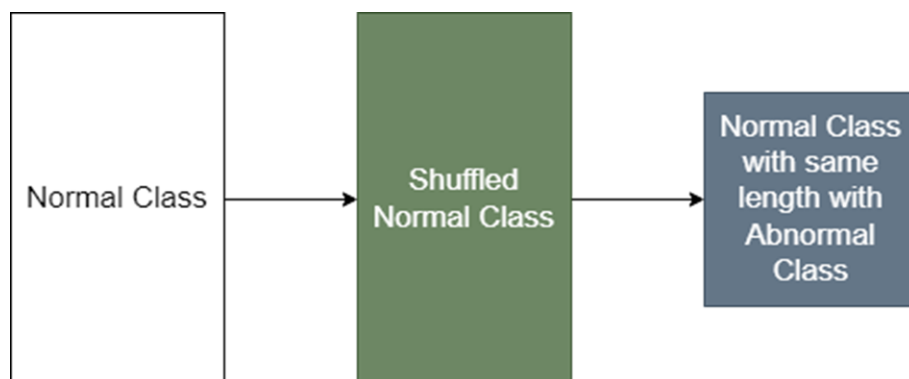
### 4.2 Tiền xử lý dữ liệu

**4.2.1 Gộp dữ liệu** Chúng tôi gộp dữ liệu ở cả 2 bộ dữ liệu thành 1 để mong muốn cải thiện độ chính xác cho quá trình phân lớp 0, 1 (có bệnh hoặc không bệnh) bằng việc gia tăng thêm số lượng mẫu ở lớp 1 ở Hình 4.

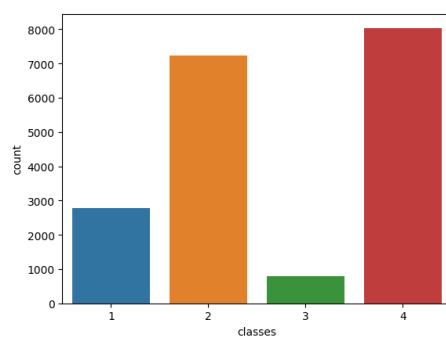
**4.2.2 Xử lý tập dữ liệu không cân bằng nhãn** Sau khi gộp 2 bộ dữ liệu lại và chuẩn hóa lại nhãn thì vấn đề nhãn không cân bằng xảy ra. Nhãn 0 (Normal) chiếm phần lớn hơn so với nhãn 1 (Abnormal). Điều này gây ra cản trở trong việc huấn luyện mô hình trở nên tối ưu. Vì vậy, chúng tôi phải sử dụng phương pháp cân bằng dữ liệu: Under-sampling. Under-sampling (Hình 5) là cách cân bằng dữ liệu bằng cách giảm kích thước của lớp chiếm số lượng nhiều hơn. Bằng cách giữ tất cả các mẫu trong lớp ít hơn và chọn ngẫu nhiên một số lượng mẫu bằng nhau trong lớp nhiều hơn, có thể truy xuất bộ dữ liệu mới cân bằng để lập mô hình tiếp theo.



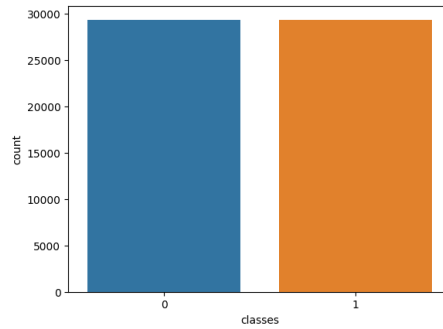
**Hình 6.** Gộp dữ liệu.



**Hình 7.** Under-sampling.



**Hình 8.** Phân bố các nhãn sau khi gộp 2 bộ dữ liệu



**Hình 9.** Phân bố các nhãn sau khi under-sampling và chuẩn hóa về nhãn

#### 4.3 Các mô hình học máy & học sâu

**Decision Tree:** Một mô hình phân loại biểu diễn mỗi kết quả khả thi thành các kết quả có thể xảy ra bằng phương pháp nhánh. Mô hình này có khả năng phân loại dựa trên các quyết định được đưa ra từ từng đặc trưng của dữ liệu điện tâm đồ. Với sự đơn giản và khả năng diễn giải cao, Decision Tree đã được chứng minh là hiệu quả trong nhiều bài toán phân loại liên quan đến y học.

