심박수 변이도와 퍼지 신경망을 이용한 부정맥 추출

Detection of Arrhythmia Using Heart Rate Variability and A Fuzzy Neural Network

장 형 종* 임 준 식**
Hyoung Jong Jang Joon Shik Lim

요 약

본 논문에서는 심전도 신호로부터 부정맥을 진단하는 방법으로 심박수 변이도와 퍼지 신경망을 이용하는 방안을 제시하고 있다. 제안한 부정맥 진단 알고리즘은 32개 RR 간격의 심박수 변이도, 즉 평균 25초 내외의 심박수 변화를 이용하여 부정맥을 진단하는 알고리즘이다. 부정맥 진단 알고리즘은 32개 RR 간격을 이용하여, 통계적 특징 6개를 추출한 후, 가중 퍼지소속함수 기반 신경망으로 학습하여 정상 구간과 부정맥 구간을 분류한다. 부정맥 진단 알고리즘은 Tsipouras 논문군(48개 레코드)에서 SE와 SP 각각 80% 이하의 성능을 보이는 기존연구와는 달리, SE는 88.75%, SP는 82.28%, 전체 분류율은 86.31%의 신뢰성 있는 결과를 나타낸다.

ABSTRACT

This paper presents an approach to detect arrhythmia using heart rate variability and a fuzzy neural network. The proposed algorithm diagnoses arrhythmia using 32 RR-intervals that are 25 seconds on average. We extract six statistical values from the 32 RR-intervals, which are used to input data of the fuzzy neural network. This paper uses the neural network with weighted fuzzy membership functions(NEWFM) to diagnose arrhythmia. The NEWFM used in this algorithm classifies normal and arrhythmia. The performances by Tsipouras using the 48 records of the MIT-BIH arrhythmia database was below 80% of SE(sensitivity) and SP(specificity) in both. The detection algorithm of arrhythmia shows 88.75% of SE, 82.28% of SP, and 86.31% of accuracy.

☞ KeyWords : Heart Rate Variability, Fuzzy Neural Network, Arrhythmia, 심박수 변이도, 퍼지 신경망, 부정맥

1. 서 론

최근 생활양식의 서구화와 고령인구의 증가로 인해 심혈관계 질환이 급증하는 추세이다. 통계청에 자료에 따르면, 최근 사망원인 조사에서 순환기계 질환이 전체 사망률 중 약 25%로 가장 많은 원인을 차지하고 있는 것으로 나타났다. 심장 질환이 증가함에 따라 심장의 전기적 활동을 나타내는 심전도 자동 진단에 대한 연구와 진단의 정확성을 높이기 위한 알고리즘 개발이 활발히 이루어지고 있다. 심전도 신호에서 심장 질환을 자동 진단하기 위해 신경망 및 퍼지 이론을 결합한 퍼지 신경망(fuzzy neural network, FNN)이 제안되어 왔다[1][2]. 심전도 신호의 특징을 추출하기 위해서 푸리에 변환(Fourier transform, FT) 및 웨이블릿 변환(wavelet transform, WT)이 사용되고 있으며, 퍼지 신경망과 함께 심장 질환 분류에 사용되고 있다[3][4].

심박수 변이도는 1996년 유럽심장학회를 통해 심박수 변이도의 측정방법, 생리적 해석 그리고 임상적 사용의 표준이 제정된 이후 많은 연구가 진행 되었다. 심박수 변이도는 심혈관 관련 사망에 대한 예측인자로 사용되고 있고, 최근에는 심박수 변이도를 이용한 부정맥 진단 연구가 진행되고 있다[5][6][7][8].

본 논문에서는 부정맥을 진단하는 방법으로,

* 정 회 원 : 경원대학교 전자계산학 박사
jhjlab@gmail.com
** 종신회원 : 경원대학교 컴퓨터소프트웨어전공, 교신저자
jslim@kyungwon.ac.kr
[2009/01/28 투고 - 2009/02/06 심사 - 2009/03/17 심사완료]

심박수 변이도를 이용한 분석 알고리즘을 제안한다. 성능 검증을 위한 벤치마킹 데이터로 MIT-BIH 부정맥 데이터베이스[9]를 사용하며, 정상 신호와 부정맥 신호를 분류하기 위한 분류 기법은 가중 퍼지소속함수 기반 신경망[10]을 사용한다. 가중 퍼지소속함수 기반 신경망은 위스콘신 유방암, 붓꽃(iris), 포도주 등에 대한 벤치마킹 분류실험을 통해 성능이 입증되었다[11][12].

