

SID



سرویس های ویژه



سرویس ترجمه تخصصی



کارگاه های آموزشی



بلاگ مرکز اطلاعات علمی



سامانه ویراستاری STES



فیلم های آموزشی

کارگاه های آموزشی مرکز اطلاعات علمی



مقاله نویسی علوم انسانی



اصول تنظیم قراردادها



آموزش مهارت های کاربردی در تدوین و چاپ مقاله

پیش بینی حملات فیبریلاسیون دهلیزی از طریق مدل سازی دینامیکی قسمتی از سیگنال ECG

*مهناز اروانه، اسد عازمی، ناصر پریرز، مهنوش شجیعی، حسین قلی زاده، زینب السادات دستغیب

دانشگاه فردوسی مشهد، دانشکده مهندسی، گروه برق

arvaneh@gmail.com

چکیده

در این مقاله به معرفی روش جدیدی در پیش بینی آریتمیها بر اساس مدل سازی دینامیکی قسمتی از سیگنال ECG می پردازیم و توانایی این روش را در پیش بینی حملات فیبریلاسیون دهلیزی بررسی می کنیم. در این روش ابتدا به کمک الگوریتمی بر مبنای برنامه سازی ژنتیکی به شناسایی همزمان بهترین ساختار و پارامترهای بازه PR پرداخته، سپس از تغییرات پارامترها در افراد سالم و در شرف بیماری برای پیش بینی حملات فیبریلاسیون دهلیزی استفاده می کنیم. به این صورت که شبکه عصبی آموزش دیده ای با استفاده از ورودی پارامترها به پیش بینی حملات فیبریلاسیون دهلیزی می پردازد. از مزایای عمده این روش، پیش بینی بر اساس تنها ۳۰ ثانیه سیگنال ECG می باشد. در پایان، با آزمایش این الگوریتم بر روی ۳۰ سیگنال، توانایی بالای این الگوریتم در پیش بینی مشخص می گردد. همچنین مقایسه این روش با پیش بینی بر اساس مدل سازی زمانی نیز برتری این روش را مشخص می نماید.

واژه های کلیدی: پیش بینی آریتمی، فیبریلاسیون دهلیزی، شناسایی سیستمها، برنامه سازی ژنتیکی (GP)، شبکه عصبی

۱- مقدمه

در این تحقیق روش جدیدی برای پیش بینی آریتمیها بر اساس مدل سازی دینامیکی قسمتی از سیگنال ECG ارائه می شود. تا به حال در هیچ یک از تحقیقات پیشین به پیش بینی آریتمیهای قلبی از طریق مدل سازی سیگنال الکتریکی قلب پرداخته نشده است.

آنچه مسلم است تغییرات هیچ سیستمی ناگهانی نمی باشد. گذر از حالت سالم به آریتمی حتما با تغییر یکسری پارامترها و ویژگیها همراه است. ویژگیهایی که پزشکان با دیدن سیگنال قلب در بیشتر موارد قادر به یافتن آن نخواهند بود. انگیزه ما در بررسی تغییرات دینامیکی سیگنال ECG برای پیش بینی آریتمیها، همین اعتقاد بوده است.

یکی از شایعترین عوامل مرگ و میر در جهان مربوط به قلب می باشد. فعالیت الکتریکی قلب می تواند به صورت سیگنال الکتروکاردیوگرام (ECG) ثبت شود. تغییر و اعوجاج در هر یک از پارامترهای اصلی این سیگنال می تواند نشان دهنده یک بیماری قلبی باشد که به طور کلی یک "آریتمی قلبی" نامیده می شود.

تحقیقات انجام شده در زمینه پیش بینی آریتمی بسیار محدود بوده است و بیشتر بر پایه استفاده از روشهای آماری می باشند [۴ و ۵]. روشهای آماری با وجود سادگی نیاز به داده های زیاد و طولانی مدت دارد. در ضمن در این روشها اکثرا دینامیک غیر خطی سیستم را در نظر نمی گیرند.

آماری و بررسی خواص سری زمانی سیگنال همچون بعد همبستگی و طیف توانی با دقت بین ۷۰ تا ۸۵ درصد به پیش بینی آریتمی پرداخته اند. اما مزیت عمده روش پیشنهادی نسبت به روشهای انجام شده پیش بینی بر اساس بررسی تنها ۳۰ ثانیه از سیگنال ECG می باشد در حالیکه در مقالات ذکر شده پیش بینی بر اساس بررسی حدود ۳۰ دقیقه سیگنال انجام می پذیرد.

