УДК УДК 519.688

ВЕЙВЛЕТ-АНАЛИЗ ДЛЯ НАХОЖДЕНИЯ ТОЧЕК МОРФОЛОГИЙ ВОЛН ЭЛЕКТРОКАРДИОГРАФИЧЕСКОГО СИГНАЛА

 $A. \ M. \ Kалякулина^1, \ M. \ M. \ Hocunoe^1, \ B. \ A. \ Mоскаленко^1, \ A. \ B. \ Hикольский^{1,2}, \ A. \ A. \ Kозлоe^3, \ H. \ Ho. \ Золотых^1, \ M. \ B. \ Иванченко^{1*}$

¹ Нижегородский госуниверситет им. Н. И. Лобачевского;
 ² Городская клиническая больница № 5;
 ³ Нижегородская областная клиническая больница им. Н. А. Семашко,
 г. Нижний Новгород, Россия

Предлагается новый алгоритм для определения основных значимых точек различных волн электрокардиографического сигнала, учитывающий информацию со всех доступных отведений и обеспечивающий аналогичную или более высокую точность по сравнению с другими современными технологиями. Результаты проверки эффективности для базы данных QTDB [1] показывают его чувствительность выше 97 % при обнаружении пиков электрокардиографического сигнала и 96 % для их начал и концов, а также положительную прогностическую ценность выше 97 % для пиков комплексов, что является лучшим результатом по сравнению с известными ранее алгоритмами. В отличие от последних, предлагаемый подход позволяет также определять морфологии волн. Ошибки сегментации всех опорных точек для предлагаемого алгоритма оказываются ниже допусков, определяемых Комитетом общих стандартов для электрокардиографии.

ВВЕДЕНИЕ

Вейвлет-анализ как особый тип линейного преобразования широко применяется в обработке и исследовании сигналов различной сложности, нестационарных во времени или неоднородных в пространстве [2, 3]. Поскольку результаты подобного анализа позволяют выявить не только общую частотную характеристику сигнала, но и информацию о локальных координатах, на которых обнаруживаются или изменяются те или иные группы частотных составляющих сигнала, данный метод находит широкое применение во многих задачах радиофизики [4, 5], теории синхронизации [6], акустики [7], нейродинамики и нейрофизиологии [8], распознавания и классификации изображений [9]. Кроме того, анализ вейвлет-образов используется для решения проблем, связанных с обработкой сигнала электрокардиограмм [10], в том числе задач выделения специфических волн и комплексов.

Электрокардиограмма (ЭКГ) представляет собой запись электрической колебательно-волновой активности сердца с помощью электродов, расположенных на поверхности тела, и является одним из самых мощных диагностических средств медицины для анализа функциональности этого органа. В частности, ЭКГ является наиболее часто используемым неинвазивным тестом первичной медико-санитарной помощи для определения частоты сердечных сокращений и нарушений их ритма [11, 12].

Амбулаторный анализ ЭКГ требует обработки сигналов, подверженных различным помехам [13]. Они включают в себя силовые помехи, электродный контактный шум, артефакты движения и мышц, блуждания изолинии и высокочастотные шумы. Поскольку подобные помехи могут перекрывать сердечную компоненту в пространственно-временной и частотной областях, выделение слабой сердечной компоненты из зашумлённого сигнала ЭКГ представляет собой достаточно сложную задачу. Использование радиофизических методов обработки сигналов хорошо

^{*} mikhail.ivanchenko@itmm.unn.ru

зарекомендовало себя при решении данной проблемы [14]. Шумоподавление сигналов ЭКГ облегчает последующую обработку и способствует получению максимально точной информации о работе сердца.

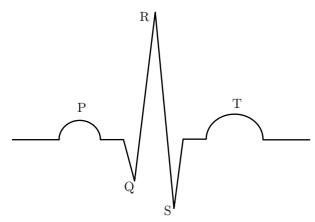


Рис. 1. Схематическое представление основных комплексов и волн сигнала ЭКГ

Клиническую информацию о сердечном ритме предоставляют волны и комплексы, возникающие на электрокардиограмме, а именно: QRS-комплекс и волны P, T (см. рис. 1). Волна P на ЭКГ отражает процесс деполяризации правого и левого предсердий, комплекс QRS соответствует процессу распространения возбуждения по миокарду желудочков, а волна Т показывает процесс быстрой конечной реполяризации миокарда желудочков. Анализ амплитуд и длительностей данных комплексов позволяет обнаружить нарушения сердечного ритма и наличие сердечно-сосудистых заболеваний [15]. Для задач диагностики требуется, в дополнение к комплексу QRS, находить также волны P и T, поскольку существу-

ют заболевания, наиболее явно проявляющиеся в патологическом изменении данных волн. Например, гипертрофия миокарда или предсердия изменяет вид волны P, а ишемия — форму волны T. Определение амплитуд и временных интервалов расположения вышеуказанных волн и комплексов составляет задачу сегментации ЭКГ, автоматизация которой как на аппаратном уровне, так и при комплютерной обработке сигналов кардиографов вызывает в настоящее время чрезвычайный интерес (пример сегментации приведён на рис. 2).

Точное выполнение сегментации — достаточно сложная задача по ряду причин. Например, Р-волна характеризуется малой амплитудой и может скрываться за движением электрода или мышечным шумом. Волны Р и Т могут быть двухфазными, что усложняет точное определение их начала или окончания. Более того, некоторые сердечные циклы могут не содержать всех стандартных волн ЭКГ, например может отсутствовать Р-волна, а при увеличенной частоте сердечного ритма она может частично перекрываться с Т-волной предыдущего удара.

Первый этап сегментации сигнала ЭКГ состоит в обнаружении QRS-комплекса, который в большинстве случаев является наиболее выраженной волной сердечного цикла. Последующая обработка обнаруживает опорные точки Р-волны, QRS-комплекса и Т-волны (начало, пик, окончание). Циклическая природа сигнала ЭКГ и его спектральных компонент, которые в основном

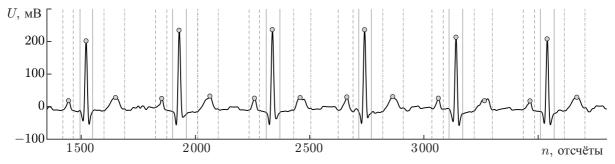


Рис. 2. Пример сегментации — выделения основных волн и комплексов сигнала ЭКГ. Символами показаны пики комплексов QRS, P и T, линиями — границы комплексов (сплошные линии — комплекс QRS, пунктирные линии — волна P, штрихпунктирные линии — волна T)

775

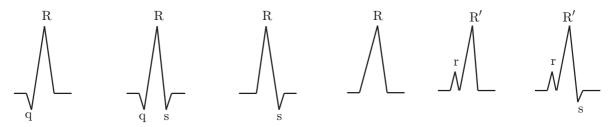


Рис. 3. Пример наиболее распространённых типов форм комплекса QRS

проявляются в заранее известных полосах частот, позволяют предположить, что исследование помощью вейвлет-преобразований для анализа ЭКГ будет эффективным. Методы, связанные с вейвлет-преобразованиями, были предложены многими авторами [16–19] и основывались на хорошо известном методе, впервые предложенным Ли [20].