본 논문에서 제안하는 부정맥 진단 알고리즘은 32개 RR 간격의 심박수 변이도, 즉 평균 25초 내외의 심박수 변화를 이용하여 부정맥을 진단하는 알고리즘이다. 부정맥 진단 알고리즘은 32개 RR 간격을 분석하여, 통계적 특징 6개를 추출한 후, 추출된 특징을 특징 벡터로 입력받는 가중 퍼지소속함수 기반 신경망을 이용한 학습 및 분류 과정을 통해, 정상 구간과 부정맥 구간을 분류하는 방법이다. 본 논문에서는 비교 실험군으로 Tsipouras[8] 논문군(48개 레코드)을 사용한다. Tsipouras는 부정맥 구간을 추출하기 위해, 32개의 RR 간격을 하나의 세그먼트 단위로 각각의 특징을 조합하여, 역전파 신경망을 이용하여 훈련 및 분류를 실행하였고, 실험 결과 SE, SP 각각 80% 이하의 성능을 나타내고 있다. 본 논문에서는 특징 추출 과정에서 기존의 특징 벡터에 대한 고찰을 실행하여, 불필요한 특징 벡터를 삭제하고, 새로운 특징 벡터를 추가적으로 사용한다. 본 논문의 부정맥 진단 알고리즘은 Tsipouras의 실험 결과와 비교평가를 실시한다.

본 논문의 구성은 다음과 같다. 2장에서는 본 연구와 관련된 지식에 대해 살펴본다. 심전도와 부정맥에 대한 의학적 개요와 특징을 살펴보고, 심박수 변이도에 대한 다양한 특징을 살펴본다. 또한 본 논문에서 사용할 가중 퍼지소속함수 기반 신경망에 대해 알아본다. 3장에서는 부정맥 진단 알고리즘에 대해 알아보고, 4장에서는 실험 결과와 타 논문과의 비교 평가를 실시한다. 마지막으로 5장에서는 본 논문의 결론을 맺는다.

2. 관련 연구

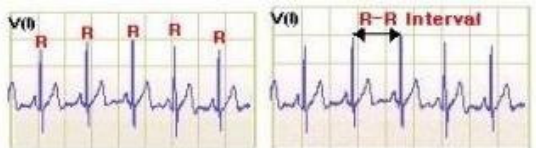
2.1 부정맥

심전도(electrocardiograph, ECG)는 심장을 구성하는 세포들이 시간에 따라 흥분하였다가 회복될 때 생기는 전위의 변화를 체표면에서 기록하는 것이다. 따라서, 심전도는 기록 부위로부터 심장까지의 거리와 전위의 벡터, 정상부위와 흥분된 부위의 전압차, 그리고 각 심장세포의 활동전위의 모양과 여러 활동전위의 동기화 여부에 의해서 영향을 받는다.

부정맥(arrhythmia)은 여러 가지 원인에 의하여 심장 내 전기적 신호의 형성이나 전달 과정에 이상이 생겨 발생한다. 만일 이러한 이상에 의해 심박동수가 심하게 느려지면 서맥성 부정맥, 비정상적으로 빨라지면 빈맥성 부정맥이라 한다. 서맥성 부정맥은 생리적 요구에 맞지 않게 비정상적으로 심장이 느리게 뛰어 심한 피로감, 활동시 호흡곤란, 어지러움, 실신 등의 증상이 있을 수 있다. 빈맥성 부정맥은 예정된 시기보다 조기에 심장이 박동하는 경우로 단발성으로 일어날 경우 가슴의 두근거림으로 느껴진다. 그러나 때로 연속적으로 계속될 때는 실신, 급사 등의 증상이 있을 수 있다.

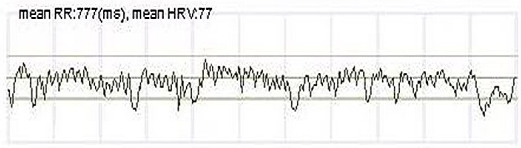
2.2 심박수 변이도

심전도 신호의 P-QRS-T 한 주기 중에서 보통 양방향의 가장 높은 피크가 R파에 해당하며, 이러한 R파는 매 심박동마다 반복적으로 나타난다. 그림 1과 같이 R파 간의, 즉 심박 간격 간의 변화를 심박수 변이도라 부르며, RR Interval Variability 또는 Heart Rate Variability(HRV) 라 한다.



(그림 1) RR 간격

심전도 신호에서 R파는 매우 규칙적으로 발생하는 것처럼 보이지만, 실제 정량적인 수치로 간격을 조사해보면, 매 박동시마다 조금씩 달라진다. 5분 동안 측정한 심전도 신호에서 RR 간격의 변화를 그래프 형태로 표시해보면 그림 2와 같이 일정 범위 내에서 조금 높아졌다 낮아졌다하는 무작위적인 진동형태로 보인다.