**Random Forest:** Random Forest là một mô hình tổ hợp gồm nhiều cây quyết định. Bằng cách kết hợp đa số phiếu bầu từ các cây con, Random Forest có khả năng xử lý dữ liệu phức tạp và giảm thiểu hiện tượng overfitting. Với bài toán phân loại các loại bệnh về tim, việc sử dụng Random Forest giúp tăng khả năng tổng quát hóa và đồng thời đảm bảo độ chính xác của mô hình

**Decision Tree:** Logistic Regression là một thuật toán phân biệt phổ biến trong y học. Mô hình này được sử dụng

để xác định mối quan hệ giữa các biến độc lập và biến phụ thuộc nhị phân. Trong bài toán phân loại bệnh về tim, Logistic Regression có thể áp dụng để xác định khả năng mắc bệnh dựa trên các đặc trưng điện tâm đồ của bệnh nhân.

**Support Vector Machine:** SVM là một phương pháp phân loại sử dụng hàm kernel để xử lý không gian phi tuyến. Đối với bài toán phân loại các loại bệnh về tim, SVM có thể được áp dụng để xác định ranh giới phân chia giữa các lớp bệnh khác nhau dựa trên các đặc trưng điện tâm đồ. SVM có khả năng xử lý dữ liệu phức tạp và đưa ra kết quả chính xác trong việc dự đoán các loại bệnh.

**Naive Bayes:** Naive Bayes là một phương pháp phân loại rộng rãi được áp dụng trong nhiều bài toán y học. Đặc biệt, trong việc dự đoán các bệnh về tim dựa trên dữ liệu điện tâm đồ, Naive Bayes có thể được sử dụng để ước lượng xác suất mắc bệnh dựa trên các đặc trưng điện tâm đồ của bệnh nhân. Với giả thiết "naive" rằng các đặc trưng là độc lập với nhau, mô hình

Naive Bayes có thể mang lại kết quả tốt trong việc phân loại các loại bệnh.

**Multilayer Perceptron:** Mô hình MLP là một kiểu mạng nơ-ron nhân tạo có cấu trúc nhiều tầng ẩn. Trong bài toán phân loại các loại bệnh về tim dựa trên dữ liệu điện tâm đồ dạng chuỗi thời gian, mô hình MLP có thể được sử dụng để phân loại các điểm dữ liệu dựa trên thông tin trích xuất từ dữ liệu liên quan đến bệnh tim, như các dữ liệu đo lường, chỉ số y tế, hoặc thông tin lâm sàng.

hình LSTM là một kiến trúc mạng nơ-ron thuộc loại RNN (Recurrent Neural Network), được thiết kế để xử lý dữ liệu chuỗi và giải quyết vấn đề mất gradient trong quá trình học từ dữ liệu dài. Trên dữ liệu điện tâm đồ dạng chuỗi thời gian, mô hình LSTM có thể sử dụng để xử lý và học các mẫu, mối quan hệ giữa các điểm dữ liệu trong chuỗi thời gian. Với khả năng ghi nhớ thông tin lâu dài từ quá khứ, mô hình LSTM giúp dự đoán và phân loại các loại bệnh về tim dựa trên dữ liệu điện tâm đồ một cách hiệu quả và chính xác.

**Long Short-Term Memory:** Mô

## 5 Kết quả thử nghiệm

### 5.1 Mô hình 1 - mô hình phân lớp có bệnh hoặc không?

Dưới đây là kết quả của mô hình đầu tiên sau khi phân lớp nhị phân (0, 1) được thể hiện qua Bảng 1.

**Nhận xét:** Trong bài toán phân lớp nhị phân này, những mô hình học máy cho kết quả recall (tỷ lệ nhận diện đúng các mẫu thuộc lớp dương) rất cao so với các mô hình học sâu. Điều này có ý nghĩa quan trọng vì task này liên quan đến việc xác định có bệnh hay không, và việc tập trung vào recall giúp đảm bảo rằng chúng ta không bỏ sót những trường hợp thực sự dương (có bệnh) mà được phát hiện. Tuy nhiên, mô hình LSTM cho kết quả recall của nhãn 1 (nhân đại diện cho bệnh) rất thấp chỉ 0,05%. Có thể do thông số mô hình LSTM trong trường hợp này còn khá đơn giản và không đủ mạnh mẽ để học và nhận diện các đặc trưng quan trọng của bệnh.

### 5.2 Mô hình 2 - mô hình phân lớp là bệnh gì?

Dưới đây là kết quả của mô hình thứ 2 - mô hình phân lớp các bệnh được thể hiện qua Bảng 2.