در این مقاله در بخش ۲ به استخراج بازه PR و آماده سازی سیگنال برای مدلسازی پرداخته می شود. در بخش ۳ چگونگی استفاده از برنامه سازی ژنتیکی در شناسایی ساختارها شرح داده می شود و در بخش ۴ روند بدست آوردن بهترین مدل دینامیکی و زمانی با ساختار واحد برای بازه PR قلب سالم و در حال بیماری بیان می گردد. در بخش ۵ چگونگی پیش بینی آریتمی PAF با استفاده از شبکه عصبی شرح داده می شود و نتایج با حالتی که از مدلسازی زمانی استفاده شود مقایسه می گردد. در پایان، در بخش ۵ به نتیجه گیری می پردازیم.

۲- آماده سازی سیگنال پیش از مدلسازی

فیبریلاسیون دهلیزی جزو متداولترین آریتمیهای قلبی می باشد. در آمریکا به تنهایی تخمین زده شده است که ۲.۲ میلیون نفر به این آریتمی دچار هستند و شیوع این بیماری با بالا رفتن سن افزایش میابد [۸]. پیشرفت این بیماری می تواند منجر به حملات خطرناک فیبریلاسیون دهلیزی (PAF) گردد. این آریتمی موجب حذف انقباض دهلیزی می گردد. ایمپالسهای نابجا ممکن است سرعتی مابین ۴۰۰ تا ۶۰۰ ضربان در دقیقه ایجاد کنند و به جای انقباض دهلیز صرفاً موجب ارتعاش آن شوند [۱۰].

در این مقاله با توجه به عملکرد فیبریلاسیون دهلیزی، برای بررسی دقیقتر و توانایی در یافتن مدلی با دقت بیشتر، تنها به مدلسازی بازه PR از سیگنال ECG پرداختیم. چراکه تنها این بازه نشان دهنده انقباض دهلیزها و هدایت ایمپالس الکتریکی از دهلیز به طرف گره دهلیزی-بطنی (گره AV) می باشد [۱۰]. بنابراین بازه های PR را از نمونه های ۳۰ ثانیه ای ECG استخراج نمودیم و میانگیری کردیم. شکل ۱

در این مقاله توانایی روش پیشنهادی در پیش بینی حملات فیبریلاسیون دهلیزی (PAF) آزمایش شده است. با پیش بینی دقیق حملات فیبریلاسیون دهلیزی امکان پایداری الکتریکی فیبریلاسیون و انجام باقی روشهای درمانی پیش از موعد بر روی بیمار فراهم می گردد و به این ترتیب با کنترل بیماری از عوارض پس از آن مانند تشکیل لخته نیز جلوگیری می شود [۱۰].

در روش پیشنهادی، برای یافتن مدل دینامیکی مناسب برای قسمتهای مختلف سیگنال ECG از روشی بر مبنای برنامه سازی ژنتیکی استفاده شده است [۹، ۱۰]. در اکثر روش های شناسایی سیستمها، فرض بر این است که ساختار اولیه مدل را می دانیم و سپس به کمک روشهای بسیاری مانند حداقل مربعات خطا (LSE)، حداقل مربعات وزندار خطا (WLSE) و ماکزیمم احتمال (Maximum likelihood) [۲]، به تعیین پارامترهای آن می پردازیم. تعیین ساختاری مناسب در سیستمهای پیچیده و غیرخطی مانند سیستمهای بیولوژیکی سخت است و قاعدتاً نمی توان از راههایی مانند حدس و آزمون خطا به نتیجه مناسب رسید. اما در روش پیشنهادی با کمک GP (Genetic programming) به شناسایی همزمان ساختار و پارامترهای مدل پرداخته می شود. بنابراین می تواند مدل دینامیکی بهتری را برای سیستمهای پیچیده تخمین بزند.