(그림 2) 5분 동안의 RR 간격 변화 그래프

심박수 변이도는 1996년 유럽심장학회의 북미 심조율 전기생리학회의 Task Force를 통해 심박수 변이도의 측정방법, 생리적 해석 그리고 임상적 사용의 표준이 제정된 이후 많은 연구가 진행 되었다. Forslund는 낮은 심박수 변이도가 심혈관 사망을 예측함을 주장하였고, Bigger은 심박수 변이도의 Power Spectral Measure가 모든 사망과 심장질환으로 인한 급성 사망에 대한 우수한 예측인자임을 주장하였다[5][6]. 최근 ATRAMI에서는 심박수 변이도의 표준편차와 Baroreflex Sensitivity의 이상이 서로 독립적으로 2배의 사망 위험률 증가와 연관되었음이 밝혀졌다[7].

심박수 변이도에서 사용하는 수치는 시간 영역과 주파수 영역으로 구분할 수 있다. 시간 영역 분석으로는 평균 심박수(Mean RR), 전체 RR 간격의 표준편차(standard deviation of all normal-to-normal RR intervals, SDNN), 인접한 RR 간격의 제곱한 값의 평균 제곱근(root mean square of successive differences of RR intervals, RMSSD), RR 간격 차이의 표준편차(standard deviation of successive differences of RR intervals, SDSD), 50ms 안의 점의 비율(pNN50)을 이용한다. 여기서 50ms 안의 점의 비율은 RR 간격 차이가 50ms 보다 큰 경우가 전체 구간에서 차지하는 비율을 의미한다.

주파수 영역 분석은 RR 간격의 변화를 파형 분석하여 각 주파수 영역의 신호가 상대적으로 어떤 강도로 있는지 보는 방법으로 Total Power(5분 동안의 전체 power), VLF(very low frequency, 0-0.04Hz에 해당하는 주파수 대역의 강도), LF(low frequency, 0.04-0.15Hz에 해당하는 주파수 대역의 강도), HF(high frequency, 0.15-0.4Hz에 해당하는 주파수 대역의 강도)를 사용한다. LF은 심장의 동방결절에 대해서 대부분 교감신경의 조절에 작용하며, HF는 심장의 동방결절에 대한 미주신경 조절의 지표로 부교감신경의 조절에 작용한다. 심박수 변이도와 관련된 주요 특징을 정리하면 표 1과 같다.

(표 1) 심박수 변이도 관련 주요 특징

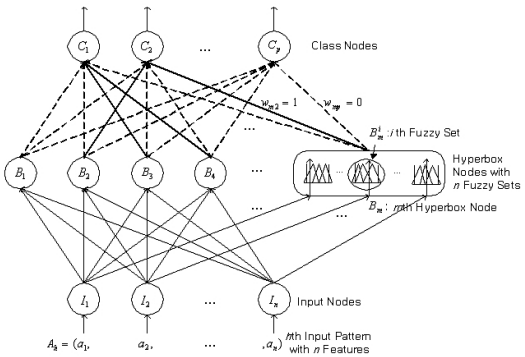
항 목	내 용
RRV Tachogram (시간에 따른 심박 변이율)	Mean RR (평균 심박동률) SDNN (RRV 표준편차) Complexity (RR의 복잡도)
Power (RRV 주파수 분석)	LF (Low Frequency) HF (High Frequency)
Probability (RRV 확률 분포)	HRV-Index (높이에 대한 폭의 비율)
Phase Plot (RRV 위상 분포)	RMSSD (RR 간격 차이의 RMS 평균) SDSD (RR 간격 차이의 표준편차) pNN50 (50ms 안의 점의 비율)

2.3 가중 퍼지소속함수 기반 신경망

본 논문에서는 심전도 신호에서 정상 신호와 부정맥 신호를 분류하기 위한 방법으로 가중 퍼지소속함수 기반 신경망(neural network with weighted fuzzy membership functions, NEWFM)을 사용하였다[10]. NEWFM은 입력으로부터 학습된 가중 퍼지소속함수의 경계합을 이용하여 클래스 분류를 하는 지도 퍼지 신경망이다.

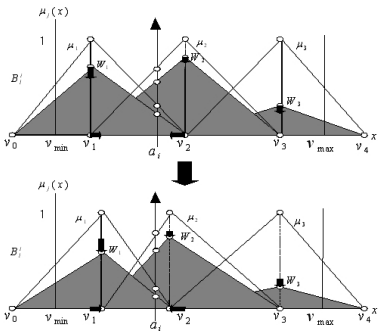
NEWFM의 구조는 그림 3에서 보는 바와 같이 입력, 하이퍼박스, 클래스의 3개 계층으로 구성되어 있다. 입력 계층에는 n개의 입력 노드들로 구성되며 각 입력 노드는 하나의 특징을 입력받게

된다. 하이퍼박스 계층은 m개의 하이퍼박스 노드로 구성되고, l번째 하이퍼박스 노드 B_l은 단 하나의 클래스 노드에 연결되며 n개의 퍼지집합을 갖는다. B_l의 i번째 퍼지집합은 B_l^i 로 표시되는데 대, 중, 소로 구성된 3개의 가중 퍼지소속함수를 갖는다. 출력 계층은 p개의 클래스 노드들로 구성되며 각 클래스 노드는 하나 이상의 하이퍼박스 노드에 연결되어 있다. 입력노드로 입력되는 h번째 입력 패턴은 $I_h = \{A_h = (a_1, a_2, \cdots, a_n), class\}$로 기록되며 여기서 $class$는 분류값이고 A_h는 n개 특징입력으로 구성된다.



