

UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI PADOVA



DIPARTIMENTO DI INGEGNERIA DELL'INFORMAZIONE

CORSO DI LAUREA IN INGEGNERIA BIOMEDICA

**“ESTRAZIONE AUTOMATICA DI FEATURES
ELETTROCARDIOGRAFICHE BASATA SU UN
MODELLO GAUSSIANO DELLE TRACCE”**

Relatore:

Prof. CLAUDIO NARDUZZI

Laureando:

GIACOMO PACCAGNAN

ANNO ACCADEMICO 2019 – 2020

Data di laurea: 16/11/2020

INDICE

INTRODUZIONE	5
1 - IL SEGNALE ECG.....	7
1.1 L'elettrocardiogramma riflette l'attività elettrica.....	7
1.2 Onde dell'ECG.....	9
1.3 Il ciclo cardiaco	10
1.4 Patologie ed ECG.....	10
1.5 Configurazione standard degli elettrodi	12
2 - PHYSIONET	15
2.1 Physiobank	15
2.2 PhysioToolkit.....	16
2.3 Visualizzazione ed esportazione dei record.....	17
2.3.1 LightWAVE.....	17
2.3.2 PhysioBankATM.....	18
3 - MIT-BIH ARRHYTHMIA DATABASE.....	23
3.1 Caratteristiche delle tracce	23
3.2 Annotazioni mediche	24
3.3 File contenuti nel database.....	25

4 - ALGORITMO PER ESTRARRE FEATURES DALL'ECG	27
4.1 Decomposizione dei segnali.....	27
4.2 Il modello gaussiano per le tracce ECG	28
4.3 Features estratte.....	31
4.4 Sezioni principali dell'algoritmo.....	31
5 - ASSOCIAZIONI: FEATURES E ANNOTAZIONI MEDICHE	33
5.1 Obiettivo.....	33
5.2 Implementazione su software MATLAB.....	34
5.2.1 CERCA TRACCE.....	34
5.2.2 ESTRAZIONE DEI PARAMETRI	36
5.2.3 ASSOCIAZIONI TRA ANNOTAZIONI E PARAMETRI.....	40
5.2.4 CREAZIONE DI GRUPPI OMOGENEI	43
5.3 Esecuzione dello script sul MIT-BIH Arrhythmia Database.....	46
5.3.1 suitableRecords	46
5.3.2 sortedAnnotationsSummary	47
5.3.3 trackGroupResults.....	47
5.3.4 groupResults.....	49
6 - ANALISI DEI GRUPPI OMOGENEI.....	51
6.1 Scelta dei gruppi omogenei valutati	51
6.2 Gruppi omogenei riferiti alla singola traccia ECG	53
6.2.1 Traccia 212	53
6.2.2 Traccia 231	59
6.3 Gruppi omogenei generali	61
CONCLUSIONI.....	65
BIBLIOGRAFIA	67
INDICE DELLE FIGURE	69

INTRODUZIONE

Le malattie cardiovascolari sono attualmente la causa di morte più comune nel mondo. Di conseguenza il rilevamento accurato di eventi patologici cardiaci diventa essenziale per la diagnosi dei disturbi e per il trattamento corretto del paziente. L'elettrocardiografia, grazie alla semplicità del metodo, al suo carattere non invasivo e all'economicità della procedura, è il metodo ampiamente più utilizzato per valutare la funzionalità cardiaca. L'elettrocardiogramma (ECG), infatti, riflette l'attività elettrica del cuore e fornisce molte informazioni sul suo stato di salute.

La valutazione manuale di questi dati richiede molto tempo, pertanto, attualmente c'è uno sforzo per migliorare i metodi convenzionali e sviluppare nuovi metodi per l'elaborazione e l'analisi delle registrazioni elettrocardiografiche. L'analisi automatica dell'ECG è un compito fondamentale nel monitoraggio cardiaco, soprattutto in caso di monitoraggio a lungo termine, dove viene registrata una grande quantità di dati.

In questo contesto, ovvero grandi quantità di dati e necessità di analisi automatica, nasce sia l'esigenza di comprimere il più possibile i dati (senza perdere qualità e informazioni utili per la diagnosi) sia la ricerca di un sistema di classificazione automatica dei battiti cardiaci per l'identificazione di patologie.

In risposta alla prima problematica è in fase di studio un algoritmo che, considerando la traccia ECG come una somma di funzioni gaussiane opportunamente modellate per aderirvi, estrae i parametri di ampiezza, posizione e dispersione che identificano le gaussiane. Con questi pochi valori è possibile riprodurre fedelmente il tracciato ECG eliminando il bisogno di salvare tutti i campioni del segnale ed aprendo la strada a tecniche di compressione efficienti e con tassi di compressione elevati.

In risposta alla seconda problematica, invece, si colloca questo lavoro. L'obiettivo è impiegare questo algoritmo di estrazione automatica di features per verificare se esiste una relazione che permetta di discriminare le patologie cardiache in base al valore numerico dei parametri così ottenuti. Grazie ad un'analisi critica dei risultati è stato possibile evidenziare l'utilità di applicare dei classificatori automatici di machine learning alle features estratte al fine di identificare automaticamente le anomalie cardiache.

L'elaborato si articola in 6 capitoli. Nel primo capitolo sono richiamate nozioni riguardanti l'elettrocardiografia quali il tracciato ECG, la sua interpretazione, gli eventi elettromeccanici associati e gli standard di misura. Nel capitolo successivo è presentato un portale, chiamato PhysioNet, che mette a disposizione database di segnali fisio-patologici e software per elaborarli. Da qui sono state scaricate le tracce ECG utilizzate in questo lavoro e le loro caratteristiche sono fornite nel capitolo tre. Il quarto capitolo presenta le parti principali dell'algoritmo per l'estrazione automatica di features. Nel quinto è descritto il codice MATLAB sviluppato per poter organizzare le features in gruppi aventi aspetti comuni e, infine, nel sesto capitolo sono analizzati i gruppi con lo scopo di mettere in evidenza la relazione che intercorre tra i dati estratti e il tracciato ECG patologico.

CAPITOLO 1

IL SEGNALE ECG

1.1 L'elettrocardiogramma riflette l'attività elettrica

Alla fine del XIX secolo, i fisiologi scoprirono che potevano sistemare degli elettrodi sulla superficie cutanea e registrare l'attività elettrica del cuore. È possibile utilizzare elettrodi di superficie per registrare l'attività elettrica interna, perché le soluzioni saline, come il nostro liquido extracellulare contenente una alta concentrazione di NaCl, sono dei buoni conduttori di elettricità. Queste registrazioni, dette elettrocardiogrammi (ECG) mostrano la somma delle attività elettriche generate dalle cellule cardiache. Il primo elettrocardiogramma effettuato sull'uomo fu registrato nel 1887, ma la procedura non fu perfezionata per uso clinico che nei primi anni del XX secolo. Il padre del moderno ECG fu un fisiologo olandese, Walter Einthoven. Egli chiamò le onde dell'ECG nel modo in cui le conosciamo oggi e definì il "triangolo di Einthoven", un triangolo ipotetico disegnato attorno al cuore formato dagli elettrodi sistemati su entrambe le braccia e sulla gamba sinistra (Figura 1.1).

I lati del triangolo sono numerati per corrispondere alle tre derivazioni, o coppie di elettrodi, utilizzate per una registrazione. Un ECG viene registrato utilizzando una derivazione per volta. Un elettrodo agisce come elettrodo positivo, un secondo elettrodo agisce come elettrodo negativo della derivazione mentre il terzo elettrodo è inattivo. Per esempio, nella derivazione I, l'elettrodo sul braccio sinistro è designato come positivo e quello sul braccio destro come negativo. Quando un'onda elettrica che si sposta attraverso il cuore si dirige verso l'elettrodo positivo (del galvanometro utilizzato per la registrazione), l'onda dell'ECG si sposta verso l'alto rispetto alla linea di base. Se il movimento netto delle cariche elettriche attraverso il cuore si dirige verso l'elettrodo negativo, il tracciato si sposta verso il basso. L'ECG è una registrazione extracellulare che

rappresenta la somma dei numerosi potenziali d'azione che hanno luogo nel miocardio. Il potenziale d'azione, essendo un evento elettrico che si verifica in una singola cellula, ha caratteristiche differenti dalla somma di molti potenziali d'azione. Infatti l'ampiezza di un potenziale d'azione e quella di una registrazione dell'ECG sono molto diverse. A titolo d'esempio, un potenziale d'azione ventricolare corrisponde a una variazione di voltaggio di 110 mV, mentre il segnale dell'ECG ha un'ampiezza di solo 1 mV quando raggiunge la superficie del corpo dove sono posizionati gli elettrodi.