К сожалению, указанные выше алгоритмы обнаруживают только основные точки волн сигнала ЭКГ — начало, пик и окончание. Данной информации может быть недостаточно для проведения врачебной диагностики. Так, при анализе сигнала ЭКГ для выявления признаков сердечнососудистых заболеваний важно знать не только временные разметки волн, но и их форму, а именно наличие нескольких фаз пиков и дополнительных точек волн, расположение и направленность пиков Q и S комплекса QRS (примеры его форм показаны на рис. 3). Подобная полная информация о разметке всех точек волн сигнала ЭКГ, их взаимном расположении, направленностях и длительностях интервалов между значимыми точками может быть использована врачом-диагностом для определения признаков нарушений сердечного ритма и наличия сердечно-сосудистых заболеваний.

В данной работе предложен новый алгоритм сегментации различных волн сигнала ЭКГ, обеспечивающий аналогичную или более высокую точность по сравнению с опубликованными. Результаты его применения показывают, что, во-первых, чувствительность нового алгоритма превышает 97% при обнаружении пиков волн ЭКГ и равна 96% при определении начала и конца волн. Во-вторых, новый алгоритм обладает более высокой положительной прогностической ценностью на базе данных QTDB [1] по сравнению с другими современными подходами. В отличие от опубликованных ранее алгоритмов, предлагаемый подход учитывает информацию со всех доступных отведений и позволяет определять морфологии волн. Ошибки сегментации опорных точек при его применении оказываются ниже допусков, определяемых Комитетом общих стандартов для электрокардиографии (CSE). Разработанный алгоритм может позволить получить детальную информацию об электрической колебательно-волновой активности сердца.

1. ВЕЙВЛЕТ-ПРЕОБРАЗОВАНИЕ

Вейвлет-преобразование представляет собой разложение сигнала на комбинацию базисных функций, полученных с помощью растяжения a и сдвига b одной материнской функции вейвлет-преобразования. Таким образом, вейвлет-преобразование сигнала определяется следующим образом:

$$W_a x(b) = \frac{1}{\sqrt{a}} \int_{-\infty}^{+\infty} x(t) \,\psi\left(\frac{t-b}{a}\right) \,\mathrm{d}t, \quad a > 0.$$
 (1)

Чем больше коэффициент масштабирования a, тем шире базовая функция, и, следовательно, соответствующий коэффициент даёт информацию о более низкочастотных составляющих сигнала и наоборот. Если материнский вейвлет $\psi(t)$ является производной от некоторой сглаживающей

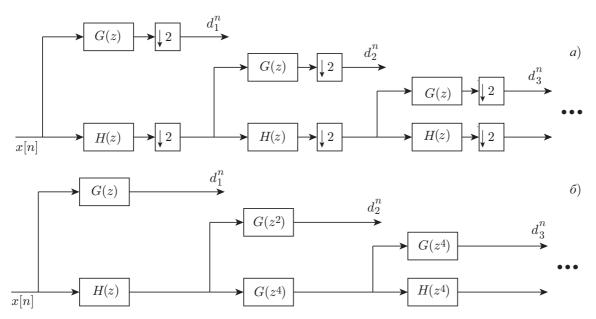


Рис. 4. Два представления банка фильтров для дискретного вейвлет-преобразования: алгоритм Малла (a) и алгоритм à trous (b)

функции $\theta(t)$, то вейвлет-преобразование сигнала x(t) на шкале a имеет вид

$$W_a x(b) = -a \frac{\mathrm{d}}{\mathrm{d}b} \int_{-\infty}^{+\infty} x(t) \theta_a(t-b) \,\mathrm{d}t, \tag{2}$$

где $\theta_a(t) = (1/\sqrt{a})\theta(t/a)$ — масштабированная версия сглаживающей функции. Вейвлет-преобразование на шкале a пропорционально производной отфильтрованной версии сигнала со сглаживающей импульсной характеристикой на шкале a. Поэтому нули вейвлет-образа соответствуют локальным максимумам или минимумам сглаженного сигнала на разных шкалах, а максимальные абсолютные значения вейвлет-преобразования отвечают максимальным наклонам графика фильтрованного сигнала.

Коэффициент масштабирования a и параметр сдвига b могут быть дискретизированы. Обычно рассматривается двоичная сетка: $a=2^k$ и $b=2^kl$. В этом случае базисные функции представляются в следующем виде:

$$\psi_{k,l}(t) = 2^{-k/2}\psi\left(2^{-k}t - l\right); \quad k, l \in \mathbb{Z}^+.$$
 (3)

Дискретное вейвлет-преобразование сигнала x получается применением набора фильтров. Сначала сигнал пропускается через низкочастотный фильтр с импульсным откликом G, и получается свёртка:

$$y[n] = \sum_{k=-\infty}^{\infty} x[k]G[n-k]. \tag{4}$$

Здесь и далее квадратные скоки обозначают номер элемента в соответствующем массиве. Одновременно сигнал раскладывается с помощью высокочастотного фильтра H аналогичным образом:

$$y[n] = \sum_{k=-\infty}^{\infty} x[k]H[n-k]. \tag{5}$$

После применения высокочастотного фильтра H получаются так называемые детализирующие коэффициенты, а после применения низкочастотного фильтра G — аппроксимирующие коэффициенты. Эти два фильтра называются квадратурными зеркальными фильтрами.

Таблица 1. Коэффициенты фильтров высоких и низких частот, соответствующие биортогональным вейвлетам класса 1,5

H[0] = 0.0165728152	G[0] = 0
H[1] = -0.0165728152	G[1] = 0
H[2] = -0.1215339780	G[2] = 0
H[3] = 0.1215339780	G[3] = 0
H[4] = 0,7071067812	G[4] = -0.7071067812
H[5] = 0.7071067812	G[5] = 0.7071067812
H[6] = 0.1215339780	G[6] = 0
H[7] = -0.1215339780	G[7] = 0
H[8] = -0.0165728152	G[8] = 0
H[9] = 0.0165728152	G[9] = 0

Для дискретизированных по времени сигналов дискретное вейвлет-преобразование, согласно алгоритму Малла, сводится к построению банка фильтров высоких и низких частот [21]. К исходному сигналу применяются фильтры высоких и низких частот, в результате получаются детализирующие и аппроксимирующие коэффициенты первой шкалы соответственно. Применение фильтров высоких и низких частот к аппроксимирующим коэффициентам первой шкалы даёт детализирующие и аппроксимирующие коэффициенты второй шкалы. Данный процесс можно продолжить. Стандартный алгоритм предполагает прореживание коэффициентов, как это показано на рис. 4а.

В задаче сегментации сигнала ЭКГ, которая сводится к анализу детализирующих коэффициентов различных шкал, в прореживании нет необходимости. Из-за прореживания уменьшается временное разрешение вейвлет-коэффициентов больших шкал a. Поэтому используется алгоритм à trous [22], в котором частота дискретизации на всех масштабах одинакова и отсутствует прореживание (см. рис. 46).

В данной работе мы используем биортогональные вейвлеты класса 1,5, предложенные в работе [22]. Коэффициенты фильтров высоких (G[k]) и низких (H[k]) частот представлены в табл. 1. От выбора материнской функции вейвлет-преобразования существенно зависят величины параметров алгоритма сегментации. Для частоты дискретизации сигнала 1 000 Γ ц детализирующие коэффициенты первой шкалы характеризуют диапазон частот $500 \div 1\,000$ Γ ц, детализирующие коэффициенты второй шкалы — $250 \div 500$ Γ ц, детализирующие коэффициенты третьей шкалы — $125 \div 250$ Γ ц, четвёртой шкалы — $62.5 \div 125$ Γ ц, пятой шкалы — $31.25 \div 62.5$ Γ ц. Совокупное рассмотрение детализирующих коэффициентов различных шкал позволяет находить не только опорные точки волн сигнала Θ КГ (начало, пик, окончание), но и подробно рассматривать морфологию каждого обнаруженного комплекса.