(그림 3) 가중 퍼지소속함수 기반 신경망의 구조

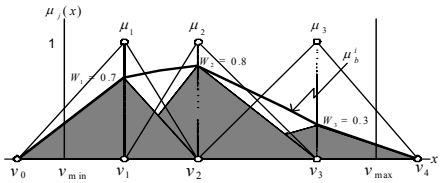
그림 4의 v_1, v_2, v_3는 B_l^i 로 표기되는 대, 중, 소 퍼지소속함수의 중심위치이고 학습 시 좌우로 조정된다. v_0와 v_4는 일정한 값으로 고정되어 있다. 입력 a_i는 $v_{\min} \sim v_{\max}$범위 안에 있다. $\mu_j(.)$는 B_l^i 의 가중 퍼지소속함수를 나타내며 j는 대, 중, 소 가중 퍼지소속함수의 인덱스를 각각 나타낸다. 각 가중 퍼지소속함수 $\mu_j(.)$의 모양은 $(v_{j-1}, 0)$, $(v_{j+1}, 0)$, (v_j, W_j)의 세 점으로 표현되는 삼각형이다. 여기서 W_j는 소속함수의 강도를 나타내는 소속함수 가중치($0 \leqq W_j \leqq 1$, 초기값: $0.45 \leqq W_j \leqq 0.55$)를 의미한다. $Adjust(B_l)$은 B_l의 학습 시 입력 A_h에 의해 B_l 내의 B_l^i 들($1 \leqq i \leqq n$)을 조정하는 함수이다. 입력 a_i를 받는 B_l^i 의 v_j와 W_j는 a_i값에 의하여 그림 4와 같이 a_i 값에 수렴하는 방향으로 조정 된다.



(그림 4) $Adjust(B_l)$ 연산 전후의 예

학습을 거친 하이퍼박스 노드 B_l은 입력패턴을 분류하기 위한 *if-then* 형식의 퍼지규칙으로 사용될 수 있다. B_l^i 는 3개의 가중 퍼지소속함수($\mu_j(.)$, where j=1,2,3, weighted fuzzy membership functions, WFM, 그림 5의 회색 부분)로 구성된다. 그림 5의 굵은 선으로 표시된 $\mu_b^i(.)$은 WFM의 경계합(bounded sum of WFM, BSWFM)으로써 식 1과 같고 3개의 WFM의 퍼지 특성을 통합하게 된다. 학습된 BSWFM $\mu_b^i(.)$은 i번째 입력에 대한 퍼지규칙으로 이용된다.

$$\mu_b^i(x) = \sum_{j=1}^{3} B_l^i(\mu_j(x)) \qquad (1)$$



(그림 5) 3개 가중 퍼지소속함수의 경계합 예

3. 부정맥 진단 알고리즘

알고리즘 성능 평가를 위한 벤치마킹 데이터는 MIT-BIH 부정맥 데이터베이스를 사용한다. MIT-BIH 부정맥 데이터베이스는 1975년과 1979년 사이에 Beth Israel 병원의 부정맥 연구실에 의해 수집된 4,000개가 넘는 24시간 홀터 테이프에서 선택한 기록들이며, 60% 가량이 입원 환자로

부터 수집되었다. 이 중 임의로 선택된 23명의 환자 기록들과 의학적으로 중요하거나 특이한 증상들을 가진 25명의 환자 기록들을 포함하여 총 48명의 환자들로 데이터베이스를 구성하였으며, 각각의 환자 데이터들은 30분이 조금 넘는 시간 동안의 심전도 데이터로 구성되었다. 각 레코드는 2채널로 기록되었고, 샘플링 레이트는 360Hz이다. MIT-BIH 부정맥 데이터베이스는 벤치마킹 데이터로 가장 많이 인용되고 있는 데이터베이스이다.