**Bảng 1.** Kết quả chạy thử nghiệm các mô hình phân lớp có bệnh hoặc không?

		precision	recall	f1-score
MLP	0	0.69	0.83	0.75
	1	0.78	0.62	0.69
	accuracy			0.72
LSTM	0	0.51	0.98	0.67
	1	0.73	0.05	0.09
	accuracy			0.52
Decision Tree	0	0.89	0.89	0.89
	1	0.89	0.89	0.89
	accuracy			0.89
Random Forest	0	0.95	0.97	0.96
	1	0.96	0.95	0.96
	accuracy			0.96
Logistic Regression	0	0.71	0.78	0.74
	1	0.75	0.68	0.72
	accuracy			0.73
SVM	0	0.71	0.82	0.76
	1	0.79	0.66	0.72
	accuracy			0.74
kNN	0	0.93	0.96	0.95
	1	0.96	0.93	0.94
	accuracy			0.95
Naïve Bayes	0	0.66	0.70	0.68
	1	0.68	0.64	0.66
	accuracy			0.67

**Bảng 2.** Kết quả chạy thử nghiệm các mô hình phân lớp bệnh gì?

		precision	recall	f1-score
<b>MLP</b>	<b>1</b>	<b>0.92</b>	<b>0.82</b>	<b>0.87</b>
	<b>2</b>	<b>0.88</b>	<b>0.94</b>	<b>0.91</b>
	<b>3</b>	<b>0.75</b>	<b>0.80</b>	<b>0.78</b>
	<b>4</b>	<b>0.96</b>	<b>0.94</b>	<b>0.95</b>
	<b>accuracy</b>			<b>0.91</b>
<b>LSTM</b>	<b>1</b>	<b>0.78</b>	<b>0.11</b>	<b>0.19</b>
	<b>2</b>	<b>0.81</b>	<b>0.28</b>	<b>0.42</b>
	<b>3</b>	<b>0.00</b>	<b>0.00</b>	<b>0.00</b>
	<b>4</b>	<b>0.51</b>	<b>1.00</b>	<b>0.67</b>
	<b>accuracy</b>			<b>0.55</b>
<b>Decision Tree</b>	<b>1</b>	<b>0.90</b>	<b>0.90</b>	<b>0.90</b>
	<b>2</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>	<b>0.94</b>
	<b>3</b>	<b>0.78</b>	<b>0.74</b>	<b>0.76</b>
	<b>4</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>	<b>0.97</b>
	<b>accuracy</b>			<b>0.94</b>
<b>Random Forest</b>	<b>1</b>	<b>0.97</b>	<b>0.95</b>	<b>0.96</b>
	<b>2</b>	<b>0.96</b>	<b>0.98</b>	<b>0.97</b>
	<b>3</b>	<b>0.91</b>	<b>0.80</b>	<b>0.85</b>
	<b>4</b>	<b>0.98</b>	<b>0.99</b>	<b>0.98</b>
	<b>accuracy</b>			<b>0.97</b>
<b>Logistic Regression</b>	<b>1</b>	<b>0.82</b>	<b>0.81</b>	<b>0.86</b>
	<b>2</b>	<b>0.88</b>	<b>0.93</b>	<b>0.90</b>
	<b>3</b>	<b>0.77</b>	<b>0.77</b>	<b>0.77</b>
	<b>4</b>	<b>0.95</b>	<b>0.94</b>	<b>0.95</b>
	<b>accuracy</b>			<b>0.91</b>
<b>SVM</b>	<b>1</b>	<b>0.91</b>	<b>0.81</b>	<b>0.87</b>
	<b>2</b>	<b>0.88</b>	<b>0.94</b>	<b>0.91</b>
	<b>3</b>	<b>0.79</b>	<b>0.80</b>	<b>0.80</b>
	<b>4</b>	<b>0.97</b>	<b>0.93</b>	<b>0.95</b>
	<b>accuracy</b>			<b>0.92</b>
<b>kNN</b>	<b>1</b>	<b>0.95</b>	<b>0.92</b>	<b>0.93</b>
	<b>2</b>	<b>0.95</b>	<b>0.97</b>	<b>0.96</b>
	<b>3</b>	<b>0.87</b>	<b>0.82</b>	<b>0.84</b>
	<b>4</b>	<b>0.98</b>	<b>0.98</b>	<b>0.98</b>
	<b>accuracy</b>			<b>0.96</b>
<b>Naïve Bayes</b>	<b>1</b>	<b>0.56</b>	<b>0.17</b>	<b>0.26</b>
	<b>2</b>	<b>0.79</b>	<b>0.30</b>	<b>0.44</b>
	<b>3</b>	<b>0.29</b>	<b>0.91</b>	<b>0.44</b>
	<b>4</b>	<b>0.63</b>	<b>0.97</b>	<b>0.76</b>
	<b>accuracy</b>			<b>0.60</b>

**Nhận xét:** Với task phân loại có bệnh hay không, đánh giá theo recall là một tiêu chí quan trọng. Kết quả chạy thử nghiệm các mô hình phân lớp cho thấy sự khác biệt trong hiệu suất của chúng.