2. СЕГМЕНТАЦИЯ СИГНАЛА ЭКГ

2.1. Общие сведения

Электрокардиограмма представляет собой набор сигналов, записанных с разных отведений. К каждому отведению отфильтрованного сигнала ЭКГ применяется дискретное вейвлет-преобразование без прореживания. Детализирующие коэффициенты высоких шкал используются для поиска пиков комплексов QRS, волн Р и Т и примерного местонахождения их границ. Детализирующие коэффициенты низких шкал используются для уточнения границ комплексов, а также для анализа их морфологий.

В ходе работы алгоритма сначала сегментируются комплексы QRS (они, как правило, имеют наибольшую амплитуду) на каждом отведении отдельно. Затем по результатам сегментации всех отведений происходит удаление некорректно отсегментированных комплексов, добавление недо-

стающих комплексов и корректировка границ. После сегментации комплексов QRS аналогичным образом осуществляется сегментация сначала волны T, затем волны P (поскольку волна T, как правило, имеет бо́льшую амплитуду, чем волна P).

В сегментации комплексов QRS и волн Р и Т можно выделить следующие общие этапы:

- 1) определение пика;
- 2) определение первичных границ;
- 3) уточнение границ, определение морфологии;
- 4) корректировка по результатам сегментации всех отведений.

Этапы 1 и 2 являются традиционными и в том или ином виде описаны в работах [16, 18]. Этапы 3 и 4 — основные нововведения данной работы. Кроме того, мы предлагаем ряд изменений на этапах 1 и 2.

Основным предметом рассмотрения алгоритма сегментации являются детализирующие коэффициенты, обозначаемые как d_n^k , где k — индекс шкалы, а n — индекс измерения сигнала. На заданной шкале k находятся все нули z_j^k (где j — номер пересечения нуля) детализирующих коэффициентов. Поскольку детализирующие коэффициенты пропорциональны производной от фильтрованного сигнала, где шкала k отвечает за степень фильтрации, найденные нули z_j^k соответствуют экстремумам исходного сигнала. Экстремумы с наибольшей амплитудой представляют собой пики основных волн и комплексов сигнала ЭКГ. Для каждого нуля находятся следующие характеристики, представленные на рис. 5:

- 1) ml_j глобальный экстремум, расположенный слева от точки z_j^k (левая граница поиска экстремума ограничивается либо предыдущим нулем, либо началом сигнала); характеризуется индексом и значением ($\mathrm{ml}_j^{\mathrm{(ind)}}$ и $\mathrm{ml}_j^{\mathrm{(val)}}$ соответственно);
- z_j^{j} глобальный экстремум, расположенный справа от точки z_j^{k} (правая граница поиска экстремума ограничивается либо следующим нулём, либо концом сигнала); характеризуется индексом и значением ($\operatorname{mr}_j^{(\mathrm{ind})}$ и $\operatorname{mr}_j^{(\mathrm{val})}$ соответственно);
- 3) $a_j = |\mathrm{ml}_j^{(\mathrm{val})}| + |\mathrm{mr}_j^{(\mathrm{val})}|$ величина, которую в дальнейшем будем называть амплитудой нуля, она определяется значениями экстремумов, находящихся по обе стороны от нуля.

Также в алгоритме сегментации необходимо находить локальные экстремумы детализирующих коэффициентов:

- 1) согласованные экстремумы положительные максимумы и отрицательные минимумы;
- 2) несогласованные экстремумы положительные минимумы и отрицательные максимумы.

2.2. Сегментация комплекса QRS

Комплекс QRS, как правило, обладает наибольшей амплитудой сигнала. Поэтому нули z^k с максимальной амплитудой a соответствуют одной из волн этого комплекса. Однако комплекс QRS может иметь сложную структуру: дополнительные пики R в дополнение к стандартным точкам Q, R и S. Также при некоторых сердечно сосудистых заболеваниях высота волны T может становиться сравнимой с высотой пика R [15], что затрудняет процесс сегментации.

2.2.1. Определение пика комплекса QRS

Для определения пика комплекса используются детализирующие коэффициенты, соответствующие частотам от 30 до 100 Γ ц. Если исходная частота дискретизации сигнала равна 500 Γ ц, то необходимо рассматривать детализирующие коэффициенты с номерами шкал k=3 или 4 (пример детализирующих коэффициентов шкалы k=4 с частотой сигнала 500 Γ ц показан на рис. 5).

779

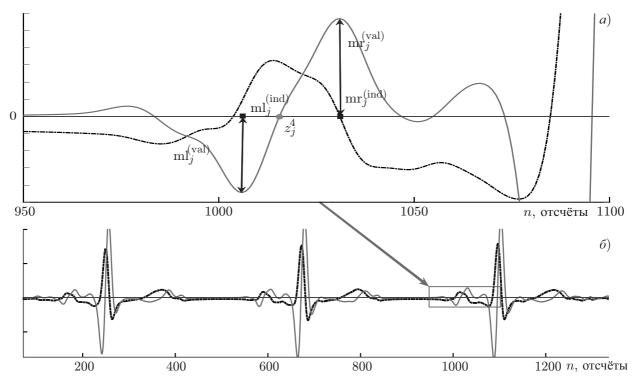


Рис. 5. Пример ЭКГ (сплошная линия) с детализирующими коэффициентами 4-й шкалы (штрихпунктирная линия). На увеличенном изображении проиллюстрированы обозначения из пункта 2.1. Круг z_j^4 соответствует рассматриваемому нулю, квадраты $\mathrm{ml}_j^{(\mathrm{ind})}$ и $\mathrm{mr}_j^{(\mathrm{ind})}$ — индексам левого и правого экстремумов соответственно

Осуществляется поиск всех пересечений нулей z^k . Если было найдено пересечение нуля z^k_j , то оно запоминается как текущий кандидат на пик комплекса QRS. Если в окне с длительностью 250 мс после текущего кандидата будет обнаружено пересечения нуля z^k_i , чья амплитуда будет больше $(a_i > a_j)$, то z^k_i замещает запомненный ранее нуль z^k_j в роли кандидата, для которого проводится аналогичный поиск в окне 250 мс. Процесс останавливается, если в окне поиска не нашлось новых подходящих кандидатов. Таким образом, формируется список первичных кандидатов нулей \overline{z}^k на роль пика комплекса QRS. Выбор длительности временного окна (250 мс) обусловлен максимально возможной предполагаемой частотой сердечных сокращений (ЧСС) — 240 ударов в минуту.

Далее происходит проверка кандидатов. Рассматривается некоторая часть сигнала ЭКГ ($w^{\rm tr}$), гарантированно содержащая QRS-комплексы. Например, если сигнал достаточно длинный, берётся 8 с, в которых гарантированно есть хотя бы 4 сердечных сокращения (QRS-комплекса), что соответствует минимально возможной ЧСС в 30 ударов в минуту. Для принятия решения о корректности кандидата \overline{z}_j^k необходимо вычислять дополнительную характеристику — амплитуду нуля в некотором окне Δ (a_j^Δ), которая определяется как разность между максимальным и минимальным значениями детализирующих коэффициентов d_n^k в интервале [$\overline{z}_j^k - \Delta, \overline{z}_j^k + \Delta$]. Значение Δ равно 100 мс и обусловлено типичной продолжительностью комплексов QRS. В тренировочном окне $w^{\rm tr}$ вычисляется величина

$$\varepsilon^k = \frac{p_1^{\text{QRS}}}{N} \sum_{\overline{z}_i^k \in w^{\text{tr}}} a_j^{\Delta},\tag{6}$$

А. И. Калякулина, И. И. Юсипов, В. А. Москаленко и др.