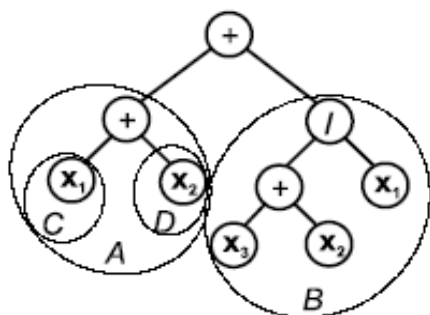
پس از یافتن بهترین مدل دینامیکی با ساختار واحد برای سیگنالهای ECG به بررسی تغییرات پارامترهای آن در افراد سالم و در شرف بیماری پرداخته می شود و با کمک شبکه عصبی که ورودی آن پارامترهای مربوط به مدل می باشد به پیش بینی آریتمی می پردازیم.

سیگنالهای ECG بررسی شده از سایت دانشگاه MIT استخراج شده است. داده های مورد بررسی نوارهای قلبی ۳۰ ثانیه ای می باشند که ۲۱ نمونه از آنها متعلق به افراد بیمار، ۵ تا ۳۰ دقیقه قبل از حملات فیبریلاسیون دهلیزی است و ۲۳ نمونه از آنها به افراد سالم تعلق دارد.

در روشهایی که در گذشته برای پیش بینی PAF استفاده شده است و به نتایج خوبی دست یافته اند می توان به مراجع [۳ و ۴] اشاره کرد. این مقالات با استفاده از روشهای

شروع می‌کنیم. هر زیر درخت به یک گره عملیاتی خطی $\{+, -, '\}$ متصل است. این تجزیه تا جایی انجام می‌پذیرد که به یک گره عملیاتی غیر خطی برسیم. شکل ۲ روند این تجزیه را روشن‌تر می‌سازد. زیر درخت A و B هر دو به گره '+' متصلند. زیر درخت A را می‌توان به دو زیر درخت C و D تجزیه کرد، زیرا دورترین گره عملیاتی هر دوی این زیر درختها، گره خطی '+' می‌باشد. اما زیر درخت B به زیر درخت دیگری تجزیه نمی‌شود زیرا دورترین گره عملیاتی آن '/' است که یک عملگر غیرخطی است.

با توجه به این روند، تجزیه پارامترها به صورت $Y = P_0 + P_1(X_3 + X_2) / X_1 + P_2 X_1 + P_3 X_3$ شوند. هرچند می‌توان مدل را به صورت دیگری مانند $Y = P_0 + P_1 X_3 / X_1 + P_2 X_2 / X_1 + P_3 X_1 + P_4 X_3$ نمود اما این تعریف در الگوریتم پیشنهادی قابل قبول نمی‌باشد زیرا روند ساده سازی مدل و حذف چندجمله‌ایهای تکراری که قسمتی از الگوریتم است با این تجزیه قابل انجام نمی‌باشد.

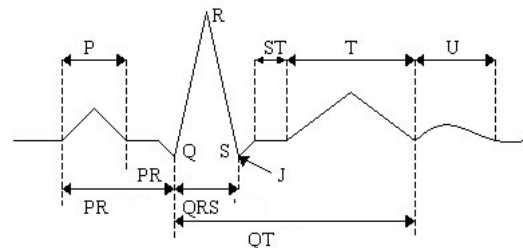


شکل ۲: تجزیه یک درخت

در این الگوریتم عملیات برش تنها از یک گره درخت انجام می‌پذیرد. نحوه عملیات برش در شکل ۳ و ۴ آمده است.

نحوه انجام جهش نیز به این صورت است که هر عنصر با میزان احتمالی که تعیین می‌شود، ممکن است تغییر یابد. اگر عنصر انتخاب شده، عملگر باشد با عملگر مجاز دیگری و اگر ترمینال باشد با ترمینال مجاز دیگری به صورت تصادفی تعویض می‌شود.

بازه PR را برای یک ضربان قلب در سیگنال ECG مشخص می‌کند.



شکل ۱ - سیگنال ECG و نمایش بازه های آن

پس از میانگین گیری برای آنکه مقایسه درستی داشته باشیم، میانگین بازه های PR بدست آمده را نرمالیزه کردیم. علاوه بر این، توجه لازم برای انتخاب سیگنالهای ECG با اشتقاقهای یکسان و حذف نویز بر روی سیگنال پیش از استخراج بازه PR به عمل آمد.