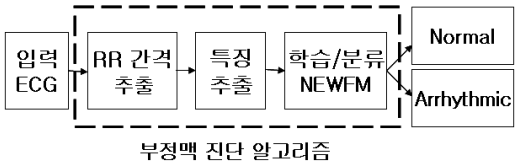
본 논문에서는 성능 평가를 위해 분류 알고리즘의 성능 평가 기준으로 사용하는 SE(sensitivity, 민감성), SP(specificity, 특이성), Accuracy(전체 분류율)를 사용한다. SE와 SP는 각각 식 2 및 식 3과 같고, Accuracy는 식 4와 같다. 여기서, TP(true positive)는 정상 신호가 정상 신호로 분류되는 것을, TN(true negative)은 부정맥 신호가 부정맥 신호로 분류되는 것을 의미한다. 또한 FP(false positive)는 부정맥 신호가 정상 신호로 분류되는 것을, FN(false negative)은 정상 신호가 부정맥 신호로 분류되는 것을 의미한다.

$$SE(sensitivity) = \frac{TN}{TN + FP} \quad (2)$$

$$SP(specificity) = \frac{TP}{TP + FN} \quad (3)$$

$$Accuracy = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} \quad (4)$$

심장 박동은 정상일 경우 60~80bpm(beats per minute)을 나타내기 때문에 정상일 경우 0.75~1초 간격으로 R파가 추출된다. 본 논문에서는 심박수 변이도를 적용하는 방법으로 32개의 RR 간격을 하나의 세그먼트(segment)로 하는 세그먼트 단위 분석을 사용한다. 이 분석 방법은 정상 심박일 경우에 24~32초 마다 하나의 세그먼트를 완성한다. 부정맥 진단 알고리즘은 심전도 신호에서 RR 간격을 추출하고, 32개의 RR 간격이 추출되어 한 세그먼트가 완성되면, 특징을 추출한다. 추출된 특징 벡터는 가중 퍼지소속함수 기반 신경망을 이용하여, 정상 구간과 부정맥 구간으로 분류된다. 부정맥 진단 알고리즘의 개요는 그림 6에 나타나 있다. 입력된 360Hz의 심전도 데이터에서 RR 간격을 추출하고, RR 간격를 이용하여 통계적 특징을 추출한다. 추출된 특징 벡터는 가중 퍼지소속함수 기반 신경망을 이용하여 Normal 구간과 Arrhythmic 구간으로 분류한다.



(그림 6) 부정맥 진단 알고리즘 개요

심박수 변이도는 32개의 RR 간격을 한 세그먼트 단위로 이용한다. 각 세그먼트 별로 Normal이 30개 보다 많으면 해당 세그먼트는 Normal로 판별하고, 30개 이하일 경우 Arrhythmic으로 판별한다. MIT-BIH 부정맥 데이터베이스에서 비트 주석(annotation)은 다양한 분류를 하고 있다. 이를 구분하면 표 2와 같다[8].

(표 2) MIT-BIH 부정맥 데이터베이스의 비트 주석

기호	의 미	구분
N	Normal beat	Normal
L	Left bundle branch block beat	Normal
R	Right bundle branch block beat	Normal
A	Atrial premature contraction	Arrhythmic
a	Aberrated atrial premature beat	Arrhythmic
J	Nodal (junctional) premature beat	Arrhythmic
S	Premature or ectopic supraventricular beat	Arrhythmic
V	Premature ventricular contraction	Arrhythmic
F	Fusion of ventricular and normal beat	Arrhythmic
[	Start of ventricular flutter/fibrillation	Arrhythmic
!	Ventricular flutter wave	Arrhythmic
]	End of ventricular flutter/fibrillation	Arrhythmic
e	Atrial escape beat	Arrhythmic
j	Nodal (junctional) escape beat	Arrhythmic

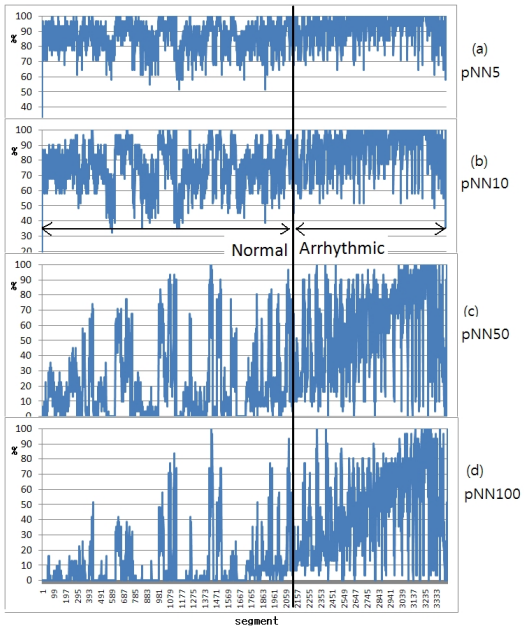
기호	의 미	구분
n	Supraventricular escape beat	Arrhythmic
E	Ventricular escape beat	Arrhythmic
P	Paced beat	Normal
f	Fusion of paced and normal beat	Normal
p	Non-conducted P-wave (blocked APB)	Normal
Q	Unclassifiable beat	Normal
|	Isolated QRS-like artifact	Normal

2.2절에서 소개한 특징 중에서 본 논문에서 사용하는 특징은 표 3과 같다.