где $p_1^{\rm QRS}$ — некоторый численный параметр (оптимальное значение представлено в табл. 2), N — число гарантированно обнаруженных пиков QRS комплексов на данном временном интервале $w^{\rm tr}$ (вычисленное из минимальной возможной ЧСС), а сумма в формуле (6) берётся по N наибольшим значениям, найденным в данном интервале.

Для следующего нуля \overline{z}_j^k (первичного кандидата), который находится за пределами обучающего окна $w^{\rm tr}$, проверяется условие $a_j^\Delta > \varepsilon^k$. Если оно выполняется, то данный нуль окончательно определяется как пик комплекса QRS. После этого пересчитывается величина ε^k с учётом нового обнаруженного пика: в число гарантированно обнаруженных пиков QRS-комплексов включается данный нуль и соответствующее ему значение a_j^Δ учитывается в сумме в правой части выражения (6), при этом из рассмотрения исключается самый первый элемент этой суммы (N остаётся неизменным). За счёт такого подхода достигается адаптация сегментации в случае локальных изменений сигнала ЭКГ. Также возможно восстановление сегментации в тренировочном окне $w^{\rm tr}$, если данный подход будет применён справа налево после нахождения пиков комплекса QRS за пределами тренировочного окна.

2.2.2. Определение первичных границ комплекса QRS

Таблица 2. Параметры, используемые в алгоритме сегментации

$p_1^{\text{QRS}} = 0.500$	$p_1^{\rm T} = 0,600$	$p_1^{\rm P} = 0.40$
$p_2^{\rm QRS} = 0.050$	$p_2^{\rm T} = 0,\!200$	$p_2^{\rm P} = 0.08$
$p_3^{\text{QRS}} = 0.300$	$p_3^{\mathrm{T}} = 0.850$	$p_3^{\rm P} = 0.90$
$p_4^{\rm QRS} = 0.200$	$p_4^{\rm T} = 0.150$	$p_4^{\rm P} = 0.05$
$p_5^{\rm QRS} = 0.075$	$p_5^{\mathrm{T}} = 0.125$	$p_5^{\rm P} = 0.10$
$p_6^{\rm QRS} = 0.050$	$p_6^{\rm T} = 0,200$	$p_6^{\rm P} = 0.20$
$p_7^{\rm QRS} = 0.150$	$p_7^{\rm T} = 0.300$	$p_7^{\rm P} = 0.15$
$p_8^{\rm QRS} = 0.750$	$p_8^{\rm T} = 0,\!800$	$p_8^{\rm P} = 0.70$
$p_9^{\rm QRS} = 2{,}000$	$p_9^{\rm T} = 2{,}500$	$p_9^{\rm P} = 2{,}00$

Начало комплекса QRS ищется слева от экстремума $\mathrm{ml}_j^{(\mathrm{ind})}$, где j — номер соответствующего нуля, который является пиком данного комплекса. В фиксированном окне с длительностью 150 мс ведётся поиск всех локальных согласованных экстремумов. Далее, справа налево перебираются все локальные экстремумы, модули которых больше значения $t_{\mathrm{on}} = p_2^{\mathrm{QRS}} a_j$, где p_2^{QRS} — численный параметр, значения которого приведены в табл. 2. Индекс последнего экстремума, абсолютное значение которого превзошло t_{on} , будет являться стартовой точкой отсчёта поиска начала комплекса QRS. Необходимо также за-

помнить значение этого экстремума, которое обозначим как \overline{m} . Во избежание некорректной сегментации сложных морфологий QRS-комплекса необходимо провести дополнительную проверку. Если в предыдущем пункте был найден экстремум с абсолютным значением, меньшим $t_{\rm on}$, то необходимо проверить следующие экстремумы: их модули не должны превосходить значения $T_{\rm on}=p_3^{\rm QRS}a_j$ (значение $p_3^{\rm QRS}$ также приведено в табл. 2). Если это условие нарушается (например, если QRS-комплекс имеет сложную М-образную морфологию), то в качестве стартового индекса для поиска начала комплекса выбирается индекс последнего локального экстремума, чей модуль превысил значение $T_{\rm on}$ (значение \overline{m} также будет актуализировано).

Начиная со стартового индекса и значения m, определённого в предыдущем абзаце, двигаясь влево, необходимо найти два индекса:

- 1) индекс пересечения некоторого порогового значения $b_{\mathrm{on}}=p_{4}^{\mathrm{QRS}}\overline{m};$
- 2) индекс несогласованного экстремума, если последний существует до следующего нуля. Максимальный из этих двух индексов будет являться индексом начала комплекса QRS.

Поиск конца комплекса QRS происходит аналогично в противоположном направлении. Вместо значений $t_{\rm on}$ и $b_{\rm on}$ используются значения $t_{\rm off}=p_5^{\rm QRS}a_j$ и $b_{\rm off}=p_6^{\rm QRS}\overline{m}$ соответственно (см. табл. 2).

2.2.3. Уточнение границ и определение морфологии комплекса QRS

В работах [16, 18] для сегментации сигнала ЭКГ используются детализирующие коэффициенты только высоких шкал. Одним из основных нововведений данной работы является использование детализирующих коэффициентов низких шкал, которые характеризуют более высокочастотные составляющие сигнала ЭКГ. Это позволяет сформировать морфологию каждого конкретного комплекса в виде списка точек, каждая из которых характеризуется названием, индексом и значением потенциала. Кроме того, такой подход позволяет анализировать такие сложные явления, как поздние потенциалы желудочков и предсердий [23].

Для определения морфологии комплекса, наряду с большими шкалами детализирующих коэффициентов (упоминаемыми в подразделах 2.2.1 и 2.2.2), необходимо рассматривать детализирующие коэффициенты низких шкал, которые характеризуют высокочастотные составляющие сигнала. Например, в случае исходной частоты дискретизации сигнала 500 Γ ц рассматривается шкала $k^* = 1$. Сначала формируется список всех нулей детализирующих коэффициентов бо́льших шкал d_n^k , которые находятся внутри первичных границ комплекса, при этом известно, какому из нулей соответствует пик R (также определённый на этапе 2.2.2). Если данный нуль является не первым и не последним в заданных границах, то первый нуль соответствует пику Q комплекса, а последний — пику Q комплекса первым нулём, то у комплекса Q отсутствует пик Q, если последним — отсутствует пик Q, и Q и

Следующим этапом является корректировка границ комплекса. Корректировка начала комплекса происходит только в том случае, если обнаружен пик Q на шкале k, а корректировка конца — только в случае обнаружения пика S. Если пики Q и S не были обнаружены на предыдущем этапе, то в качестве границ используются индексы, полученные после этапа 2.2.2. В противном случае для каждого ранее сегментированного комплекса вычисляется его длительность L^{QRS} и отклонение от максимально допустимого значения длительности комплекса QRS (p_7^{QRS}) : $\eta^{\mathrm{QRS}} = p_7^{\mathrm{QRS}} - L^{\mathrm{QRS}}$. Если $\eta^{\mathrm{QRS}} < 0$, то корректировка границ комплекса не происходит (сохраняется результат, полученный после этапа 2.2.2). В противном случае при корректировании границы комплекса могут быть расширены на величину $\eta^{\mathrm{QRS}}/2$ слева при отыскании начала комплекса и справа при отыскании конца комплекса. В интервале $[on-\eta^{QRS}/2, on]$ находятся нули и локальные экстремумы на шкале k^* детализирующих коэффициентов (on — индекс пика Q). Если были обнаружены нули, то в качестве индекса начала комплекса QRS выбирается нуль с максимальным значением $|mr_{\text{on}}^{(\text{val})}|$. Если не было обнаружено нулей, то в качестве начала комплекса QRS выступает индекс последнего несогласованного экстремума в интервале $[on-\eta^{QRS}/2,$ on]. Если последних также не было найдено, то в качестве начала выбирается индекс, найденный в пункте 2.2.2. Корректировка конца комплекса QRS осуществляется аналогичным образом.