۳- چگونگی استفاده از برنامه سازی ژنتیکی

در شناسایی ساختارها

برنامه سازی ژنتیکی (GP)، روشی تکاملی است که در بهینه‌سازی به کار می‌رود و توسط جان کوزا (John Koza) [۲] طراحی شده است. این روش به صورت درختی نمایش داده می‌شود و روندی تقریباً نزدیک به الگوریتم ژنتیک دارد. با این تفاوت که در این روش ما به جای کروموزوم با یک گراف درختی، مواجه هستیم و عملیاتی همچون برش و جهش بر روی این درخت صورت می‌گیرد.

در روش پیشنهادی هر ساختار ریاضی با یک درخت نمایش داده می‌شود. اجزای درخت شامل عملگرها (F) و ترمینالها (T) می‌باشد. مجموعه F می‌تواند شامل عملگرهای معروف ریاضی مانند $f = \{+, -, *, /\}$ و حتی عملگرهای ریاضی دیگر همچون عملگرهای منطقی، شرطی و یا توابع ریاضی تعریف شده باشد. ترمینالها شامل متغیرهایی دینامیکی و استاتیکی مانند $T = \{X_1, X_2, \dots, Y(k-1), Y(k-2), \dots, U(k-1), \dots\}$ می‌باشند.

در الگوریتم پیشنهادی، روشی ساده برای تجزیه ساختار درختی به کار می‌رود. در این روش از بالاترین گره عملیاتی

هدف یافتن مدلی بود که بتواند با دانستن شرایط اولیه به تخمین تمام سیگنال با کمترین خطا بپردازد. یک مدل خوب، مدلی است که علاوه بر دقت، پیچیدگی کمی نیز داشته باشد. مدل‌های غیر خطی تولیدی توسط GP می‌تواند بسیار پیچیده باشد، بنابراین باید تابع برازندگی تعریف شود که پیچیدگی سیستم نیز در آن لحاظ گردد.

تابع برازندگی (Fitness) انتخاب شده در این تحقیق به صورت زیر است:

$$F = \frac{r}{1 + \exp(a_1(L_1 - a_2))} \quad (1)$$

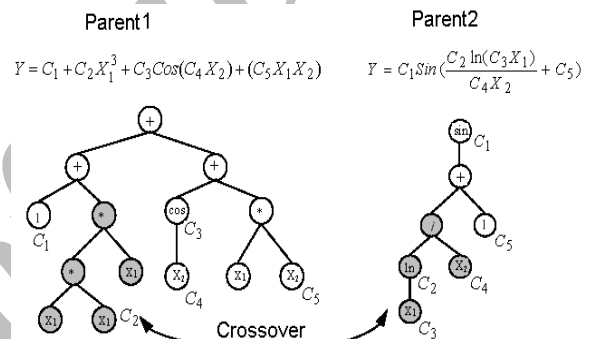
r_i ضریب همبستگی بین خروجی تخمین زده شده و خروجی واقعی است. L_1 سایز درخت (تعداد گره‌ها) می‌باشد. مقادیر a_1 و a_2 وابسته به میزان تبادل و مصالحه‌ای که می‌خواهیم بین دقت و پیچیدگی سیستم برقرار شود، انتخاب می‌گردد. برای مثال اگر a_1 برابر با صفر انتخاب شود به معنای آن است که تنها دقت و شباهت سیگنال تولیدی و سیگنال واقعی برای ما اهمیت دارد.

در این تحقیق برای اینکه مدل ما مدلی نسبتاً ساده باشد، با تعدادی آزمون و خطا، a_1 را برابر ۰.۲۵ و a_2 را برابر با ۸ انتخاب نمودیم، تا سرعت برنامه در اجرا خیلی کند نشود و نیز مدل برای محاسبات احتمالی دارای پیچیدگی زیاد نباشد. طبق معادله (۱)، انتخاب a_2 برابر ۸ به معنای این است که ما به دنبال مدلهایی با حدود ۸ گره می‌باشیم و میزان افزایش گره‌ها از عدد ۸ با نرخ ۰.۲۵ در تابع برازندگی تاثیر می‌گذارند.