(표 3) 심박수 변이도 특징 추출

항목	내용
SDNN	RR 간격의 표준편차
RMSSD	RR 간격 차이의 RMS(root mean square) 평균
SDSD	RR 간격 차이의 표준편차
pNN50	50ms 안의 점의 비율 (RR 간격 차이가 50ms 보다 큰 경우가 전체 구간에서 차지하는 비율)
pNN10	10ms 안의 점의 비율
pNN100	100ms 안의 점의 비율

기존 논문에서는 pNN5를 사용하였으나 본 논문에서는 pNN5 대신에 pNN100을 사용하였다. 그림 7에서는 pNN5, pNN10, pNN50, pNN100에 대한 분석 자료가 있다. 중앙선을 기준으로 왼쪽은 Normal 데이터, 오른쪽은 Arrhythmic 데이터이다. pNN5의 경우 Normal과 Arrhythmic이 거의 유사하게 나타나기 때문에, 특징으로 적합하지 않다고 판단하였으며, pNN5를 사용하여 퍼지 신경망에 훈련 수행 결과도 성능이 좋지 않았다. 반면 pNN100의 경우 Normal과 Arrhythmic의 차이를 확인할 수 있다. 이에 본 논문에서는 기존의 논문에서 사용한 pNN5를 제외하고, pNN100을 새로 추가한 특징 벡터 6개를 가중 퍼지소속함수 기반 신경망의 입력 벡터로 사용하였다.



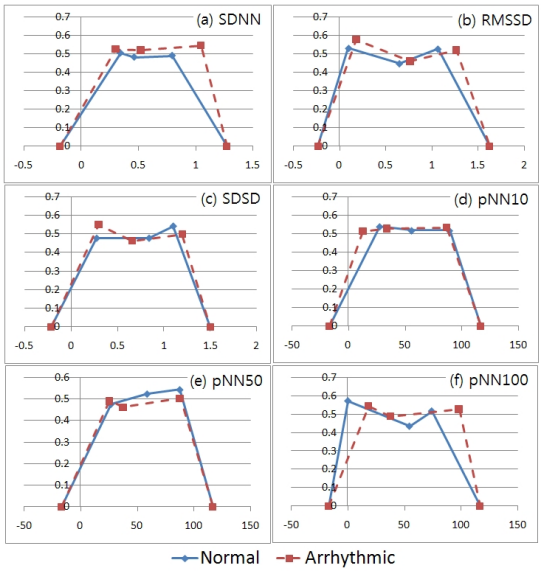
(그림 7) pNN5, pNN10, pNN50, pNN100의 특징

부정맥 진단 알고리즘을 세부적으로 표시하면 그림 8과 같다. 그림 6의 알고리즘 개요와 연관지어 설명하면 'ECG' 신호가 입력되는 부분은 Step 1과 같고, 'RR 간격 출력'은 Step 2 및 Step 3과 같다. Step 2의 QRS 추출 알고리즘은 Pan과 Tomkins의 알고리즘을 기반으로 경사면의 정보를 사용하여 개선된 알고리즘이다[13]. Step 3에서는 인접한 R파의 간격을 계산한다. '특징 추출'은 Step 4와 같다. 32개의 RR 간격이 모여 하나의 세그먼트를 완성하면 특징을 추출한다. Step 4.1에서는 RR 간격의 표준편차(SDNN)를, Step 4.2는 RR 간격 차이의 RMS 평균(RMSSD)을, Step 4.3은 RR 간격 차이의 표준편차(SDSD)를, Step 4.4는 10ms 안의 점의 비율(pNN10)을, Step 4.5는 50ms 안의 점의 비율(pNN50)을, Step 4.6는 100ms 안의 점의 비율(pNN100)을 각각 계산한다. 'NEWFM'은 Step 5와 같다. 미리 학습된 가중 퍼지소속함수와 Step 4에서 구한 6가지 특징 벡터를 이용하여 Normal 구간과 Arrhythmic 구간으로 분류한다. 이러한 과정을 반복 수행하는 부분은 Step 6이다.

```
Step 1 : Read Data Xi          // Data Input
Step 2 : Detect QRSj
  if(DetectQRS(Xi))
    Case Detect QRS : QRSj = time(Xi);
        Go to Step 3;
    Case Not Detect QRS :
        Repeat Step 1;
Step 3 : Calculate RRj interval
  RRj = QRSj+1 - QRSj;
Step 4 : Make a segment
         (32 RR interval)
  if (0 == (j+1) % 32)
    SegRRk = {RRj-31, RRj-30, ···,  RRj};
          // k = (j+1) %32
  Step 4.1 : Calculate SDNN
  Step 4.2 : Calculate RMSSD
  Step 4.3 : Calculate SDSD
  Step 4.4 : Calculate pNN10
  Step 4.5 : Calculate pNN50
  Step 4.6 : Calculate pNN100
Step 5 : Test NEWFM
    // using BSWFM (see fig 9)
    Input : SDNN, RMSSD, SDSD,
            pNN10, pNN50, pNN100
    // classifier
    Output : 'Normal' or 'Arrhythmic'
Step 6 : Repeat Step 1
```