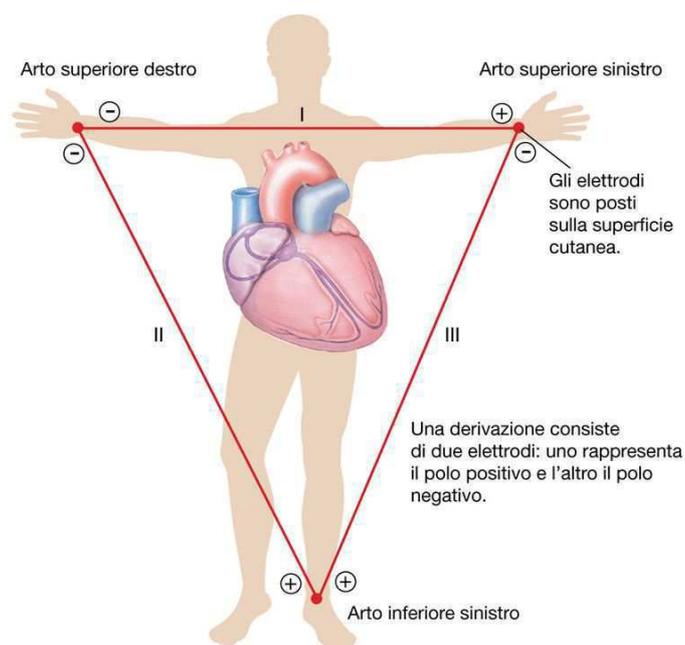


Figura 1.1 – Triangolo di Einthoven

L'ECG è un tracciato generato dalla proiezione bidimensionale di un oggetto tridimensionale, per questa ragione sono necessari molteplici elettrodi per valutare la funzionalità cardiaca. Le diverse derivazioni di un ECG forniscono "visuali" elettriche diverse e danno informazioni su differenti regioni del cuore. L'ECG a 12 derivazioni costituisce oggi lo standard utilizzato in clinica: è registrato usando varie combinazioni dei tre elettrodi delle derivazioni più altri sei elettrodi posti sul torace e sul tronco. Gli elettrodi aggiuntivi forniscono informazioni dettagliate circa la conduzione elettrica cardiaca. Delle 12 derivazioni, 3 sono bipolari periferiche (I: Braccio sinistro – Braccio destro, II: Gamba sinistra – Braccio destro, III: Gamba sinistra – Braccio sinistro), 3 unipolari periferiche e 6 unipolari precordiali. Nel corso del tempo gli ECG sono diventati strumenti diagnostici importanti in medicina, perché sono veloci, indolori e non invasivi.

1.2 Onde dell'ECG

I componenti principali nell'ECG sono due: onde e segmenti (Figura 1.2). Le onde appaiono come deflessioni sopra o sotto la linea base, i segmenti sono tratti della linea base compresi fra due onde mentre gli intervalli sono combinazioni di onde e segmenti.

Le diverse onde dell'ECG riflettono la depolarizzazione o la ripolarizzazione degli atri e dei ventricoli. In un normale ECG registrato con la derivazione I si osservano tre onde principali. La prima onda, chiamata onda P, corrisponde alla depolarizzazione degli atri e in soggetti sani la sua durata varia tra 60ms e 120ms mentre l'ampiezza è uguale o inferiore a 0,25mV. Il successivo trio di onde, il complesso QRS, rappresenta l'onda progressiva della depolarizzazione ventricolare e normalmente la sua durata è compresa tra 60ms e 90ms. L'onda finale, l'onda T, rappresenta la ripolarizzazione dei ventricoli ma non sempre è identificabile a causa dell'ampiezza ridotta. La ripolarizzazione atriale non è rappresentata da onde particolari, ma incorporata nel complesso QRS.

La direzione del tracciato ECG riflette solo l'orientamento del flusso di corrente rispetto all'asse della derivazione. In differenti derivazioni alcune onde possono cambiare direzione.

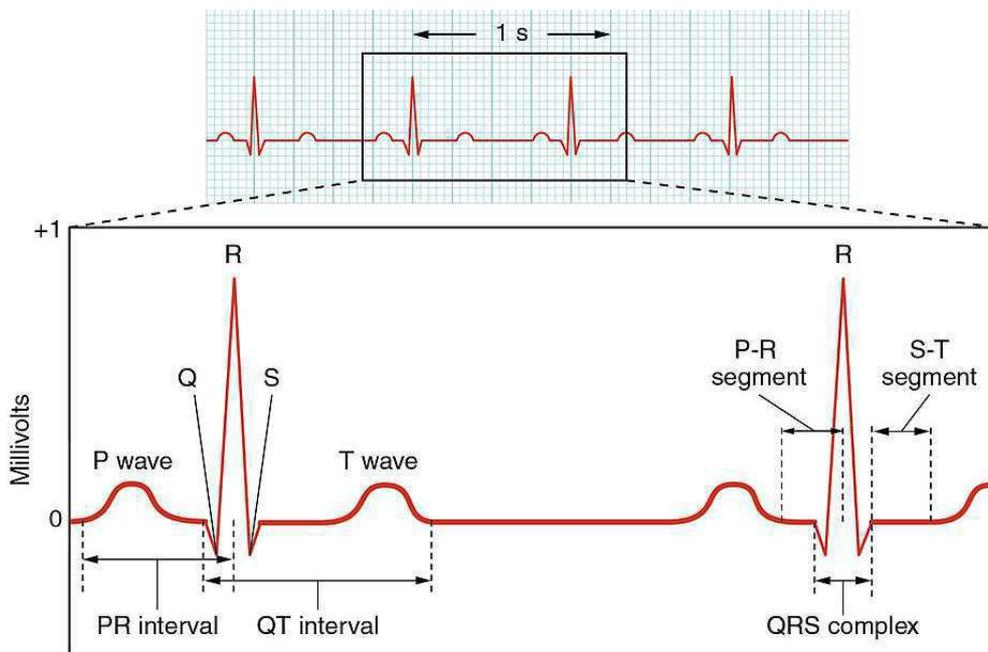


Figura 1.2 – Onde e segmenti dell'ECG

1.3 Il ciclo cardiaco

Un singolo ciclo completo di contrazione-rilasciamento dell'ECG è noto come ciclo cardiaco (Figura 1.3). Dal momento che la depolarizzazione dà inizio alla contrazione muscolare, questi eventi elettrici (onde) di un ECG possono essere associati con la contrazione o con il rilasciamento (intesi globalmente come eventi meccanici nel cuore). Gli eventi meccanici del ciclo cardiaco sono di poco in ritardo rispetto ai segnali elettrici.

Il ciclo cardiaco comincia con atri e ventricoli a riposo. L'ECG inizia con una depolarizzazione atriale controllata da un potenziale elettrico periodico auto-generato in una piccola regione del tessuto muscolare cardiaco chiamato nodo senoatriale (nodo SA). La contrazione atriale inizia durante la seconda parte dell'onda P e continua durante il segmento P-R. Durante il segmento P-R i segnali elettrici sono rallentati dal passaggio attraverso il nodo AV e il fascio AV, si parla perciò di ritardo del nodo AV). La contrazione ventricolare comincia subito dopo l'onda Q e continua durante l'onda T. I ventricoli sono ripolarizzati durante l'onda T, cui fa seguito il rilasciamento ventricolare. Durante il segmento T-P il cuore è elettricamente in quiete.

1.4 Patologie ed ECG

L'analisi dell'elettrocardiogramma è comunemente utilizzata per valutare la funzionalità cardiaca. Infatti un ECG fornisce informazioni sulla frequenza cardiaca, sulla velocità di conduzione e sulle condizioni dei tessuti nel cuore.

La frequenza cardiaca, che in un soggetto sano a riposo è di 60-100 battiti al minuto, in genere, viene misurata a partire dall'inizio di un'onda P fino all'inizio della successiva onda P, oppure a partire dal picco di un'onda R al picco della successiva onda R. Una frequenza più alta del normale è nota come tachicardia e una frequenza più bassa del normale è detta bradicardia. Si parla di aritmia quando il ritmo del battito cardiaco è irregolare: questa condizione può essere causata da una extrasistole benigna oppure da condizioni più serie, come la fibrillazione atriale in cui il nodo SA perde la sua funzione di pacemaker. In generale è un'alterazione della fisiologica sequenza di attivazione atrio-ventricolare.

Valutare le condizioni di un tessuto cardiaco patologico molto spesso richiede di controllare le deformazioni subite dal tracciato ECG. Talvolta alcune onde caratteristiche

scompaiono completamente ma gli aspetti più difficili nell'interpretazione di un ECG includono la ricerca di cambiamenti minimi, con alterazioni nella forma e nella durata delle varie onde o segmenti. È possibile ottenere un elevato numero di informazioni sulla funzionalità cardiaca semplicemente osservando le alterazioni nell'attività elettrica del cuore registrate con un ECG. Le aritmie cardiache, diagnosticabili tramite ECG, sono una famiglia di patologie che spaziano da quelle benigne a quelle con conseguenze potenzialmente fatali e sono problemi di natura elettrica che si verificano durante la generazione o la conduzione di potenziali d'azione attraverso il cuore. Alcune aritmie sono causate dalla "perdita di battiti" e si verificano quando il ventricolo non riceve il segnale corretto per contrarsi. Altre aritmie, come le contrazioni ventricolari premature, sono battiti aggiuntivi che avvengono quando una cellula autoritmica non appartenente al nodo SA genera un potenziale d'azione fuori sequenza del nodo SA. Proprio sulle tracce di aritmia si sono svolte le analisi oggetto della tesi.