2.2.4. Корректировка комплексов QRS по результатам сегментации всех отведений

Данная модификация рассчитана на сигналы ЭКГ с большим числом отведений. После предыдущих этапов сегментации возможны следующие ситуации:

- 1) отсутствует сегментация комплекса на конкретном отведении;
- 2) ошибочная сегментация (например, волна с большой амплитудой Т некорректно распозналась алгоритмом как QRS-комплекс);

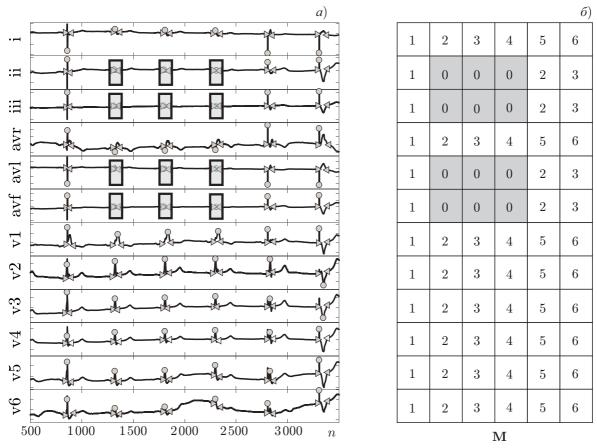


Рис. 6. Панель a: пример 12-канальной сегментированной ЭКГ с кардиостимулятором. Границы комплекса показаны треугольниками, пики — кругами. После первых этапов сегментации на части отведений отсутствовали комплексы, выделенные прямоугольниками. За счёт корректировки с учётом множества отведений их сегментация была восстановлена. Панель b: матрица соответствия \mathbf{M} для случая, изображённого на рис. b0, до корректировки с учётом множества отведений. Нули в матрице \mathbf{M} 0 соответствуют пропущенным несегментированным комплексам

3) некорректные границы комплекса (например, когда начало комплекса QRS ошибочно пересекается с волной P).

Корректировка с учётом множества отведений позволяет избежать большинства перечисленных выше недостатков базовой версии алгоритма, основанной на работах [16, 18]. Помимо общего улучшения качества выделения комплексов, данный подход позволяет решать задачу сегментации в особых случаях — например, когда из-за наличия кардиостимулятора некоторые комплексы QRS имеют существенно бо́льшую амплитуду, чем остальные (см. рис. 6a). Вследствие этого некоторые комплексы изначально остаются несегментированными после первых этапов (на рис. 6a выделены прямоугольниками). Но корректировка с учётом множества отведений позволяет восстановить их сегментацию.

Сначала по результатам сегментации строится так называемая матрица соответствия \mathbf{M} , строки которой соответствуют отдельным отведениям (пример этой матрицы изображён на рис. 66). Элементами матрицы являются либо порядковые номера комплексов для конкретного отведения, либо 0, который означает, что данный комплекс не найден на текущем отведении. До построения матрицы вычисляется среднее значение длины QRS-интервала $\langle \mathrm{QRS} \rangle$ на всей ЭКГ. В начале процесса построения матрицы \mathbf{M} выбирается отведение с максимальным числом сегментирован-

ных комплексов и формируется список L всех найденных на данный момент комплексов. В этом списке хранятся усреднённые значения индексов начала, пика и конца, а также их стандартные отклонения. Далее, в каждом отведении для каждого сегментированного комплекса находится его соответствие в списке L путём вычисления минимальной разности индексов пика комплекса, и полученный порядковый номер заносится в матрицу \mathbf{M} . Если минимальная разница превышает p_8^{QRS} (QRS), то в список L вводится новый комплекс (значение параметра p_8^{QRS} дано в табл. 2). После формирования матрицы \mathbf{M} (см. рис. 6 δ) каждый её столбец содержит в соответствующем отведении порядковый номер или 0, если данный комплекс обнаружен не был.

Если в столбце \mathbf{M} содержатся нули в количестве, не превышающим 1/3 от общего числа всех отведений, то в соответствующих отведениях необходима сегментация пропущенных на предыдущих этапах комплексов. В качестве первичных границ комплекса выступают усреднённые значения границ этого же комплекса из списка L. В качестве пика берётся нуль с максимальной амплитудой внутри этих границ. После этого к новому комплексу применяются подходы, описанные в разделе 2.2.3, т. е. восстанавливается его морфология и корректируются границы.

Если в каком-либо столбце M число ненулевых элементов не превышает 1/3 от общего числа всех отведений, то необходимо удаление ошибочной сегментации в соответствующих отведениях.

Также на данном этапе предусмотрена корректировка сильно выделяющихся комплексов. Если индекс пика текущего комплекса отклоняется от среднего значения $m_{\rm peak}$ в списке L на величину, бо́льшую, чем $p_9^{\rm QRS}\sigma_{\rm peak}$ ($\sigma_{\rm peak}$ — стандартное отклонение для пика рассматриваемого комплекса), тогда, как и в случае с добавлением пропущенного сегментированного комплекса, проводится новая сегментация с учётом усреднённых значений границ.

2.3. Сегментация волны Т

Следующим этапом является сегментация волны T, которая следует за QRS-комплексом и обладает, как правило, большей амплитудой, чем волна P.

2.3.1. Определение пика Т

Сначала вычисляется длительность интервала (между соседними пиками) RR, в котором ищется волна Т. Для определения пика комплекса необходимо найти все нули z^k детализирующих коэффициентов шкалы k=3 (при исходной частоте дискретизации сигнала 500 Γ ц) в окне

$$W_t = [\operatorname{qrs}_{\text{off}} + 80 \text{ mc}, \operatorname{qrs}_{\text{off}} + p_1^{\text{T}} RR], \tag{7}$$

где qrs_{off} — индекс окончания предыдущего QRS-комплекса, окно отступа с величиной 80 мс обусловлено характерной длиной интервала ST (между пиками S и T), $p_1^{\rm T}$ — численный параметр, характеризующий допустимое окно поиска волны T (приведён в табл. 2). Среди всех нулей выбирается пересечение z_i^k с максимальной амплитудой a_i , после чего проверяется условие

$$a_j > p_2^{\mathrm{T}} A, \tag{8}$$

где A — усреднённое значение амплитуд нулей, соответствующих двум пикам R (слева и справа от сегментируемой волны T). Если условие (8) не выполняется, то сегментация прекращается и делается вывод об отсутствии волны T. В противном случае индекс этого нуля будет являться пиком T.