(그림 8) 부정맥 진단 알고리즘

그림 9는 부정맥 진단 알고리즘에서 사용된 6개의 특징 벡터에 대한 퍼지소속함수를 보여주고 있다. 이 퍼지소속함수는 2.3절의 그림 5에서 언급한 가중 퍼지소속함수의 경계합(BSWFM)을 의미한다. 이를 통해 6개 계수에 대한 특징에서 Normal 구간과 Arrhythmic 구간의 차이점을 가시적으로 볼 수 있다. 6개의 가중 퍼지소속함수의 경계합은 그림 8 부정맥 진단 알고리즘의 Step 5에서 입력되는 6개의 특징 벡터에 적용되어 결과를 출력한다.



(그림 9) 6개 계수에 대한 가중 퍼지소속함수의 경계합

4. 실험 및 결과 분석

Tsipouras[8]는 32개의 RR 간격을 이용하여 부정맥을 추출하였다. 각각의 특징은 SDNN을 1, RMSSD를 2, SDSD를 3, pNN5를 4, pNN10을 5, pNN50을 6으로 하여 63가지 조합을 생성하였다. 63가지의 조합을 각각 역전파 신경망을 이용하여 훈련한 실험 결과는 표 4와 같다. 126 조합(SDNN, RMSSD, pNN50)은 SE는 77%, SP는 80%이고, 1236 조합(SDNN, RMSSD, SDSD, pNN50)의 경우 SE는 80%, SP는 77%로, 모두 80% 미만의 Accuracy를 보이고 있다.

(표 4) Tsipouras의 특징 조합 및 성능

조합	SE (%)	SP (%)	조합	SE (%)	SP (%)	조합	SE (%)	SP (%)
1	74	62	235	69	81	1246	77	77
2	60	86	1235	79	76	346	76	76
12	77	76	45	81	40	1346	79	77
3	60	86	145	69	67	2346	73	75
13	76	74	245	70	72	12346	75	78
23	69	77	1245	75	74	56	79	49

조합	SE (%)	SP (%)	조합	SE (%)	SP (%)	조합	SE (%)	SP (%)
123	77	75	345	66	77	156	73	67
4	74	44	1345	76	75	256	72	78
14	72	65	2345	71	78	1256	75	79
24	69	76	12345	78	71	356	76	73
124	74	75	6	85	47	1356	77	77
34	62	84	16	74	66	2356	73	76
134	77	75	26	74	76	12356	78	78
234	68	79	126	77	80	456	76	53
1234	76	71	36	73	77	1456	73	70
5	83	40	136	79	75	2456	74	75
15	69	69	236	72	76	12456	80	72
25	71	73	1236	80	77	3456	77	72
125	73	76	46	81	49	13456	73	77
35	68	79	146	74	65	23456	75	74
135	75	77	246	75	75	123456	78	72

그림 7에서 언급한 바와 같이, 본 논문에서는 Tsipouras 논문과는 달리 pNN5를 제외하고 pNN100을 특징 벡터로 사용하였다. SDNN, RMSSD, SDSD, pNN10, pNN50, pNN100 6가지 특징 벡터를 가중 퍼지소속함수 기반 신경망을 이용한 성능 평가는 표 5와 같다. SE는 88.75%, SP는 82.28%, Accuracy는 86.31%로 신뢰성 있는 결과를 나타내었다.

(표 5) 부정맥 진단 알고리즘 성능 평가

조합	TP	FP	TN	FN	SE (%)	SP (%)	Accuracy (%)
123456	1893	240	1063	229	88.75	82.28	86.31

본 논문에서 제안한 부정맥 진단 알고리즘과 Tsipouras의 결과를 비교하면 표 6과 같다. Tsipouras의 결과가 SE, SP 각각 80% 이하의 성능을 보이는데 반해 본 논문의 부정맥 진단 알고리즘은 SE, SP, Accuracy에서 모두 높은 성능을 나타내었다.