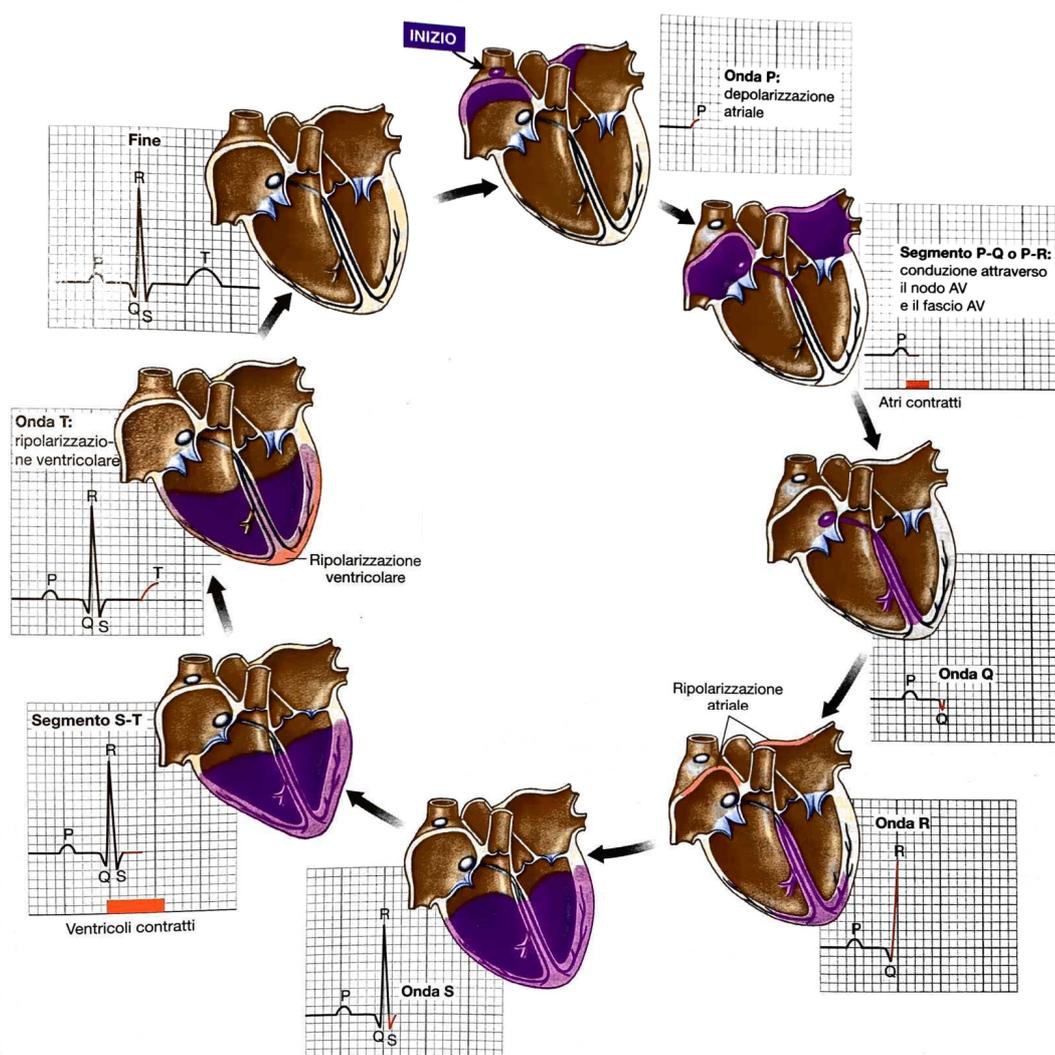


Figura 1.3 – Eventi elettrici del ciclo cardiaco

Come si vedrà nel capitolo 6, tra tutte le anomalie classificabili come aritmie, due sono state oggetto di analisi più approfondite. Queste due anomalie, chiamate battito con blocco di branca sinistra e battito con blocco di branca destra, si verificano quando nel sistema di conduzione elettrica del cuore (Figura 1.4), le rispettive ramificazioni non consentono il trasferimento dello stimolo elettrico.

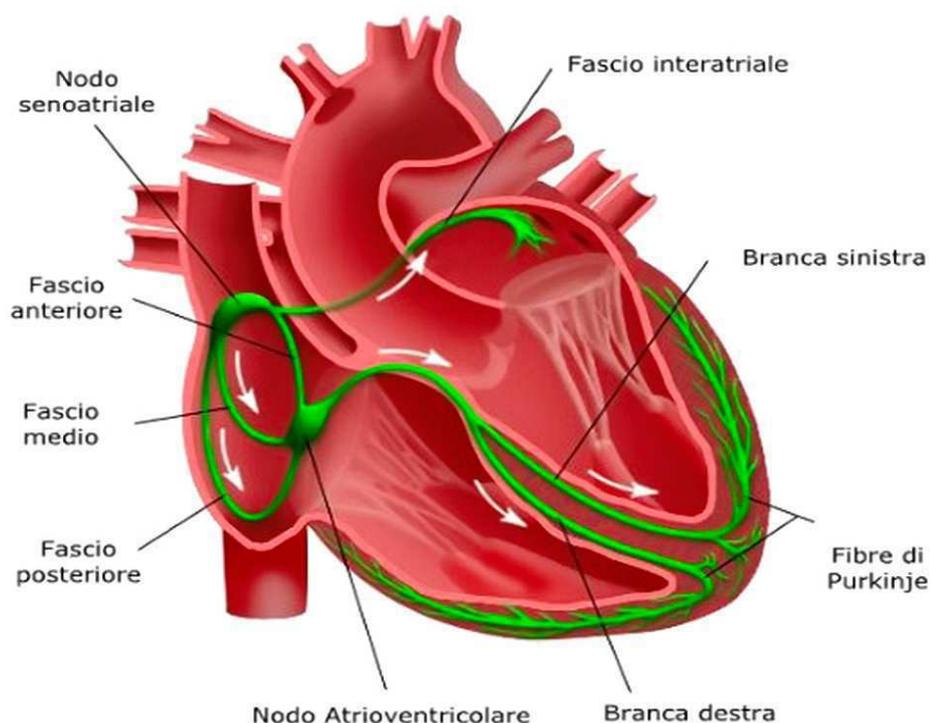


Figura 1.4 – Sistema di conduzione elettrica del cuore

1.5 Configurazione standard degli elettrodi

L'attività cardiaca è un fenomeno che si sviluppa nello spazio tridimensionale: studiarlo in modo preciso utilizzando "viste bidimensionali" è possibile se queste sono in numero sufficientemente elevato e, al tempo stesso, disposte in modo strategico. Ciascuna "vista bidimensionale" è chiamata derivazione e consiste nella misura della differenza di potenziale tra gli elettrodi. Quindi, l'uso di più derivazioni ECG è reso necessario dalla necessità di generare un'immagine quanto più completa possibile dell'attività elettrica tridimensionale: in un dato istante, durante il ciclo cardiaco, tutte le derivazioni ECG analizzano gli stessi eventi elettrici ma da diverse angolazioni.

Il modo più utilizzato e più importante per registrare i potenziali elettrici generati dal cuore è l'ECG standard che comprende 12 derivazioni ottenute utilizzando 10 elettrodi. Il numero di derivazioni non è lo stesso del numero degli elettrodi perché tra di essi vi è un'importante differenza: un elettrodo è un dispositivo conduttivo che, attaccato alla pelle, consente la registrazione delle correnti elettriche; una derivazione è una descrizione grafica dell'attività elettrica del cuore e viene creata analizzando diversi elettrodi.

Nell'ECG standard a 12 derivazioni, i 10 elettrodi vengono posizionati su diverse parti degli arti e del torace del paziente, seguendo un protocollo che permette di rendere l'operazione riproducibile, in modo preciso. Ci sono 6 elettrodi sul torace (Figura 1.5) e sono identificati con le sigle V1, V2, V3, V4, V5, V6; i rimanenti 4 sono elettrodi per gli arti (Figura 1.6) e sono chiamati RA, LA, RL, LL poiché sono posti rispettivamente su braccio destro, braccio sinistro, gamba destra e gamba sinistra.

Le 12 derivazioni si suddividono in due gruppi: 6 derivazioni degli arti e 6 derivazioni precordiali (toraciche):

→ Le derivazioni degli arti sono derivate dalle braccia e dalle gambe dell'individuo; sono identificate con le sigle: I, II, III, aVL, aVR, aVF e servono per studiare l'attività elettrica riflessa sul piano frontale. Possono essere ulteriormente suddivise in due sottogruppi in base al loro sviluppo storico: tre derivazioni bipolari standard (I, II, III) e tre derivazioni unipolari aumentate (aVR, aVL e aVF). Le derivazioni bipolari standard sono le classiche derivazioni dell'elettrocardiogramma descritte da Einthoven: registrano la differenza di potenziale tra due elettrodi situati in arti differenti. Le derivazioni unipolari aumentate registrano la differenza di potenziale tra un punto a potenziale nullo (teorico) al centro del triangolo di Einthoven e l'elettrodo di ciascuna estremità, permettendo così di conoscere il potenziale assoluto in quell'elettrodo. In ciascuna sigla che le identifica, la lettera "a" significa "aumentata", poiché queste derivazioni sono calcolate come una combinazione delle derivazioni I, II e III mentre la "V" sta per "vector" e "R", "L", "F" rispettivamente per "right", "left", "foot".

→ Le derivazioni precordiali sono derivate dal busto; sono identificate con le sigle: V1, V2, V3, V4, V5, V6 e servono per studiare l'attività elettrica sul piano trasversale.