Морфология волны Т может быть бифазной: она может иметь два пика, каждому из которых соответствует отдельный нуль. Для проверки данной морфологии слева от обнаруженного пика ищется нуль z_{i-1}^k и проверяются два условия:

$$a_{j-1} > p_3^{\mathrm{T}} a_j, \qquad z_j^k - z_{j-1}^k < p_4^{\mathrm{T}} \, \mathrm{RR}.$$
 (9)

Первое условие гарантирует то, что обнаруженная вторая волна Т обладает амплитудой, сравнимой с амплитудой предыдущей волны, а второе условие накладывает ограничение на расстояние между пиками (значения $p_3^{\rm T}$ и $p_4^{\rm T}$ приведены в табл. 2). Если второй пик не обнаружен слева, то симметричные условия проверяются для нуля z_{i+1}^k справа.

2.3.2. Определение первичных границ волны Т

Поиск начала волны Т осуществляется справа налево. Стартовым индексом поиска является индекс левого экстремума нуля $\mathrm{ml}_{\mathrm{T}}^{(\mathrm{ind})}$, который соответствует пику (левому пику, если волна Т бифазная). Конечному индексу поиска отвечает значение $\mathrm{qrs}_{\mathrm{off}}+80$ мс, где $\mathrm{qrs}_{\mathrm{off}}-$ индекс конца предыдущего комплекса QRS. Слева от стартового значения ищется индекс пересечения порогового значения $p_5^{\mathrm{T}}\,\mathrm{ml}_{\mathrm{T}}^{(\mathrm{ind})}$ детализирующими коэффициентами d_n^k и индекс первого встреченного несогласованного экстремума. В качестве окончания выбирается максимальный из двух индексов. Симметричным образом относительно пика определяется конец волны Т: поиск индексовкандидатов осуществляется слева направо (правая граница поиска: $\mathrm{qrs}_{\mathrm{off}}+p_1^{\mathrm{T}}\,\mathrm{RR}$) и выбирается минимальный среди них.

2.3.3. Уточнение границ и определение морфологии волны Т

Как и в случае сегментации комплекса QRS, для уточнения границ и восстановления морфологии волны Т используются низкие шкалы детализирующих коэффициентов, характеризующие высокочастотные составляющие сигнала ЭКГ. В случае исходной частоты дискретизации сигнала 500 Γ ц рассматривается шкала $k^*=1$.

Среди всех нулей детализирующих коэффициентов шкалы k^* в окрестности Δ_{T}^1 первично определённого пика выбирается нуль с максимальной амплитудой ($\Delta_{\mathrm{T}}^1 = p_6^\mathrm{T} L_\mathrm{T}$, где L_T — текущая длина волны Т). Индекс данного нуля сохраняется в роли обновлённого пика Т. Аналогичная процедура применяется ко второму пику в случае бифазности Т. Все оставшиеся нули также заносятся в морфологию. Границы корректируются следующим образом: в окрестности Δ_{T}^2 первично определённых границ ищутся нули на шкале k^* и несогласованные экстремумы ($\Delta_{\mathrm{T}}^2 = p_7^\mathrm{T} L_\mathrm{T}$). Ближайшие к первичным границам кандидаты помечаются как новые границы волны Т.

2.3.4. Корректировка волн Т по результатам сегментации всех отведений

Данный этап осуществляется аналогично корректировке комплексов QRS по результатам всех отведений. Формируется матрица соответствия \mathbf{M} для волн \mathbf{T} , список всех найденных волн L и вычисляется средняя длительность волны $\langle \mathbf{T} \rangle$ на всём сигнале ЭКГ. Аналогично параметру p_8^{QRS} вводится параметр p_8^{T} , используемый для корректного формирования списка L. Добавление и удаление комплексов также осуществляется по принципу большинства: если комплекс не был обнаружен менее чем на трети от общего числа отведений, то сегментация восстанавливается на пропущенных отведениях при помощи усреднённых значений границ из L. Если комплекс был

найден лишь на трети (или менее) всех отведений, сегментация удаляется. Также для волны Т предусмотрена корректировка сильно выделяющихся волн, если индекс пика текущего комплекса отклоняется от среднего значения $m_{\rm peak}$ в списке L больше, чем на $p_9^{\rm T} \, \sigma_{\rm peak}$. В этом случае проводится новая сегментация с учётом усреднённых значений границ.

2.4. Сегментация волны Р

Сегментация волны Р выполняется в самую последнюю очередь, т. к. эта волна обладает наименьшей амплитудой и поэтому данная задача является особенно сложной. Сложность сегментации волны Р общепризнана: о ней свидетельствует систематическое ухудшение точности сегментации Р относительно других комплексов сигнала ЭКГ [16, 18]. В данной работе мы предлагаем локализовать область поиска, ограничив её с обеих сторон уже отсегментированными комплексами, что способствует повышению качества сегментации.

Алгоритм сегментации волны P практически не отличается от алгоритма для волны T. Основными отличиями являются границы поиска волны P и численные значения параметров.

Сначала вычисляется длительность RR-интервала, в котором ищется волна P. Для нахождения пика комплекса необходимо найти все нули z^k детализирующих коэффициентов шкалы k=3 (исходная частота дискретизации сигнала 500 Γ ц) в окне

$$W_p = [qrs_{on} - p_1^P RR, qrs_{off} - 10 \text{ mc}].$$
 (10)

Здесь qrs_{on} — индекс окончания следующего QRS-комплекса, $p_1^{\rm P}$ — численный параметр, характеризующий допустимое окно поиска волны P (приведён в табл. 2). Среди всех нулей выбирается нуль z_j^k с максимальной амплитудой a_j (кандидат на пик P), для которого проверяется условие

$$a_j > p_2^{\mathcal{P}} A, \tag{11}$$

где A — усреднённое значение амплитуд нулей, соответствующих двум пикам R (слева и справа от сегментируемой волны T). Если условие (11) не выполняется, то волна P отсутствует. Волна P также может обладать бифазной морфологией. Для установления этого слева и справа от пика проверяются условия, аналогичные условию (9), с соответствующими параметрами $p_3^{\rm P}$ и $p_4^{\rm P}$ из табл. 2.

Поиск начала и конца волны P осуществляется так же, как и для волны T, но с другими значениями численных параметров. Пороговое значение $p_5^{\rm P}$ (аналог $p_5^{\rm T}$ для T), по которому определяется один из кандидатов на начало или конец волны P, приведено в табл. 2.

Корректировка границ волны P и определение её морфологии осуществляется с помощью алгоритма, изложенного в пункте 2.3.3, но с изменёнными для волны P численными значениями параметров $p_6^{\rm P}$ и $p_7^{\rm P}$.

Уточнение и корректировка волны P по результатам сегментации всех отведений аналогична изложенным выше алгоритмам для комплексов QRS и T. Соответствующие численные параметры $p_8^{\rm P}$ и $p_9^{\rm P}$ также приведены в табл. 2.

4. ОЦЕНКА КАЧЕСТВА АЛГОРИТМА

Для оценки качества предлагаемого алгоритма проведён вычислительный эксперимент, направленный на сравнение сегментации, построенной автоматически, с сегментацией, выполненной вручную специалистом. Использовалась находящаяся в открытом доступе база данных QTDB

[1, 25, 26]. Она содержит 105 15-минутных двухканальных записей ЭКГ с частотой дискретизации 250 Гц. Для каждой записи кардиологами аннотировано вручную от 30 до 70 ударов (включая Р-волны, QRS-комплексы и Т-волны).

Сравнение результатов предложенного алгоритма с базой данных QTDB выполняется поиском для каждого найденного комплекса соответствующего ему размеченного врачом-кардиологом комплекса в окрестности 150 мс. Величина данного интервала выбрана в соответствии со стандартом Ассоциации по развитию медицинского инструментария [27], в котором описаны метрики оценки качества алгоритмов сегментации. Этот временной интервал далее будем называть «допустимым временным окном».