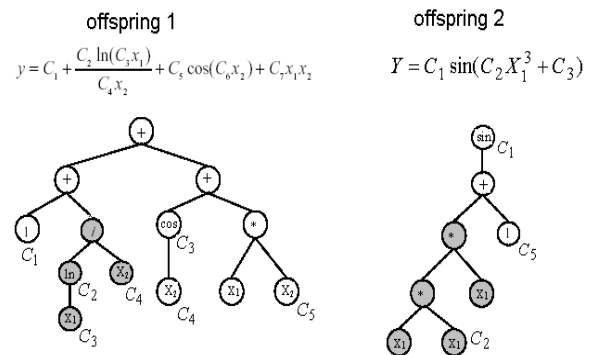
پس از چند مرحله آزمون خطا روی چندین بازه PR، بهترین تخمین، تخمینی بر اساس حداکثر ۴ گام بعد بدست آمد. یعنی مدل ما به صورت $y(k) = F(y(k-1), y(k-2), y(k-3))$ تخمین زده می‌شود و تنها شامل عملگرهای $\{x, \pm\}$ خواهد بود.

مدلهای بدست آمده با این روش از مجموع ۵ تا ۷ چند جمله‌ای تشکیل شده و دارای میانگین مربعات خطای بین 10^{-5} و 10^{-7} بودند. اما آنچه مسلم است برای آنکه بتوانیم از مقایسه پارامترهای مدل‌های افراد سالم و در شرف بیماری به

در اجرای این الگوریتم تنها کافی است تعیین کنیم تا چند گام عقبتر از ورودی و خروجی را می‌خواهیم در مدل داشته باشیم. ضمناً می‌خواهیم مدل دارای چه عملگرهایی باشد. الگوریتم با توجه به اطلاعات بالا و تعیین احتمالات عملیات جهش، برش، تعداد جمعیت و تعداد نسلها به صورت نخبه‌گرا بهترین مدل را با توجه به تابع برازندگی تعریف شده می‌یابد. به این صورت که پس از تعیین ساختار از طریق برنامه GP، پارامترهای آن ساختار از روش حداقل مربعات خطا (Least square Error) محاسبه می‌گردد. زیرا سیستم از نظر پارامترها، خطی می‌باشد. سپس برای مدل بدست آمده تابع برازندگی محاسبه می‌شود.



شکل ۳: قبل از برش



شکل ۴: بعد از برش

۴- یافتن بهترین مدل دینامیکی برای بازه PR

پس از آماده سازی میانگین بازه‌های PR برای افراد سالم و در شرف بیماری، با استفاده از روش ارائه شده در بخش ۳ به یافتن مناسبترین مدل دینامیکی غیر خطی برای بازه‌های PR پرداختیم.

بنابراین ما توانستیم با ساختاری واحد و با دقتی بسیار بالا تمام میانگین بازه های PR متعلق به افراد در شرف بیماری و سالم را به صورت دینامیکی مدل نماییم.

۴-۱ یافتن بهترین مدل زمانی برای بازه PR

برای اینکه بتوان پیش بینی آریتمی به کمک مدل کردن دینامیکی را با پیش بینی از طریق مدل سازی به روش دیگری مقایسه نمود، سعی نمودیم تا میانگین بازه های PR را به صورت زمانی نیز مدل نماییم. ساختار مدل مورد نظر در معادله (۳) آمده است.

$$y(t) = p_1 t^n + p_2 t^{n-1} + \dots + p_n t + p_{n+1} \quad (3)$$

در مدل بالا پارامترهای مجهول $(p_1, p_2, \dots, p_{n+1})$ ، از روش حداقل مربعات خطا (LSE) محاسبه می شود. ضمناً n درجه چند جمله ای است و برای بازه های مختلف PR، برای اینکه کمترین خطای تخمین را داشته باشیم، عددی برابر با ۱۸، ۱۹ و یا ۲۰ بدست آمد. جدول ۲، نتایج حاصل از این مدل سازی را برای ۴۴ بازه PR مورد آزمایش نشان می دهد. در این جدول منظور از خطای تخمین، میانگین مربعات خطای بین سیگنال واقعی و سیگنال تخمین زده شده می باشد.

جدول ۲: نتایج حاصل از مدل سازی زمانی برای ۴۴ سیگنال مورد نظر

متوسط خطای تخمین	بیشترین خطای تخمین	کمترین خطای تخمین
$4.729 * 10^{-6}$	$3.09 * 10^{-5}$	$5.5 * 10^{-9}$

مقایسه جداول ۱ و ۲ نشان می دهد که مدل سازی دینامیکی به مراتب کم خطا تر است، اما مزیت مدل سازی زمانی نسبت به مدل سازی دینامیکی، مستقل بودن آن نسبت به شرایط اولیه می باشد.