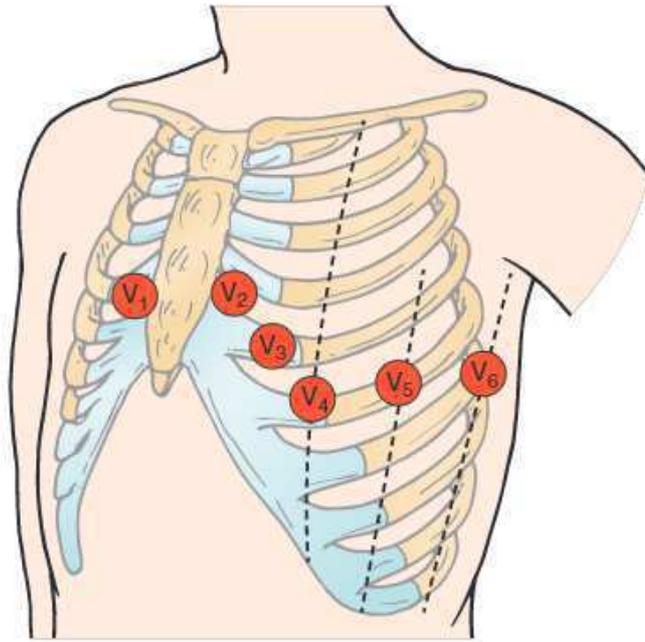


Figura 1.5 – Elettrodi del torace nell'ECG a 12 derivazioni

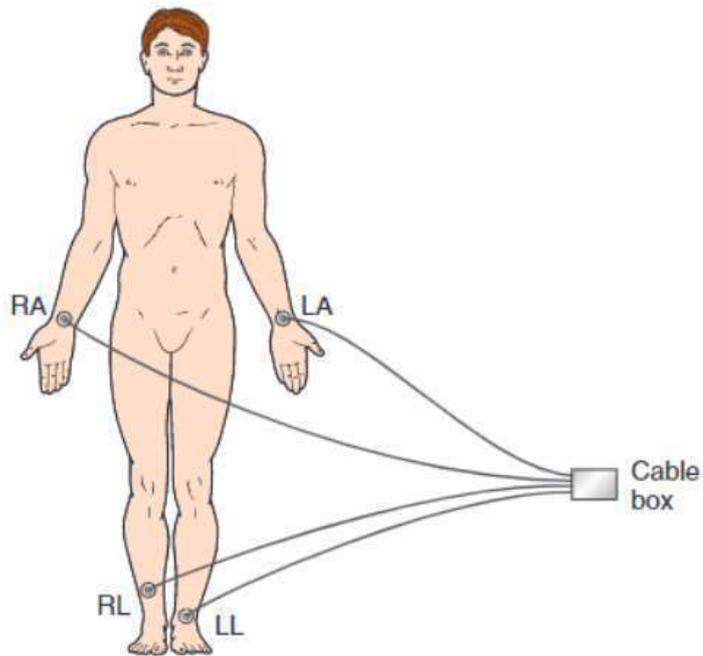


Figura 1.6 – Elettrodi degli arti nell'ECG a 12 derivazioni

CAPITOLO 2

PHYSIONET

PhysioNet, il soprannome di Research Resource for Complex Physiologic Signals, è gestito dai membri del MIT Laboratory for Computational Physiology ed è stato istituito nel 1999 sotto gli auspici del National Institutes of Health (NIH), una parte del Dipartimento della salute e dei servizi umani degli Stati Uniti che si occupa di finanziare progetti che riguardano il miglioramento della salute. PhysioNet si prefigge di catalizzare la ricerca e l'istruzione biomedica offrendo accesso gratuito a vaste raccolte di dati fisiologici e clinici e relativo software open-source. Si accede a questa importante risorsa di dati biomedici attraverso il seguente link:

[“https://physionet.org/”](https://physionet.org/)

All'interno della piattaforma sono presenti tre componenti strettamente interdipendenti: *PhysioBank*, *PhysioToolkit* ed una raccolta di *tutorial* per l'analisi dei segnali fisiologici.

2.1 Physiobank

Physiobank è un ampio archivio di registrazioni digitali, provenienti da studi sviluppati e forniti dai membri della comunità di ricerca. Tra di esse sono presenti segnali fisiologici come segnali cardiopolmonari, neurali, elettrocardiogrammi e altri segnali biomedici corredati da diagnosi e annotazioni mediche. Sono inclusi anche dati clinici e di imaging relativi alla terapia intensiva. Le registrazioni provengono da soggetti sani e pazienti con una varietà di condizioni che hanno implicazioni per la salute pubblica, tra cui morte cardiaca improvvisa, insufficienza cardiaca congestizia, epilessia, disturbi dell'andatura,

apnea notturna e invecchiamento. Attualmente PhysioBank contiene circa 75 database differenti e, da uno di questi, il MIT-BIH Arrhythmia Database, sono state ottenute le tracce ECG oggetto dell'analisi.

Ogni database è costituito da una serie di record (registrazioni) identificati con il loro nome. Nella maggior parte dei casi, un record è costituito da almeno tre file, denominati utilizzando il nome del record seguito dall'estensione del file che indica il contenuto. Solitamente le estensioni sono “.dat”, “.hea”, “.atr”.

- Il file binario con estensione “.dat” contiene i campioni digitalizzati di uno o più segnali. Non essendo direttamente leggibile, Physionet mette a disposizione due strumenti chiamati LightWAVE e PhysioBankATM, per poter esplorare online il suo contenuto e, solamente con il secondo tool, anche convertire il formato del file. Di questi due strumenti si parlerà successivamente.
- Il file “.hea” è un breve file di testo che descrive i segnali. Sono incluse informazioni come il nome, il formato di archiviazione, il numero e il tipo di segnali, la frequenza di campionamento, i dati di calibrazione, le caratteristiche del digitalizzatore, la durata della registrazione e l'ora di inizio.
- Il file “.atr” indica un file di annotazione. I file di annotazione contengono serie di etichette, ciascuna delle quali descrive una caratteristica del segnale in un momento specificato nel record;

2.2 PhysioToolkit

PhysioToolkit è una vasta libreria di software per l'elaborazione, l'analisi, la visualizzazione interattiva e la caratterizzazione dei segnali. Inoltre, è possibile utilizzarla per creare nuovi database, simulare segnali fisiologici, e confrontare metodi per l'analisi di processi non in equilibrio e non stazionari.

Una parte di questa libreria rientra nel gruppo chiamato “WFDB Software Package” nel quale WFDB è l'abbreviazione di WaveForm DataBase. Questi software sono utilizzati per manipolare in modo efficace i dati di PhysioBank. Tuttavia si presentano come ambienti di lavoro indipendenti. Per poter usufruire di queste funzionalità all'interno del proprio ambiente di lavoro, in questo caso MATLAB, è necessario installare un pacchetto differente, chiamato WFDB Toolbox, disponibile al seguente link:

[“https://archive.physionet.org/physiotools/matlab/wfdb-app-matlab/”](https://archive.physionet.org/physiotools/matlab/wfdb-app-matlab/)

Nella stessa pagina sono elencate tutte le funzioni presenti all'interno della toolbox; ciascuna è corredata di codice sorgente e di esempi su come utilizzarla. In particolare, alcune funzioni della WFDB Toolbox, consentono di leggere e scrivere file compatibili con lo standard utilizzato da Physionet, implementando proprio alcune delle caratteristiche di LightWAVE e PhysioBankATM direttamente in uno script. Di queste si è fatto uso all'interno del programma sviluppato, in modo da automatizzare al massimo il processo di analisi dei risultati.

2.3 Visualizzazione ed esportazione dei record

LightWAVE e PhysioBankATM consentono di visualizzare qualsiasi registrazione e annotazione di un record direttamente all'interno del browser web. Con PhysioBankATM è anche possibile esportare un singolo tracciato del database con l'estensione del file desiderata, anziché dover scaricare l'intero database in un file “.zip” contenente per ciascun record i file “.dat”, “.hed”, “.atr” che richiedono metodologie differenti per essere utilizzabili. Questi due strumenti sono reperibili rispettivamente su:

[“https://physionet.org/lightwave/”](https://physionet.org/lightwave/)

[“https://archive.physionet.org/cgi-bin/atm/ATM”](https://archive.physionet.org/cgi-bin/atm/ATM)

2.3.1 LightWAVE

LightWAVE presenta due sezioni principali:

“Choose input” dal quale si seleziona il database che contiene il record da analizzare (Figura 2.1) e “View/edit” che permette di visualizzare entrambi i segnali registrati contenuti nel record e scegliere l'intervallo di tempo. In blu, sono rappresentate le annotazioni e le rette verticali che indicano gli istanti temporali associati. Per visualizzare meglio la traccia è possibile nascondere le rette verticali cliccando sul bollino blu in alto a sinistra e la griglia sottostante con il bollino rosso. Con il pulsante “Find...” si può ricercare un'annotazione specifica all'interno del tracciato (Figura 2.2).



Figura 2.1 – Pannello “Choose input” di LightWAVE



Figura 2.2 – Pannello “View/edit” di LightWAVE

2.3.2 PhysioBankATM

PhysioBankATM si presenta in un’unica pagina web. Sulla parte superiore è presente il pannello di controllo: un riquadro che contiene tutto il necessario per pilotare il programma (Figura 2.3). In fondo alla pagina, invece, è presente il risultato del processo. Con il pannello di controllo è possibile:

- selezionare un input
Si seleziona un database dall'elenco e successivamente un record. È invece facoltativo se scegliere uno o più segnali appartenenti al record. Infine è possibile decidere quale serie di annotazioni considerare se è disponibile più di una serie.
- impostare delle opzioni di output
Bisogna definire tre parametri dell'output. La lunghezza, ovvero la durata della finestra di osservazione all'interno del record scelto, il formato dell'orario e il formato dei dati.
- scegliere l'operazione da eseguire
Sulla voce "Toolbox" compare un menu con le seguenti possibili operazioni eseguibili

Plot waveforms	Visualizza il segmento selezionato del segnale insieme alle annotazioni che si verificano all'interno della finestra temporale (Figura 2.4)
Plot RR intervals	Visualizza il grafico dell'andamento temporale dell'intervallo RR
Plot RR histogram	Visualizza l'istogramma dell'andamento temporale dell'intervallo RR
Show samples as text	I campioni di tutti i segnali all'interno della finestra di osservazione vengono convertiti in testo
Show annotations as text	Ogni riga dell'output corrisponde ad una singola annotazione
Describe record	Fornisce una descrizione del record selezionato
Export signals as CSV	Questo strumento crea un file in formato CSV (comma separated value), contenente i campioni nella regione di interesse.