Если алгоритм обнаруживает точку корректно, то засчитывается верное решение (true positive, TP), и величина ошибки вычисляется как временной интервал между вручную аннотированной точкой в базе данных и автоматическим обнаружением, выполненным алгоритмом. Алгоритм выполняется отдельно в каждом отведении базы данных QTPB, и для каждой точки выбирается отведение с наименьшей ошибкой. Если для обнаруженной алгоритмом точки не находится соответствующей в базе данных, то засчитывается ошибка первого рода (false positive, FP). Если алгоритм не обнаруживает точку, имеющуюся в базе, засчитывается ошибка второго рода (false negative, FN). Следуя работам [16, 18, 19, 28], определим основные метрики качества алгоритма сегментации:

- 1) средняя ошибка m;
- 2) стандартное отклонение средней ошибки σ ;
- 3) чувствительность Se[%] = TP/(TP+FN);
- 4) положительная прогностическая ценность PPV[%] = TP/(TP+FP).

Здесь через TP, FP, FN обозначено общее количество верных решений, ошибок первого рода и ошибок второго рода соответственно.

В табл. 3 представлены сравнительные результаты для базы данных QTPB, полученные с помощью предложенного алгоритма, а также опубликованные в работах [16, 18, 19, 28]. Следует отметить, что длительность допустимого временного окна в этих работах отличается от используемой здесь, поэтому результат сопоставления не является абсолютно корректным. В работе [18] длительность временного окна составляла 150 мс, в работе [19] — 200 мс, в работе [28] — 320 мс, а в работе [16] эта информация не сообщается. Чем больше величина допустимого временного окна, тем выше значения чувствительности, положительной прогностической ценности и стандартного отклонения. Для приведённого в данной работе алгоритма значение длительности допустимого временного окна выбрано в соответствии со стандартом [27] и составляет 150 мс.

Результаты показывают, что предложенный алгоритм имеет чувствительность для начал и пиков волн P, QRS и T выше, чем 97 %, а стандартное отклонение средней ошибки для каждой размеченной точки ниже допусков Комитета общих стандартов для электрокардиографии (CSE) [29] ($s < 2\sigma_{\rm CSE}$), за исключением начала волны P, для которой это значение на 3 мс выше. Конец волны T имеет набольшую среднюю ошибку среди представленных, однако правильная сегментация этой точки является известной проблемой даже для кардиологов, что обсуждалось в работе [30].

Можно видеть, что величины чувствительности очень похожи на результаты, полученные в других работах, несмотря на то, что они напрямую связаны с выбранным значением длительности допустимого временного окна, которое влияет на принятие решения о соответствии автоматически найденной точки размеченной вручную. В частности, положительная прогностическая ценность PPV, полученная в данной работе, выше, чем у других методов, для волны P и ниже для конца волны T, что демонстрирует трудность сегментации этой точки. Для стандартного отклонения, которое является наиболее важным параметром, иллюстрирующим дисперсию ошибок, результаты согласуются со стандартом СSE и показывают, что предлагаемый алгоритм

конец

пик волны Т

конец

волны Т

комплекса QRS Se=98,42%;

Se=98.24%;

Se=96,16 %;

PPV=94,87%;

PPV=98,24 %;

PPV=98,24 %;

 $m \pm \sigma (4.7 \pm 9.5)$ MC

 $m \pm \sigma (7,2 \pm 13,0)$ мс

 $m \pm \sigma (13,4 \pm 18,5)$ мс

Se=99,50%;

Se=99,41 %;

Se=96,98%;

PPV=95,98%;

PPV=98,96 %;

PPV=99,78%;

 $m \pm \sigma(-5,2 \pm 10,8)$ MC

 $m \pm \sigma (9,0 \pm 15,4)$ мс

 $m \pm \sigma (-12.9 \pm 18.6)$ MC

11,6

30,6

данная работа Bote et al., DiMarco et al., Martinez et al., Rincon et al., $2\sigma CSE$ [19][18][16] [28]MC Se=98,12 %; Se=99,87 %; начало Se=97,46%; Se=98,15 %; Se=98,87 %; 10,2 PPV=97,86%; PPV=91,00%; PPV=94.26%: PPV=91.03%: PPV=91.98%: волны Е $m \pm \sigma(3,5 \pm 13,8)$ MC $m \pm \sigma(23,9 \pm 19,5)$ MC $m \pm \sigma(-4.5 \pm 13.4)$ MC $m \pm \sigma (2,0 \pm 14,8)$ MC $m \pm \sigma (8,6 \pm 11,2)$ MC Se=97.50%; Se=99,15 %; Se=98.15%; Se=98.87%; Se=99.87 %; пик $PPV{=}97{,}89\,\%;$ PPV=95,11%; $PPV{=}91{,}00\,\%;$ PPV=91,03%; $PPV{=}92{,}46\,\%;$ волны Р $m \pm \sigma (4,3 \pm 10,0)$ мс $m \pm \sigma (13,8 \pm 8,8)$ мс $m \pm \sigma(-4.7 \pm 9.7)$ MC $m \pm \sigma (3,6 \pm 13,2)$ мс $m \pm \sigma (10, 1 \pm 8, 9)$ мс Se=97,53%: Se=98,75%: Se=99,87 %; Se=98,15 %; Se=99,91 %; 12,7 конец PPV=97,93 %; PPV=96,03 %; PPV=91,00 %; PPV=91,03%; PPV=91,70 %: волны Р $m \pm \sigma (-1.9 \pm 10.4)$ MC $m \pm \sigma (0,9 \pm 10,1)$ мс $m \pm \sigma(3,4 \pm 12,7)$ мс $m+\sigma(-2.5+13.0)$ MC $m \pm \sigma (1,9 \pm 12,8)$ MC Se=98,42%; Se=99,50%;Se=100,00%;Se=99,97%;Se=99,97%;6,5 начало PPV=99,78%; PPV=98,61%; PPV=98,24%; компле $m\pm\sigma(3,4\pm7,0)$ мс $m \pm \sigma(-5,1 \pm 6,6)$ мс $m \pm \sigma(6,4 \pm 5,5)$ MC $m \pm \sigma (5,1 \pm 7,2)$ мс $m \pm \sigma (4,6 \pm 7,7)$ мс кса QRS

Se=100,00%;

Se=99.72%;

PPV=97,76 %;

Se=99,77%;

PPV=97.76%;

 $m \pm \sigma (0,9 \pm 8,7)$ мс

 $m \pm \sigma (-0.3 \pm 1.8)$ MC

 $m \pm \sigma (1,3 \pm 18,6)$ мс

Se=99,97%;

Se=99.97%;

Se=99,77%;

PPV=97,79%;

PPV=97,79 %;

 $m \pm \sigma (0.8 \pm 8.7) \text{MC}$

 $m \pm \sigma (0,2 \pm 13,9)$ MC

 $m \pm \sigma (-1.6 \pm 18.1)$ MC

Se=99,97 %;

PPV=98.72 %:

PPV=98,91 %:

Se=99,97 %;

PPV=98,50%;

 $m \pm \sigma (3,5 \pm 8,3)$ мс Se=99,97 %;

 $m \pm \sigma(3.7 \pm 13.0)$ MC

 $m \pm \sigma(-2,4 \pm 16,9)$ MC

Таблица 3. Сравнение результатов сегментации алгоритма, представленного в данной работе, с результатами других работ

может определять опорные точки ЭКГ, такие как начало и конец комплекса QRS или пик и конец волны P, с меньшей дисперсией, чем другие методы.