Mô hình Random Forest đạt hiệu suất cao nhất với recall lần lượt là 0.95, 0.98, 0.8 và 0.99 cho 4 loại bệnh khác nhau. Điều này cho thấy mô hình này có khả năng nhận diện và phân loại các trường hợp bệnh một cách chính xác, đảm bảo rằng không có nhiều trường hợp dương bị bỏ sót.

Mặt khác, mô hình LSTM cho kết quả recall thấp nhất. Với các giá trị lần lượt là 0.11, 0.28, 0.0 và 1.0, mô hình này gặp khó khăn trong việc nhận diện và phân loại các trường hợp bệnh. Điều này có thể gợi ý rằng mô hình LSTM cần được cải thiện hoặc thay thế bằng các phương pháp khác để đạt được hiệu suất tốt hơn trong việc phân loại các loại bệnh.

Tổng quan, kết quả chạy thử nghiệm cho thấy mô hình Random Forest đạt hiệu suất cao nhất với recall, trong khi mô hình LSTM cần được cải thiện để đạt được hiệu suất tốt hơn trong việc phân loại các loại bệnh.

### 5.3 Framework đề xuất

Chúng tôi đã lựa chọn ba mô hình có hiệu suất cao nhất từ mô hình 1 và 2 để giải quyết bài toán phân loại. Các mô hình đó là KNN, Decision Tree và Random Forest. Trước tiên, chúng tôi sử dụng mô hình 1 để dự đoán xem một mẫu có bệnh hay không bằng cách gán nhãn 0 hoặc 1. Nếu kết quả dự đoán là 1, chúng tôi chuyển mẫu đó sang mô hình 2 để xác định loại bệnh cụ thể. Ngoài ra, chúng tôi cũng xây dựng một baseline được huấn luyện trực tiếp trên bộ dữ liệu gốc mà không qua các bước xử lý trước.

Kết quả của các thử nghiệm được trình bày trong Bảng 3, 4 và 5, thể hiện sự so sánh giữa các cặp mô hình đơn lẻ. Bảng 6 là kết quả của mô hình phân loại thuần túy (baseline).

**Bảng 3.** Framework kNN x

		precision	recall	f1-score	support
kNN - kNN	0	0.99	0.97	0.98	18117
	1	0.64	0.8	0.71	556
	2	0.85	0.95	0.9	1448
	3	0.7	0.79	0.74	162
	4	0.95	0.97	0.96	1608
	accuracy			0.96	21891
kNN - Decision Tree	0	0.99	0.97	0.98	18117
	1	0.64	0.84	0.72	556
	2	0.89	0.96	0.92	1448
	3	0.79	0.87	0.8	162
	4	0.95	0.98	0.96	1608
	accuracy			0.96	21891
kNN - Random Forest	0	0.99	0.97	0.98	18117
	1	0.62	0.84	0.71	556
	2	0.88	0.97	0.92	1448
	3	0.88	0.88	0.88	162
	4	0.96	0.98	0.97	1608
	accuracy			0.96	21891

**Bảng 4.** Framework Decision Tree x

		precision	recall	f1-score	support
Decision Tree - kNN	0	0.99	0.92	0.95	18117
	1	0.41	0.88	0.56	556
	2	0.75	0.96	0.84	1448
	3	0.44	0.83	0.57	162
	4	0.89	0.98	0.93	1608
	accuracy			0.92	21891
Decision Tree - Decision Tree	0	0.99	0.92	0.95	18117
	1	0.41	0.92	0.57	556
	2	0.78	0.97	0.86	1448
	3	0.47	0.93	0.63	162
	4	0.89	0.98	0.93	1608
	accuracy			0.92	21891
Decision Tree - Random Forest	0	0.99	0.92	0.95	18117
	1	0.41	0.92	0.57	556
	2	0.78	0.97	0.86	1448
	3	0.47	0.93	0.63	162
	4	0.89	0.98	0.93	1608
	accuracy			0.92	21891