Export signals as EDF	Crea un file EDF (European Data Format) del record selezionato
Export signals as .mat	Crea un file in formato “.mat” che può essere scaricato e letto direttamente utilizzando Matlab (Figura 2.5)
Make tarball of record	Raccoglie tutti i file appartenenti al record selezionato e ne crea un tarball (gzip-compressed tar archive), per facilitarne il download
Make zip file of record	Raccoglie tutti i file appartenenti al record selezionato e ne crea un file zip, per facilitarne il download

“Plot waveforms” è simile allo strumento LightWAVE, ma risulta più lento e meno interattivo. “Export signals as .mat” permette di scaricare un file compatibile con MATLAB e che contiene una matrice nel quale ciascuna riga contiene i campioni di un segnale. È un comando utile per scaricare ed analizzare singoli record.

- spostarsi all'interno del record scelto con i pulsanti di navigazione
I pulsanti di navigazione permettono di spostare la finestra di osservazione del record scelto

The screenshot shows the PhysioBankATM control panel with the following sections:

- Input:** Database: MIT-BIH Arrhythmia Database (mitdb); Record: 100; Signals: MLII; Annotations: reference beat, rhythm, and signal quality annotations (atr).
- Output:** Length: 10 sec (selected); Time format: time/date (selected); Data format: standard (selected).
- Toolbox:** Plot waveforms.
- Navigation:** Buttons for |<<, <<, <, *, >, >>, >>| and Previous record, Next record.
- Buttons:** Help, About ATM.

Figura 2.3 – Pannello di controllo di PhysioBankATM

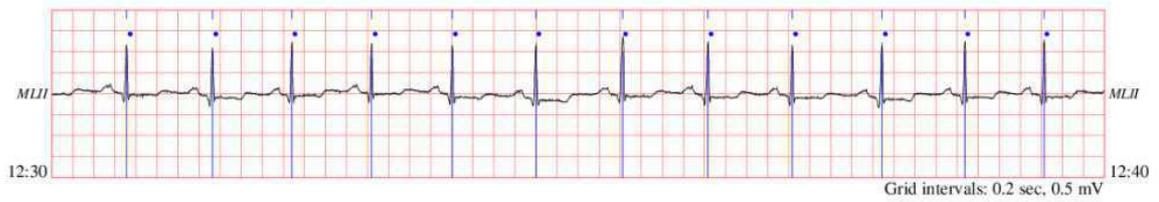


Figura 2.4 – Esempio di output di “Plot waveforms”

Download these files:

- ➔ [100m.mat](#) (binary, 7392 bytes; the matrix of raw signal values)
- [100m.info](#) (text, 388 bytes; signal names and other information about 100m.mat)
- [100m.heg](#) (text, 151 bytes; needed to read 100m.mat using applications in the [WFDB Software Package](#) or functions in the [WFDB Toolbox for MATLAB](#))
- [plotATM.m](#) (m-code text; a function that reads 100m.mat and 100m.info and plots the converted data.)

Figura 2.5 – Esempio di output di “Export signals as .mat”

CAPITOLO 3

MIT-BIH ARRHYTHMIA DATABASE

Il MIT-BIH Arrhythmia Database risale al 1980 ed è uno dei lavori nati dalla collaborazione tra il Beth Israel Hospital di Boston e il Massachusetts Institute of Technology. Fu il primo database ad essere pubblicato con l'obiettivo di condividere registrazioni ECG ben caratterizzate utili per la valutazione di algoritmi per l'analisi automatizzata dell'aritmia. Si può scaricare al seguente link:

[“https://www.physionet.org/content/mitdb/1.0.0/”](https://www.physionet.org/content/mitdb/1.0.0/)

3.1 Caratteristiche delle tracce

Questo database contiene 48 tracce della durata di 30 minuti estratte da registrazioni ECG ambulatoriali a due canali di 47 soggetti appartenenti ad uno studio del BIH Arrhythmia Laboratory tra il 1975 e il 1979. Di queste 48 registrazioni, 23 sono state scelte a caso da un set di 4000 ECG ambulatoriali della durata di 24 ore e raccolte da una popolazione mista di pazienti ricoverati (circa il 60%) e ambulatoriali (circa il 40%). Questi record sono numerati da 100 a 124 con alcuni numeri mancanti. Le restanti 25 registrazioni sono state selezionate dallo stesso set di 4000 ECG per includere aritmie meno comuni ma clinicamente significative che non sarebbero state ben rappresentate in un piccolo campione casuale. Anche questi record sono numerati ma dal 200 a 234, sempre con alcuni numeri mancanti. Il primo gruppo ha lo scopo di fungere da campione rappresentativo della varietà di forme d'onda e artefatti che un rilevatore di aritmia

potrebbe incontrare nell'uso clinico di routine mentre i record del secondo gruppo sono stati scelti per includere aritmie ventricolari, giunzionali e sopraventricolari complesse e anomalie della conduzione.

In quasi tutti i record, nel primo canale è presente il segnale ottenuto dalla derivazione dell'arto II modificata (MLII, modified lead II), ottenuta posizionando gli elettrodi sul torace. Il secondo canale è solitamente una derivazione V1 modificata (occasionalmente V2 o V5, e in un caso V4); come per il primo canale, gli elettrodi sono posti sul petto.

Le registrazioni sono state digitalizzate a 360 campioni al secondo per ciascun canale con una risoluzione di 11 bit su un intervallo di 10 mV. Due o più cardiologi hanno annotato indipendentemente ciascun battito cardiaco di ogni record (beat-by-beat annotations).

3.2 Annotazioni mediche

Le annotazioni sono etichette assegnate da medici specialisti che puntano a posizioni specifiche all'interno di una registrazione e descrivono eventi in quelle posizioni. Nel caso delle tracce ECG, come quelle del MIT-BIH Arrhythmia Database, le annotazioni indicano i tempi di occorrenza e il tipo di ciascun singolo battito cardiaco. Generalmente compaiono al picco dell'onda R.

Le annotazioni possono essere esaminate utilizzando molti programmi differenti disponibili su Physionet. Ancora una volta i più comuni sono quelli online: PhysioBankATM e LightWAVE. Esistono anche altre alternative su PhysioToolkit: sono dei programmi con questo scopo che possono essere scaricati ed eseguiti sul proprio computer. Infine, per leggere il file delle annotazioni, si può utilizzare anche la funzione *rdann.m* della WFDB toolbox, soluzione adottata in questo elaborato durante lo sviluppo del codice MATLAB per l'analisi dell'ECG.

Per le tracce ECG come quelle del MI-BIH Arrhythmia Database, sono definite "beat annotations" le annotazioni che fanno riferimento alla caratteristica generale del battito e "non-beat annotations" le annotazioni che si riferiscono ad un particolare istante del ciclo cardiaco. Ai fini dell'analisi condotta erano necessarie solamente le "beat annotations", riportate in tabella. Ciascun tipo di annotazione è corredata da un carattere.

BEAT ANNOTATIONS	
N	Battito normale
L	Battito con blocco di branca sinistra
R	Battito con blocco di branca destra
B	Battito con blocco di branca non specificato
A	Battito prematuro atriale
a	Battito prematuro atriale aberrato
J	Battito prematuro nodale (giunzionale)
S	Battito sopraventricolare prematuro o ectopico (atriale o nodale)
V	Contrazione ventricolare prematura
r	Contrazione ventricolare prematura R-su -T
F	Fusione del battito ventricolare e normale
e	Battito di fuga atriale
j	Battito di fuga nodale (giunzionale)
n	Battito di fuga sopraventricolare (atriale o nodale)
E	Battito di fuga ventricolare
/	Battito stimolato (da pacemaker)
f	Fusione del battito stimolato e normale
Q	Battito non classificabile

3.3 File contenuti nel database

Il database ottenuto da PhysioNet è un file zip di circa 73 MB. Al suo interno ci sono i file relativi a ciascun record e un file chiamato "RECORDS". Quest'ultimo contiene i numeri, disposti uno per riga, che identificano i record presenti nel database.

Ciascun record è costituito da tre file, denominati utilizzando il nome del record seguito da suffissi distinti (estensioni) che ne indicano il contenuto. Ad esempio, il database delle aritmie MIT-BIH include il record 100: i tre file *"100.atr"*, *"100.dat"* e *"100.heg"* lo descrivono completamente. Il file binario *"100.dat"* contiene i campioni digitalizzati di uno o più segnali. Il file *"100.heg"* è un breve file di testo che descrive i segnali del record. Il file *"100.atr"* contiene un'annotazione per ogni complesso QRS della registrazione (beat annotations), indicando la sua posizione (ora di occorrenza) e il tipo (normale, ectopico ventricolare, ecc.) nonché altre annotazioni (non-beat annotations) che indicano cambiamenti nel ritmo cardiaco e nella qualità del segnale.

CAPITOLO 4

ALGORITMO PER ESTRARRE FEATURES DALL'ECG

L'algoritmo per l'estrazione automatica di features elettrocardiografiche, considerato in questo lavoro, si basa su un modello gaussiano delle tracce ECG per la decomposizione del segnale nelle sue componenti "elementari". Prima di chiarire quali features si ottengono e di che tipo sono, è necessario definire cos'è un modello gaussiano nel contesto della modellazione morfologica dei segnali e come questo si relazioni alla teoria della decomposizione dei segnali. Successivamente saranno presentate alcune caratteristiche peculiari dell'algoritmo utilizzato.