نتیجه ای برسیم نیاز به مدلی با ساختار واحد برای تمام بازه های PR داریم.

برای حل این مشکل ابتدا از طریق اجرای الگوریتم آورده شده در بخش ۳، به مدل سازی ۱۰ بازه PR که ۵ بازه متعلق به افراد سالم و ۵ بازه دیگر آن متعلق به افراد در شرف بیماری بود، پرداختیم. سپس ساختار جدیدی را از کنار هم گذاشتن تمام چند جمله ای هایی که در این ۱۰ مدل موجود بودند بدست آوردیم. این ساختار که در معادله (۲) آمده است شامل ۱۹ چند جمله ای نه چندان پیچیده و ۲۰ پارامتر مجهول $(a_1, a_2, \dots, a_{20})$ می باشد. سپس برای تمام ۲۱ میانگین زیربازه PR متعلق به افراد در شرف بیماری و ۲۳ میانگین PR متعلق به افراد سالم از طریق روش حداقل مربعات خطا (Least Square Error)، به محاسبه ۲۰ پارامتر مجهول پرداختیم.

$$y(k) = \sum_{i=1}^4 a_i y(k-i) + a_5 y(k-1)y(k-2) + a_6 y(k-2)y(k-3) + a_7 y(k-3)y(k-4) + a_8 y(k-2)y(k-4) + a_9 y(k-1)y(k-3) + a_{10} y(k-1)y(k-4) + a_{11} y(k-3)y(k-3) + a_{12} y(k-1)y(k-1) + a_{13} y(k-4)y(k-4) + a_{14} y(k-2)y(k-2) + a_{15} y(k-1)y(k-1) + a_{16} y(k-1)y(k-1)y(k-4) + a_{17} y(k-2)y(k-3)y(k-4) + a_{18} y(k-1)y(k-2) + a_{19} y(k-1)y(k-1)y(k-4) + a_{20} \quad (2)$$

با انتخاب معادله (۲) به عنوان ساختار واحد، توانستیم این ساختار را برای تمام بازه ها با دقت خوبی مدل نماییم. میزان خطای تخمین، حاصل از این مدل سازی برای ۴۴ بازه PR آزمایش شده در جدول ۱ آمده است. در این جدول منظور از خطای تخمین، میانگین مربعات خطای بین سیگنال واقعی و سیگنال تخمین زده شده می باشد.

جدول ۱: نتایج حاصل از مدل سازی دینامیکی برای ۴۴ سیگنال مورد نظر

متوسط خطای تخمین	بیشترین خطای تخمین	کمترین خطای تخمین
$1.16 * 10^{-17}$	$2.21 * 10^{-12}$	$5.23 * 10^{-26}$

پس از آموزش شبکه های عصبی، به آزمایش ۳۰ سیگنال باقی مانده پرداختیم. با در نظر گرفتن محدوده ای خطا، اگر خروجی شبکه عصبی عددی بین ۰.۷ و ۱.۲ بود، سیگنال را متعلق به فرد سالم تشخیص می دادیم و اگر عددی بین ۱.۲- تا ۰.۳- بود آن را در شرف حمله فیبریلاسیون دهلیزی در نظر می گرفتیم. حال اگر خروجی شبکه عصبی عددی خارج از این ۲ بازه بود، بدان معناست که شبکه عصبی در تشخیص و پیش بینی برای سیگنال مورد نظر ناتوان است.

جدول ۳ و ۴ نتایج حاصل از آزمایش ۳۰ سیگنال باقی مانده را توسط دو شبکه عصبی نشان می دهد.

با توجه به جدول ۳، الگوریتم پیشنهادی بر اساس مدل سازی دینامیکی توانست با حساسیت ۷۳.۳٪ به تفکیک سیگنالهای سالم و در شرف PAF بپردازد. در این روش صحت تشخیص نمونه های سالم ۸۰٪ و صحت تشخیص نمونه های در شرف PAF، ۷۶.۹٪ محاسبه شده است.