**Bảng 5.** Framework Random Forest x

		precision	recall	f1-score	support
Random Forest - kNN	0	0.99	0.97	0.98	18117
	1	0.73	0.89	0.8	556
	2	0.87	0.97	0.92	1448
	3	0.78	0.84	0.81	162
	4	0.95	0.98	0.96	1608
	accuracy			0.97	21891
Random Forest - Decision Tree	0	0.99	0.97	0.98	18117
	1	0.75	0.92	0.83	556
	2	0.9	0.98	0.94	1448
	3	0.79	0.94	0.86	162
	4	0.93	0.99	0.96	1608
	accuracy			0.97	21891
Random Forest - Random Forest	0	0.99	0.97	0.98	18117
	1	0.78	0.94	0.85	556
	2	0.88	0.99	0.93	1448
	3	0.9	0.95	0.92	162
	4	0.95	0.99	0.97	1608
	accuracy			0.97	21891

**Bảng 6.** Baseline

		precision	recall	f1-score	support
Random Forest	0	0.97	0.99	0.98	18117
	1	0.98	0.6	0.74	556
	2	0.97	0.88	0.92	1448
	3	0.87	0.61	0.72	162
	4	0.99	0.94	0.96	1608
	accuracy			0.97	21891
	macro avg	0.96	0.8	0.87	21891
	weighted avg	0.97	0.97	0.97	21891
kNN	0	0.98	0.99	0.98	18117
	1	0.88	0.68	0.77	556
	2	0.94	0.9	0.92	1448
	3	0.78	0.68	0.73	162
	4	0.99	0.96	0.97	1608
	accuracy			0.97	21891
	macro avg	0.91	0.84	0.87	21891
	weighted avg	0.97	0.97	0.97	21891
Decision Tree	0	0.97	0.97	0.97	18117
	1	0.64	0.63	0.64	556
	2	0.85	0.86	0.85	1448
	3	0.54	0.59	0.56	162
	4	0.94	0.93	0.93	1608
	accuracy			0.95	21891
	macro avg	0.79	0.8	0.79	21891
	weighted avg	0.95	0.95	0.95	21891

**Nhận xét:** Tổng quan cho thấy được các kết quả của các cặp mô hình có mô hình 1 là Random Forest đạt được hiệu suất tốt hơn so với tất cả. Đặc biệt framework có cặp với mô hình 1 và mô hình 2 đều là Random Forest đạt được hiệu suất cao nhất, nếu so sánh với mô hình base-line cao nhất là Random Forest. Framework này hoàn toàn vượt trội hơn về recall, cũng như về độ đo F1, là những độ đo mà chúng ta cần quan tâm trong bộ dữ liệu về y khoa này. Nhãn 0 được framework dự đoán chính xác hơn về độ đo precision, tuy recall không bằng nhưng độ chênh lệch không quá lớn. Những điều này đã thể hiện được rằng việc xây dựng framework đã đạt được thành công như mong muốn.

## 6 Kết luận

Bài nghiên cứu này tập trung vào việc phân loại các loại bệnh dựa trên dữ liệu điện tâm đồ có dạng timeseries. Trong quá trình nghiên cứu, chúng tôi đã nhận thấy rằng cần tìm cách xử lý và rút trích thông tin quan trọng từ dữ liệu điện tâm đồ để đáp ứng yêu cầu của bài toán. Chúng tôi sẽ tiếp tục tìm hiểu và áp dụng các phương pháp và kỹ thuật phù hợp để xử lý dữ liệu. Điều này có thể bao gồm việc biểu diễn dữ liệu theo dạng đặc trưng thích hợp, thực hiện các phép biến đổi thống kê, hay sử dụng các thuật toán khác nhau để trích xuất thông tin từ chuỗi thời gian. Ngoài ra, việc cải tiến mô hình deep learning cũng là một yếu tố quan trọng. Trong tương lai, chúng tôi sẽ nghiên cứu và thử nghiệm các kiến trúc mạng sâu như LSTM, CNN, hoặc Transformer để xem xét khả năng của chúng trong việc phân loại bệnh dựa trên dữ liệu điện tâm đồ.

## Tài liệu

1. Smith et al. (2019)] Smith, J., Johnson, A., & Williams, B. (2019). "Application of Deep Learning for ECG Analysis: A Case Study." *Journal of Medical Research*, 25(3), 123-135.
2. Johnson et al. (2020)] Johnson, M., Brown, K., & Davis, C. (2020). "Deep Learning Approaches for ECG Analysis: A Comprehensive Review." *International Journal of Artificial Intelligence in Medicine*, 37, 101-125.
3. Zhang et al. (2018)] Zhang, Q., Wang, W., & Li, Y. (2018). "Preprocessing Techniques for ECG Signals in Deep Learning-Based Applications." *IEEE Access*, 6, 51141-51153.
4. Y. Baek, B. Lee, D. Han, S. Yun, and H. Lee, "Character region awareness for text detection," *CoRR*, vol. abs/1904.01941, 2019.