4.1 Decomposizione dei segnali

Un prerequisito per modellizzare i segnali dal punto di vista morfologico prevede il processo di "decomposizione del segnale". I segnali, infatti, possono essere interpretati come una combinazione di componenti elementari e, l'obiettivo della decomposizione, è la separazione di queste componenti. Le componenti elementari, chiamate anche funzioni di base, vengono divise in famiglie per esempio: funzioni di base sinusoidali, funzioni di base gaussiane e molte altre.

Data un'osservazione $x(t)$ del segnale, l'obiettivo è trovare:

$$\hat{x}(t) = \sum_{k=0}^{N-1} c_k \cdot \phi_k(t)$$

dove $\hat{x}(t)$ è un modello di $x(t)$ e $\{\phi_k(t)\}_{k=0}^{N-1}$ è il set di funzioni utilizzato nella decomposizione del segnale. Essendo una modellazione morfologica, si possono impostare dei requisiti desiderati per la decomposizione, elencati di seguito.

→ Funzioni di base: è preferibile che il set di funzioni $\{\phi_k(t)\}$ formi una base ortonormale per lo spazio dei segnali considerato, in modo tale che l'espansione non sia ridondante e che i rispettivi coefficienti c_k portino informazione sulla rilevanza di ciascuna funzione di base nel costruire il segnale.

→ Identificazione dei parametri: tutti i modelli hanno parametri incogniti, considerati gradi di libertà. Nello schema di decomposizione del segnale proposto, avendo preventivamente scelto le funzioni di base $\{\phi_k(t)\}$, i soli parametri da identificare sono i $\{c_k\}$. Nel caso di funzioni base dipendenti dal segnale da decomporre ci sono ulteriori parametri da identificare.

→ Interpretazione fisiologica: una proprietà utile del modello è l'abilità di decomporre il segnale dato in componenti significative dal punto di vista fisiologico. Per esempio, decomporre il segnale ECG nelle già note onde P, QRS, T è fisiologicamente più significativo che decomporlo in armoniche sinusoidali, nonostante la prima delle due decomposizioni possa necessitare di funzioni di base ridondanti come le gaussiane.

La decomposizione del segnale può essere utilizzata per migliorare le prestazioni degli algoritmi di compressione come verrà accennato nei successivi paragrafi utilizzando un esempio sull'ECG. Tuttavia il principale obiettivo della tecnica impiegata in questo lavoro, è permettere l'estrazione e la classificazione di features.

4.2 Il modello gaussiano per le tracce ECG

Le tre onde P, QRS, T del tracciato elettrocardiografico possono essere opportunamente modellate da combinazioni di funzioni gaussiane. Per questo motivo, nella modellazione morfologica dell'ECG, si utilizzano funzioni base di tipo gaussiano: un singolo ciclo cardiaco, infatti, è rappresentabile attraverso 7 gaussiane: 2 per l'onda P, 2 per l'onda T e 3 per il complesso QRS. A livello operativo ci si avvale di un'ottava gaussiana per modellare

tratti particolari dell'ECG, specialmente nei battiti patologici in cui la forma del tracciato è anomala. Questa gaussiana si utilizza in una delle tre onde a seconda di quale presenti maggiore difficoltà nell'essere modellata. Al contrario, nei battiti normali, l'ottava gaussiana è spesso utilizzata per riprodurre fedelmente il valore di ampiezza del picco R.

In formule, il modello morfologico per un singolo battito cardiaco è la combinazione lineare di N=8 funzioni gaussiane:

$$\hat{x}(t) = \sum_{k=0}^{N-1} a_k \cdot e^{-\left(\frac{t-b_i}{c_i}\right)^2}$$

dove le costanti a_i , b_i , c_i agiscono rispettivamente sull'ampiezza, la posizione e la larghezza dell' i -esima gaussiana (Figura 4.1).

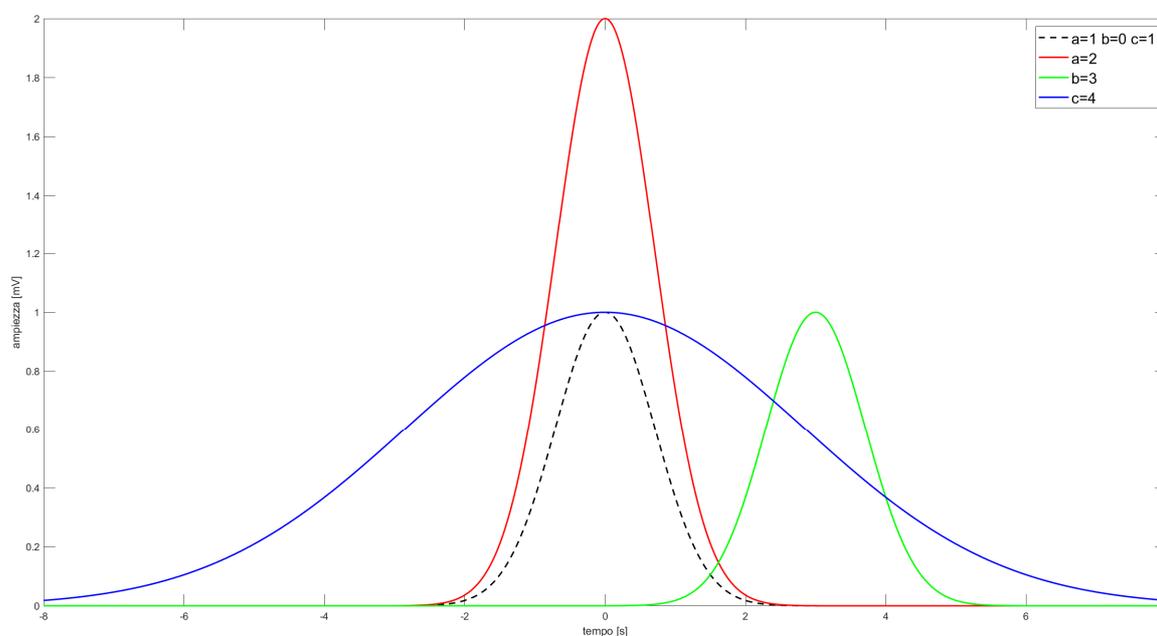


Figura 4.1 – Effetto di ciascun parametro sulla funzione gaussiana

L'esempio proposto (Figura 4.2) presenta i campioni di un battito cardiaco normale e la traccia ECG con modello gaussiano: quest'ultima risulta aderire fedelmente ai dati.

Il grafico successivo (Figura 4.3) esibisce lo stesso battito cardiaco, mettendo in evidenza le gaussiane utilizzate per modellare ciascuna onda dell'ECG. Queste, una volta "fuse" tra loro, permettono di ottenere il modello completo dell'elettrocardiogramma presente nella figura precedente.

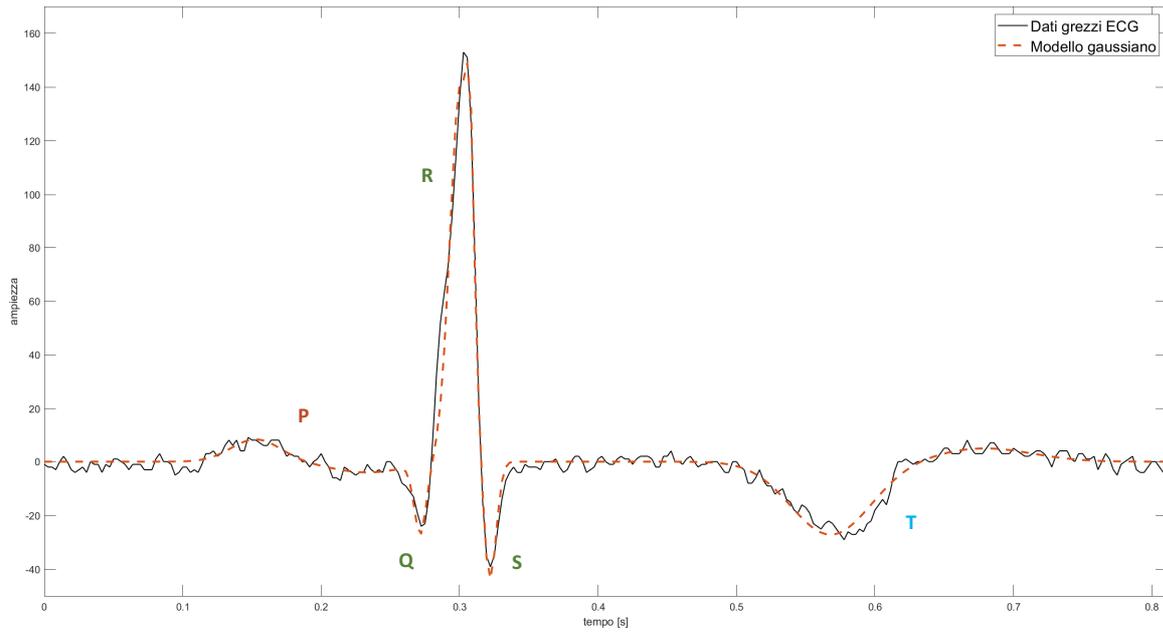


Figura 4.2 – Paragone tra campioni del segnale ECG e modello gaussiano della traccia