(표 6) Tsipouras와의 분류 성능 비교

SE(%)		SP(%)		Accuracy(%)	
Tsipouras	NEWFM	Tsipouras	NEWFM	Tsipouras	NEWFM
80	88.75	77	82.28	78.5	86.31
77		80			

5. 결 론

본 논문은 심박수 변이도와 가중 퍼지소속함수 기반 신경망을 이용하여 부정맥 자동 탐지 방안을 제안하고 있다. 제안한 진단 알고리즘은 32개 RR 간격의 심박수 변이도, 즉 평균 25초 내외의 심박수 변화를 이용하여 부정맥을 진단하는 알고리즘이다. 제안한 부정맥 진단 알고리즘은 32개 RR 간격을 이용하여, 표준편차 등의 통계적 특징 6개를 추출한 후, 가중 퍼지소속함수 기반 신경망으로 학습하여 정상 구간과 부정맥 구간을 분류하는 방법을 제안하였다. 제안한 진단 알고리즘은 Tsipouras 논문군(48개 레코드)에서 SE와 SP 각각 80%이하의 성능을 보이는 비교 논문과는 달리, SE는 88.75%, SP는 82.28%, Accuracy는 86.31%의 신뢰성 있는 결과를 나타내었다.

참 고 문 헌

[1] T. H. Linh, S. Osowski, and M. Stodolski, 'On-Line Heart Beat Recognition Using Hermite Polynomials and Neuro-Fuzzy Network', IEEE Trans. on Instrumentation and Measurement, Vol. 52, No. 4, pp. 1224-1231, 2003.

[2] R. Silipo and C. Marchesi, 'Artificial Neural Networks for Automatic ECG Analysis', IEEE Trans. on Signal Processing, Vol. 46, No. 5, pp. 1417-1425, 1998.

[3] K. Minami, H. Nakajima, and T. Toyoshima, 'Real-Time Discrimination of Ventricular Tachyarrhythmia with Fourier-Transform Neural Network', IEEE Trans. on Biomedical

Engineering, Vol. 46, No. 2, pp. 176-185, 1999.

[4] L.-Y. Shyu, Y.-H. Wu, and W. Hu, 'Using wavelet transform and fuzzy neural network for VPC detection from the holter ECG', IEEE Transactions on Biomedical Engineering, Vol. 51, Issue 7, pp. 1269-1273, 2004.

[5] Forslund L, Bjorkander I, Ericson M, Held C, Kahan T, Rehnqvist N, Hjemdahl P., 'Prognostic implications of autonomic function assessed by analyses of catecholamines and heart rate variability in stable angina pectoris'. Heart (British Cardiac Society) 87, pp. 415-22, 2002.

[6] Bigger JT, Fleiss JL, Rolintzky LM., 'Frequency domain measures of heart period variability to assess risk late after myocardial' Am J Cardiol 27, pp. 729-36, 1993.

[7] La Rovere MT, Bigger JT, Marcus FI., 'Baroreflex sensitivity and heart rate variability in prediction of total cardiac mortality after myocardial infarction' Lancet 14, pp. 478-84, 1998.

[8] Markos G. Tsipouras, Dimitrios I. Fotiadis, 'Automatic arrhythmia detection based on time and time-frequency analysis of heart rate variability', Computer Methods and Programs in Biomedicine 74. pp. 95-108, 2004.

[9] R. Mark and G. Moody, "MIT-BIH arrhythmia database directory', Mass. Inst. of Tech. (MIT), 1988.

[10] J. S. Lim, D. Wang, Y.-S. Kim, and S. Gupta, "A neuro-fuzzy approach for diagnosis of antibody deficiency syndrome," Neurocomputing 69, Issues 7-9, pp. 969-974, 2006.

[11] 임준식, 가중 퍼지 소속함수 기반 신경망을 이용한 Wisconsin Breast Cancer 예측 퍼지규칙의 추출, 한국정보처리학회, 제11-B권, 제6호, pp. 717-722, 2004.

[12] J. S. Lim and S. Gupta, 'Feature Selection Using Weighted Neuro-Fuzzy Membership Functions', The 2004 International Conference on Artificial Intelligence(IC-AI'04), Vol. 1, pp. 261-266, 2004.

[13] Pan J and Tompkins WJ, 'A Real-Time QRS Detection Algorithm', IEEE Transactions on Biomedical Engineering Vol. 32, No. 3, pp. 230-236, 1985.

◐ 저 자 소 개 ◑

장 형 종(Hyoung Jong Jang)
1997년 경원대학교 수학과(학사)
2000년 경원대학교 대학원 전자계산학과(석사)
2009년 경원대학교 대학원 전자계산학과(박사)
관심분야 : 인공지능, 퍼지, 신경망
E-mail : jhjlab@gmail.com

임 준 식(Joon Shik Lim)
1986년 인하대학교 전자계산학과(학사)
1989년 University of Alabama at Birmingham, Dept. of Computer Science(M.S.)
1994년 Louisiana State University, Dept. of Computer Science (Ph.D.)
1995～현재 경원대학교 컴퓨터소프트웨어전공 교수
관심분야 : neuro-fuzzy systems, biomedical systems
E-mail : jslim@kyungwon.ac.kr