اما با توجه به جدول ۴، الگوریتم پیش بینی PAF بر اساس مدل سازی زمانی توانست با حساسیت ۵۶.۶۷٪ به تفکیک سیگنالهای سالم و در شرف PAF بپردازد. در این روش صحت تشخیص نمونه های سالم ۷۵٪ و صحت تشخیص نمونه های در شرف PAF، ۶۱.۵۴٪ بدست آمد.

جدول ۳: نتایج پیش بینی PAF بر اساس مدل سازی دینامیکی

بدون تشخیص	تشخیص = سالم	تشخیص = PAF	نمونه ۱۴ در شرف PAF
۱	۳	۱۰	
۱	۱۲	۳	نمونه ۱۶ سالم

جدول ۴: نتایج پیش بینی PAF بر اساس مدل سازی زمانی

بدون تشخیص	تشخیص = سالم	تشخیص = PAF	نمونه ۱۴ در شرف PAF
۳	۳	۸	
۲	۹	۵	نمونه ۱۶ سالم

۵- پیش بینی آریتمی PAF با کمک شبکه

عصبی

پس از یافتن مدلی با ساختار واحد برای تمام میانگین بازه های PR، به بررسی تغییرات پارامترهای مدل در افراد سالم و در شرف بیماری پرداختیم. تعداد زیاد پارامترها و تغییرات نامنظم و پیچیده آنها در هر دو مدل دینامیکی و زمانی باعث شد که نتوان از بررسی چشمی تغییرات آنها به نتیجه ای برای پیش بینی آریتمی رسید.

بنابراین از شبکه عصبی برای پیش بینی آریتمی کمک گرفتیم. ۷ سیگنال سالم و ۷ سیگنال در شرف بیماری را انتخاب کرده و از آنها به عنوان داده های آموزش استفاده نمودیم و باقی نمونه ها را برای آزمایش صحت عملکرد شبکه عصبی در نظر گرفتیم.

شبکه عصبی مورد نظر برای مدل دینامیکی، دارای ۲۰ ورودی، برابر با تعداد پارامترها و یک خروجی می باشد. ورودیهای شبکه عصبی همان پارامترهای مدل $(a_1, a_2, \dots, a_{20})$ ، که در معادله (۲) نشان داده شده است می باشند و خروجی آن عددی است بین ۱- و ۱.

شبکه عصبی طراحی شده برای مدل زمانی نیز دارای ۱ خروجی و ۲۱ ورودی (پارامترهای $(p_1, p_2, \dots, p_{21})$ است. چرا که بالاترین درجه برای بهترین مدل های تخمین زده شده، ۲۰ می باشد. حال اگر بهترین مدل تخمینی سیگنالی درجه کمتری داشت، پارامترهای مربوط به درجات بالاتر را صفر در نظر می گیریم.

در آموزش شبکه های عصبی، برای سیگنالهای سالم، عدد ۱ و برای سیگنالهای در شرف بیماری عددی نزدیک به ۱- را به عنوان خروجی در نظر گرفتیم. به این صورت که اگر داده ها مربوط به سیگنال ECG ۳۰ دقیقه پیش از حمله فیبریلاسیون دهلیزی بود عدد ۰.۵- را به عنوان خروجی برایش در نظر گرفتیم و اگر متعلق به ثانیه هایی پیش از حمله فیبریلاسیون دهلیزی بود، عدد ۱- را برای خروجی آن انتخاب کردیم. بدین ترتیب، برای زمانهای بین صفر و ۳۰ دقیقه تا فیبریلاسیون نیز با درون یابی خطی عددی بین ۰.۵- و ۱- برای خروجی در نظر گرفتیم.