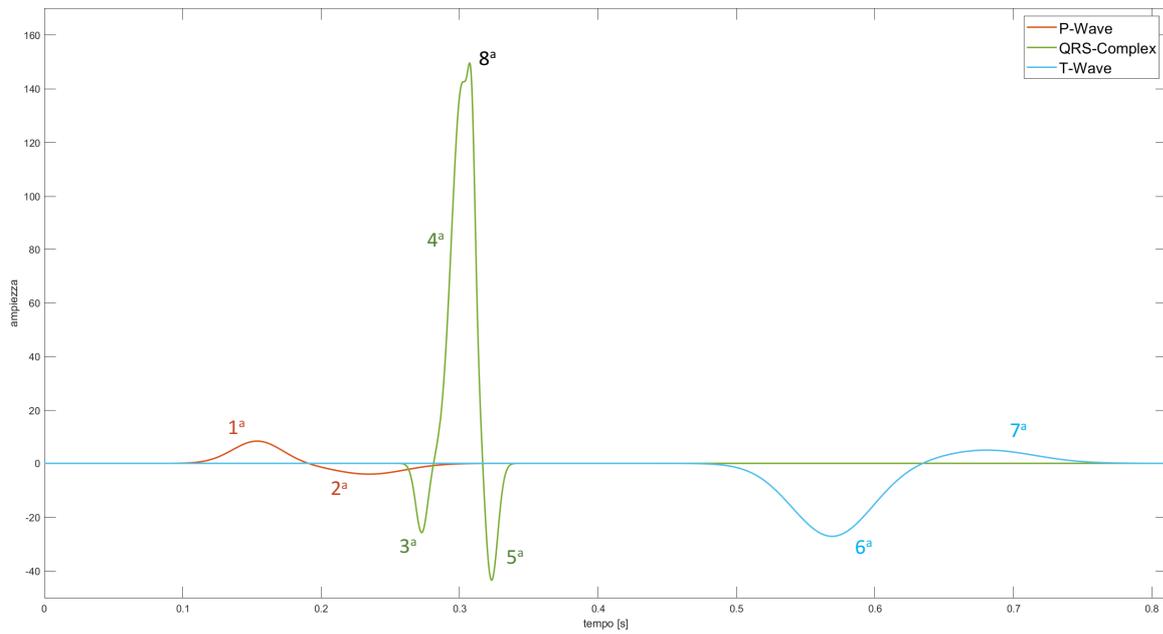


Figura 4.3 – Gaussiani per ogni onda dell'ECG

4.3 Features estratte

La parola “feature” è un termine molto generico che indica qualunque cosa si possa considerare come “tratto distintivo” o “caratteristica peculiare” di ciò che si sta osservando. In queste circostanze ogni ciclo cardiaco è decomponibile in 8 gaussiane e ciascuna si descrive tramite fattore di scala, deviazione standard e posizione all’interno del periodo. Di conseguenza, i valori di questi 3 parametri per ogni gaussiana sono ritenute delle features elettrocardiografiche e, permettendo di ricostruire il tracciato ECG evidenziandone le variazioni di forma, vengono definite features di tipo morfologico. È importante notare che ogni ciclo cardiaco decomposto in 8 gaussiane aventi 3 parametri ciascuna è, perciò, descritto complessivamente attraverso 24 valori.

Estrarre queste features è utile in due importanti applicazioni. La prima riguarda la possibilità di creare dei classificatori automatici di patologie, argomento approfondito nei successivi capitoli. La seconda tratta la problematica della compressione di grandi quantità di dati: anziché dover memorizzare ogni singolo campione del tracciato ECG è sufficiente salvare i 24 parametri estratti per ciascun ciclo cardiaco. Per comprendere meglio le potenzialità della tecnica è sufficiente notare che una traccia di mezz’ora, campionata a 250Hz con 16bit/campione, necessita di $72 \cdot 10^5$ bit per essere memorizzata ($16\text{bit/campione} \cdot 250\text{campioni/secondo} \cdot 1800\text{secondi}$). La stessa traccia, supposto un normale ritmo di 80 battiti al minuto, con il modello gaussiano richiede circa $6.9 \cdot 10^5$ bit ($24\text{parametri/ciclo} \cdot 80\text{cicli/minuto} \cdot 30\text{minuti} \cdot 12\text{bit/parametro}$), ovvero uno spazio di archiviazione circa 10 volte più piccolo.

4.4 Sezioni principali dell’algoritmo

L’algoritmo utilizzato in questo lavoro è diviso in 3 sezioni principali:

→ Creazione del dizionario: i parametri di ampiezza, dispersione e posizione delle gaussiane, a livello teorico, possono assumere i valori in un intervallo continuo di numeri reali. A livello pratico, le ampiezze a_k vengono determinate tramite una stima ai minimi quadrati mentre gli altri due parametri possono assumere i valori provenienti da un insieme discreto di numeri reali contenuto in un unico dizionario appositamente creato. Ogni elemento del dizionario, infatti, è individuato da una coppia di valori di dispersione e posizione, che si possono associare ad una griglia in due dimensioni. Per ragioni di

efficienza, il campo di variazione del parametro dispersione cambia e si adatta al variare della posizione, dato che il valore di quest'ultima individua quale parte del periodo dell'ECG si sta considerando. La procedura di creazione del dizionario deriva dall'utilizzo di una tecnica di elaborazione dei segnali chiamata "Compressive Sensing". Questa tecnica permette di ricostruire segnali sparsi partendo da meno campioni di quanti ne sarebbero richiesti tipicamente dal teorema del campionamento di Shannon.

→ Segmentazione della traccia: vengono individuati i picchi R contenuti nella traccia ECG e, in un vettore, sono salvate le rispettive posizioni. Inoltre, essendoci un picco per battito cardiaco, si riesce a suddividere la traccia nei singoli cicli. Nell'analisi dei risultati è importante notare che, se K è il numero di picchi R rilevati, allora il numero di cicli effettivi da analizzare sono $K - 1$ perché, per come è registrata la traccia, non è assicurato che al primo elemento nel vettore dei picchi sia associato un ciclo cardiaco completo.

→ Elaborazione del ciclo cardiaco: ciascun segmento viene decomposto nella somma di 8 gaussiane. Di ogni gaussiana interessa: il fattore di scala, la posizione nel ciclo cardiaco e la dispersione. Si ottengono, quindi, 24 parametri per ciclo cardiaco. È importante notare che il valore della posizione può essere negativo o positivo: l'origine dell'asse dei tempi, per ogni segmento, è centrata nella posizione appartenente al picco R. Per questo motivo, in generale, alle gaussiane dell'onda P sono attribuite posizioni negative, alle gaussiane dell'onda T posizioni positive.

CAPITOLO 5

ASSOCIAZIONI: FEATURES E ANNOTAZIONI MEDICHE

5.1 Obiettivo

Riuscire a classificare i cicli cardiaci di ciascuna traccia, sulla base delle annotazioni del medico, permette di confrontare l'annotazione del ciclo cardiaco con l'insieme dei valori assunti da ciascuno dei 24 parametri del ciclo, estratti dall'algoritmo. Per questo motivo, è stato necessario sviluppare uno script MATLAB che, per ciascuna traccia, associasse a ogni gruppo di 24 parametri, la corrispondente annotazione.

Avendo a disposizione queste associazioni si studia se, eventualmente, ci sia una relazione tra le condizioni rilevate dall'annotazione del cardiologo ed i valori dei parametri delle gaussiane che modellano al meglio la forma d'onda. Per facilitare questa analisi è utile creare dei "gruppi omogenei di stime", ovvero dei gruppi in cui sono raccolti i valori dei parametri che condividono la stessa annotazione. Nello stesso script MATLAB che crea le associazioni, è stato implementato il codice che crea i gruppi omogenei.

È importante distinguere tra gruppi omogenei riferiti alla singola traccia ECG e gruppi omogenei generali perché portano ad analisi e risultati differenti.

→ I gruppi omogenei riferiti alla singola traccia ECG raccolgono i cicli cardiaci (ovvero i 24 parametri) che condividono la stessa annotazione ma solamente all'interno di una stessa traccia. Sono, perciò, dei gruppi relativi al paziente di cui si è registrato l'ECG.

→ I gruppi omogenei generali, invece, raccolgono sotto la stessa annotazione tutti i cicli che la condividono, senza guardare la traccia ECG di provenienza. Si ottengono, quindi, dei gruppi indipendenti dal singolo paziente.

Nei prossimi paragrafi verrà presentato il codice MATLAB sviluppato per adempiere a questi compiti ed ottenere dei dati strutturati da analizzare. In particolare verranno messe in luce alcune soluzioni e alcuni passaggi chiave per comprendere com'è strutturato il programma.

5.2 Implementazione su software MATLAB

Lo script sviluppato è denominato "*associazioniFeaturesAnnotazioni.m*". Nella stessa cartella in cui è contenuto devono essere presenti anche gli script per eseguire l'estrazione automatica dei parametri di ciascun ciclo cardiaco e la cartella ottenuta dalla decompressione del file ".zip" che costituisce il database, scaricabile dal link presentato nel capitolo 3.

Lo script è suddiviso in sezioni pensate per essere indipendenti, ovvero senza la necessità di dover eseguire sempre tutto il codice, che richiede qualche minuto per essere completamente processato. Questo è possibile solamente avendo eseguito l'intero programma almeno una volta. Al termine di ciascuna sezione è sempre presente il salvataggio di un file che contiene il risultato della sua esecuzione, perciò nel caso si necessiti di avviare solamente una di queste sarà sufficiente caricare il risultato dato dalla precedente sezione e ottenuto, eventualmente, durante l'unica esecuzione completa dello script. Tra tutte le sezioni dello script, le principali sono:

- CERCA TRACCE
- ESTRAZIONE DEI PARAMETRI
- ASSOCIAZIONI TRA ANNOTAZIONI E PARAMETRI
- CREAZIONE DI GRUPPI OMOGENEI

Ciascuna sarà presentata in un paragrafo con le parti di codice più rappresentative. Il segnoaposto ". . ." indica del codice non riportato.