выводы

Предложен новый алгоритм для определения пиков, границ и других значимых точек различных волн сигнала ЭКГ, таких как волна P, комплекс QRS и волна T. Он учитывает информацию со всех доступных отведений и обеспечивает аналогичную или более высокую точность по сравнению с другими современными технологиями. Для проверки эффективности предлагаемого алгоритма была выбрана база данных QTDB, а результаты его применения сопоставлены с аннотациями кардиологов. Установлено, что чувствительность нового алгоритма превышает 97 % при обнаружении пиков волн ЭКГ и равна 96 % при определении начала и конца волн. Кроме того, новый алгоритм обладает более высокой положительной прогностической ценностью по сравнению с другими современными подходами. Более того, ошибки сегментации всех опорных точек остаются в пределах допусков, определяемых Комитетом общих стандартов для электрокардиографии (CSE), за исключением начала волны P, для которой предложенный алгоритм превышает допуск на малую долю длительности комплекса.

Представленный алгоритм имеет несколько основных преимуществ. Во-первых, при его использовании существует возможность формирования полной морфологии каждого комплекса в виде списка точек, характеризуемых названиями, индексами и значениями потенциала. Данная информация может быть использована врачом-диагностом для определения признаков нарушений сердечного ритма и наличия сердечно-сосудистых заболеваний. Кроме того, такой подход позволяет анализировать такие сложные явления, как поздние потенциалы желудочков и предсердий. Во-вторых, введение корректировки с учётом множества отведений позволяет улучшить качество сегментации: увеличить чувствительность за счёт восстановления пропущенных комплексов и уменьшить значения средней ошибки и стандартного отклонения. Улучшение результатов будет наблюдаться с увеличением количества доступных отведений сигнала ЭКГ: на 12 отведениях для подобной корректировки будет больше доступной информации о комплексах,

чем на 2 отведениях. Описанные преимущества позволяют квалифицировать представленный алгоритм сегментации ЭКГ как полезный инструмент для помощи врачам в выявлении признаков сердечно-сосудистых заболеваний и постановке диагнозов.

Работа выполнена при поддержке Министерства образования Российской Федерации (контракт 02.G25.31.0157 от 01.12.2015).

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- 1. https://physionet.org/physiobank/database/qtdb/.
- 2. Grossmann A., Morlet J. // SIAM J. Mathematical Analysis. 1984. V. 15. No. 4. P. 723.
- 3. Meyer Y. Wavelets: algoritms and applications. Philadelfia: Society for Industrial and Applied Mathematics, 1993. 133 p.
- 4. Астафьева Н. М. // Успехи физ. наук. 1996. Т. 166, № 11. С. 1145.
- 5. Дремин И. М., Иванов О. В., Нечитайло В. А. // Успехи физ. наук. 2001. Т. 171, № 5. С. 465.
- 6. Postnikov E.B. // Physical Rev. E. 2009. V. 80. Art. no. 057201.
- 7. Анисимов А. А., Павлова О. Н., Тупицын А. Н., Павлов А. Н. // Изв. вузов. Прикладная нелинейная динамика. 2008. Т. 16, № 11. С. 3.
- 8. Короновский А. А., Макаров В. А., Павлов А. Н. и др. Вейвлеты в нейродинамике и нейрофизиологии. М.: Физматлит, 2013. 271 с.
- 9. Дьяченко И.В., Червяков Н.И. // Инфокоммуникационные технологии. 2005. Т. 3, № 4 С. 6.
- Тептин Г. М., Латфуллин И. А., Мамедова Л. Э., Ким З. Ф. // Изв. вузов. Радиофизика. 2011.
 Т. 54, № 3. С. 234.
- 11. Hooper G.S., Yellowlees P., Marwick T.H., et al. // J. Telemedicine and Telecare. 2001. V. 7. P. 249.
- 12. Fairweather J. A. A., Johnston P., Luo S., Macfarlane P. W. // Computers in Cardiology. 2007. V. 34, No. 5. P. 193.
- 13. Lee S., Kim I.Y., Park Y.C. // Computer Methods and Programs in Biomedicine. 2007. V. 87, No. 3. P. 254.
- 14. Ивлев Д. Н., Орлов И. Я. // Изв. вузов. Радиофизика. 2004. Т. 47, № 7. С. 601.
- 15. Хан М. Г. Быстрый анализ ЭКГ. М.: Бином, 2009. 408 с.
- 16. Martinez J., Almeida R., Olmos S., et al. // IEEE Trans. Biomedical Engineering. 2004. V. 51, No. 4. P. 570.
- 17. Addison P. // Physiological Measurement. 2005. V. 26, No. 3. P. 155.
- 18. Di Marco L. Y., Chiari L. // BioMedical Engineering OnLine. 2011. V. 10. P. 23.
- 19. Bote J. M., Recas J., Rincon F., et al. // IEEE J. Biomedical and Health Informatics. 2017. V. 22, No. 2. P. 429.
- 20. Li C., Zheng C., Tai C. // IEEE Trans. Biomedical Engineering. 1995. V. 42, No. 1. P. 21.
- 21. Mallat S. // IEEE Trans. Acoustics, Speech, and Signal Proc. 1989. V. 37, No. 12. P. 2091.
- 22. Cohen A., Kovacevic J. // Proc. IEEE. 1996. V. 84, No. 4. P. 514.
- 23. Латфуллин И. А., Ким З. Ф., Тептин Г. М. // Вестник аритмологии. 2009. № 53. С. 44.
- 24. Mallat S. G., Zhong S. // IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence. 1992. V. 14, No. 7. P. 710.
- 25. Laguna P., Mark R. G., Goldberger A. L., Moody G. B. // Computers in Cardiology. 1997. V. 24. P. 673.
- 26. Goldberger A. L., Amaral L. A. N., Glass L., et al. // Circulation. 2000. V. 101, No. 23. P. e215.

- 27. Association for the Advancement of Medical Instrumentation // NSI/AAMI EC57:1998/(R)2008 (Revision of AAMI ECAR: 1987), 1999.
- 28. Rincón F., Recas J., Khaled N., Atienza D. // IEEE Trans. Information Technology in Biomedicine. 2011. V. 15, No. 6. P. 854.
- 29. The CSE Working Party // European Heart J. 1985. V. 6, No. 10. P. 815.
- 30. Mehta S., Lingayat N. // Proc. World Congress on Engineering and Computer Science. San Francisco, 22-24 October 2008. P. 22.

Поступила в редакцию 22 мая 2018 г.; принята в печать 26 сентября 2018 г.

FINDING MORPHOLOGY POINTS OF ELECTROCARDIOGRAPHIC SIGNAL WAVES USING WAVELET ANALYSIS

A. I. Kalyakulina, I. I. Yusipov, V. A. Moskalenko, A. V. Nikolskiy, A. A. Kozlov, N. Yu. Zolotykh, and M. V. Ivanchenko

We propose a new algorithm for determining the basic significant points of various electrocardiographic-signal waves taking into account information from all available leads and ensuring a similar or higher accuracy compared with that of other modern technologies. The results of the efficiency checking for the QT data base [1] show a sensitivity above 97% when detecting the ECG-signal peaks and 96% for their onset and offset, as well as positive predictive value exceeding 97% for the peaks of the complexes, which is the best result compared with those of the previously known algorithms. As distinct from the latter, the proposed approach also allows one to determine the wave morphology. For the proposed algorithm, the delineation errors of all significant points are below the tolerances specified by the Committee of General Standards for Electrocardiography.