- [3] T. Thong, J. McNames, M.Aboy, B. Goldstein, "Prediction of Paroxysmal Atrial Fibrillation by Analysis of Atrial Premature Complexes", IEEE Trans. Biomed. Eng., Vol. 51, No. 4, pp. 561-69, April 2004.
- [4] W. Zong, R.G. Mark, "A Methodology For Predicting Paroxysmal Atrial Fibrillation Based On ECG Arrhythmia Feature Analysis", Computers in Cardiology Challenge, MIT-BIH, S42.4, 2001.
- [5] R. Lepage, j. m. Boucher, J. J. Blance, J. C. Cornilly, "ECG Segmentation and P-wave Feature Extraction: Application to Patients Prone to Atrial Fibrillation", Proc. Of 23rd Annu. Conf. IEEE EMBS, Oct.25-28, Istanbul, Turkey, 2001.
- [6] Y. Chang, K. Park and B. Kim, "Nonlinear model for ECG R-R interval variation using genetic programming approach", Elsevier, Future Generation Computer System Vol. 21, pp. 1117-1123, 2005.
- [7] T. Bieberle, A. Bplz and M. Schaldach, "Characterization of Heart Rate Variability using a Nonlinear Model", IEEE-EMBC and CMBEC, Physiological Systems/Modeling and Identification, pp. 1475-1476, 1997.
- [8] W. M. Feinberg, J. L. Blackshear, A. Laupacis, "Prevalence, Age Distribution, and Gender of Patients with Atrial Fibrillation", Arch. Intern. Med., Vol. 155, pp. 469-473, 1995.

[۹] مهناز اروانه و ناصر پریز، "شناسایی ساختار و پارامترهای سیستم های غیرخطی با استفاده از ترکیب الگوریتمهای ژنتیک و برنامه سازی ژنتیکی"، مجموعه مقالات دهمین کنفرانس دانشجویی برق ایران، شهریور ۱۳۸۶.

[۱۰] لیندا پورتر فیلد، "تفسیر ECG به زبان ساده"، انتشارات گلبان، ۱۳۷۹

نتایج بدست آمده توانایی بالای الگوریتم پیشنهادی بر اساس مدلسازی دینامیکی را در پیش بینی PAF آشکار می سازد. مقایسه نشان می دهد روش بر اساس مدلسازی دینامیکی توانمند تر از روش براساس مدلسازی زمانی است.

۶- نتیجه گیری

در این مقاله روش جدیدی بر اساس مدلسازی قسمتی از سیگنال ECG برای پیش بینی آریتمی معرفی و توانایی آن در پیش بینی حملات فیبریلاسیون دهلیزی آزمایش شده است. ابتدا به یافتن بهترین مدل دینامیکی برای موج P پرداختیم. سپس از پارامترهای مدل، با کمک شبکه عصبی برای پیش بینی آریتمی استفاده نمودیم.

نتایج حاصله نشان می دهد این روش با حساسیت ۷۳.۳٪ به تفکیک سیگنالهای سالم و در شرف PAF می پردازد. در این روش صحت تشخیص نمونه های سالم ۸۰٪ و صحت تشخیص نمونه های در شرف PAF، ۷۶.۹٪ محاسبه شد.

همچنین مقایسه نتایج پیش بینی بر اساس مدلسازی دینامیکی با پیش بینی بر اساس مدلسازی زمانی برتری مدلسازی دینامیکی را بیان نمود. این نتایج قدرت نسبتا خوب این روش را نشان می دهد. هرچند امید است بتوان از بسیاری روشها این الگوریتم را بهبود داد و نتایج را بهتر نمود.

از مزایای عمده این روش، پیش بینی بر اساس تنها ۳۰ ثانیه سیگنال ECG می باشد. با استفاده از این روش تنها با جداسازی بازه های PR می توان در زمانی بسیار کوتاه به پیش بینی PAF برای افراد مختلف پرداخت. این مزیتها باعث می شود، امید داشت با بهبود این روش بتوان به ابزاری قدرتمند برای پیش بینی آریتمیها در مراکز درمانی دست یافت.

مراجع

- [1] J.Madar, J.Abonyi, F.Szeifert, *Genetic Programming for the Identification of Nonlinear Input-Output Models*, Department of Process Engineering, University of Veszprem, 2005.
- [2] G.J.Gray, D.J.Murray-Smith, Y.Li, K.C.Sherma, "Nonlinear Model Structure Identification Using Genetic Programming", Elsevier, Control Eng. Practice, Vol. 6, pp. 1341-1352, 1998.

SID



سرویس های ویژه



سرویس ترجمه تخصصی



کارگاه های آموزشی



بلاگ مرکز اطلاعات علمی



سامانه ویراستاری STES



فیلم های آموزشی

کارگاه های آموزشی مرکز اطلاعات علمی



مقاله نویسی علوم انسانی



اصول تنظیم قراردادها



آموزش مهارت های کاربردی در تدوین و چاپ مقاله