5.2.1 CERCA TRACCE

In questa sezione viene studiato il contenuto del database che ipoteticamente può essere diverso dal MIT-BIH Arrhythmia DB. Verranno cercati i record che contengono al loro interno la derivazione che si è interessati a studiare, data come input.

Si ricorda che, come scritto nel Capitolo 3, ciascun record del MIT-BIH Arrhythmia DB contiene registrazioni ECG a due canali (ovvero due derivazioni) e che non è garantita la presenza delle stesse derivazioni per tutti i record del DB. Questo giustifica la presenza di questa sezione.

IMPLEMENTAZIONE

Inizialmente si crea una cartella *Risultati* nella directory di lavoro dove verranno archiviati tutti i risultati automaticamente. La cartella sarà generata solo nel caso non sia già presente.

```
if ~exist('Risultati', 'dir')
    mkdir('Risultati')
    %Create results folder if it doesn't exist
end
```

Viene attivata anche la registrazione della *Command Window* di MATLAB, che verrà terminata soltanto alla fine dell'intero script, generando un file che contiene il riassunto delle operazioni eseguite.

```
...
diary ./Risultati/commandWindowOutput %Start recording command window
...
```

La variabile *requestedChannel* contiene una stringa che indica quale derivazione dell'ECG è richiesta per i record del database. Nell'analisi oggetto dell'elaborato si è utilizzata la derivazione MLII. Successivamente è inizializzata la matrice *suitableRecords*. Questa matrice avrà due colonne. Ogni riga conterrà sulla prima colonna il numero del record e nella seconda colonna il canale in cui è stata individuata la derivazione scelta.

```
%INPUT
requestedChannel='MLII';

%OUTPUT
suitableRecords=[];
```

Il comando *dlmread* legge il file *RECORDS* presente all'interno del DB, il risultato è un vettore colonna i cui elementi sono i numeri che identificano ciascun record.

```
records=dlmread('./mit-bih-arrhythmia-database-1.0.0/RECORDS');
```

La funzione *wfdbdesc* appartiene alla WFDB Toolbox. Dato in input il numero che identifica il record (corredato dal percorso all'interno della directory), restituisce un vettore di strutture in cui ogni struttura sono contenute le informazioni relative ad un canale della registrazione ECG. Il campo *Description* di ciascuna struttura contiene una stringa che indica la derivazione utilizzata. Questa viene confrontata con quella richiesta dall'utente. Se coincidono, il numero del record e il canale vengono aggiunti alla matrice *suitableRecords*. L'operazione è eseguita per ogni record appartenente al DB.

```
numberOfRecords=length(records);
for i=1:numberOfRecords
    record=records(i);
    [recordInfo,~,~]=wfdbdesc(['./mit-bih-arrhythmia-database-1.0.0/'
    num2str(record)]);
    for channelNumber=1:length(recordInfo)
        channel=recordInfo(channelNumber);
        channelDescription=channel.Description;
        if strcmp(channelDescription, requestedChannel)
            newSuitableRecord=[record channelNumber];
            suitableRecords=[suitableRecords; newSuitableRecord];
        end
    end
end
end
...
```

Il risultato dell'esecuzione di questa sezione è salvato nella cartella *Risultati* e consiste in un file chiamato *suitableRecords.mat* che contiene la variabile *suitableRecords*.

5.2.2 ESTRAZIONE DEI PARAMETRI

In questa sezione ogni traccia tra quelle contenute nei record risultati idonei nella selezione precedente, viene sottoposta all'algoritmo di estrazione automatica dei parametri delle gaussiane che modellano i cicli cardiaci. Si effettua anche la lettura di ogni file contenente le annotazioni mediche.

IMPLEMENTAZIONE

Inizialmente si crea una cartella *TracceConvertite* innestata a *Risultati*. I dati presenti all'interno del DB non sono in formato “.mat” e, per non dover convertire i dati di ciascuna traccia una alla volta con LightWAVE o PhysiobankATM, si è implementata una soluzione iterativa all'interno dello script che esegue per ognuna la conversione. Questo processo crea molti file, per questo vengono raccolti nella cartella *TracceConvertite* creata appositamente.

```
if ~exist('./Risultati/TracceConvertite', 'dir')
    mkdir('./Risultati/TracceConvertite')
    %Create folder for storing mat file of tracks if it doesn't exist
end
```

E' inizializzata la variabile *trackAnalysisResults*, un vettore di strutture che conterrà i risultati dell'esecuzione di questa sezione.

```
trackAnalysisResults=[];
```

I dati di ciascuna traccia devono essere convertiti in formato “.mat” per poter essere elaborati dall'algorithmo di estrazione dei parametri. Si utilizza la funzione *wfdb2mat* della WFDB Toolbox che riceve in input il numero del record (corredato dal percorso all'interno della directory). I file generati vengono spostati nella cartella *TracceConvertite*.

```
...
for i=1:numberOfRecords
    record=suitableRecords(i, :);
    track=record(1);
    channel=record(2);
    wfdb2mat(['./mit-bih-arrhythmia-database-1.0.0/' num2str(track)]);
    filename=['./' num2str(track) 'm'];
    movefile([filename '.mat'], './Risultati/TracceConvertite/');
    movefile([filename '.hea'], './Risultati/TracceConvertite/');
```

La funzione *rdann* della WFDB Toolbox permette di leggere il file delle annotazioni presente all'interno del database. Riceve in input il numero del record (corredato dal percorso all'interno della directory) e l'estensione del file contenente le annotazioni, in questo caso “.atr”; restituisce in output due vettori colonna, *annIndex* e *annType*, della

stessa dimensione. Il primo contiene il numero del campione a cui è associata l'annotazione (generalmente è la posizione del campione relativo al picco R dell'ECG, ma non sempre è così e ne verrà tenuto conto). Il secondo contiene, per ciascun elemento, il tipo di annotazione indicata con singoli caratteri come visto nel Capitolo 3. Gli elementi di *annType* sono riferiti a quelli che occupano le medesime posizioni in *annIndex*. Ciascuna traccia ha il suo file delle annotazioni, quindi l'operazione va iterata.

```
[annIndex, annType, ~, annChannel, ~, ~]=rdann(['./mit-bih-arrhythmia-
        database-1.0.0/' num2str(track)], 'atr');
```

I campioni di un record convertito in formato “.mat” sono contenuti nella variabile *val*, una matrice in cui gli elementi nella stessa riga corrispondono ai campioni della stessa derivazione. Per ECG a due canali, la matrice *val* ha dimensioni 2xN, con N=numero di campioni della traccia. Ad ogni iterazione *val* assume i valori del record da cui effettuare l'estrazione dei parametri. L'algoritmo di estrazione viene richiamato tramite la funzione *main* che riceve in input il vettore *val* e il numero del canale nel quale si trova la derivazione richiesta. In output si ottengono le seguenti variabili:

index_qrs: vettore riga contenente le posizioni dei campioni corrispondenti ai picchi R identificati dall'algoritmo di estrazione. Per semplicità espositiva si definisce M la dimensione di *index_qrs* che corrisponde al numero di cicli cardiaci presenti nella traccia considerata in quella particolare iterazione del codice

a_p, *pos_p*, *disp_p*: rispettivamente matrici delle ampiezze, posizioni e dispersioni che identificano le gaussiane rappresentative dell'onda P dell'ECG. Hanno dimensione 3xM

a_qrs, *pos_qrs*, *disp_qrs*: rispettivamente matrici delle ampiezze, posizioni e dispersioni che identificano le gaussiane rappresentative del complesso QRS dell'ECG. Hanno dimensione 4xM

a_t, *pos_t*, *disp_t*: rispettivamente matrici delle ampiezze, posizioni e dispersioni che identificano le gaussiane rappresentative dell'onda T dell'ECG. Hanno dimensione 3xM

Per ciascuna di queste variabili, tranne *index_qrs*, l'elemento nella riga *i* e colonna *j* indica il valore del parametro (ampiezza, posizione, dispersione) che caratterizza la gaussiana *i* tra quelle che servono per modellare l'onda (P,QRS,T) all'interno del ciclo cardiaco *j* tra gli M totali.

```
[index_qrs, a_p, pos_p, disp_p,
        a_qrs, pos_qrs, disp_qrs,
        a_t, pos_t, disp_t]=main(val, channel);
```

Di tutte le annotazioni presenti in *annType*, ai fini dell'analisi oggetto dell'elaborato, sono necessarie solamente quelle posizionate in corrispondenza dei picchi R perché indicano una annotazione riferita all'intero battito cardiaco. Per questo motivo è necessario salvare nel vettore *annotations*, precedentemente inizializzato, soltanto le annotazioni che hanno la posizione del campione in comune tra *annIndex* e *index_qrs*. Se la condizione è verificata significa che l'annotazione considerata appartiene ad un picco R.

Per cercare l'annotazione appartenente ad un picco R contenuto in *index_qrs* si cerca il l'elemento di *annIndex* che minimizza la distanza assoluta dal picco in esame. Si valuta, perciò, in che posizione è situato l'elemento di *annIndex* e si ricava l'annotazione ricordando che si trova nella stessa posizione in *annType*.

La ricerca delle annotazioni di interesse è iterativa perché viene effettuata per un picco R alla volta. Al termine di questa selezione, il vettore *annotations* avrà le stesse dimensioni di *index_qrs*.

```
annotations=[];
for i=1:length(index_qrs)
    absoluteDeviation=abs(annIndex-index_qrs(i));
    [~,index]=min(absoluteDeviation);
    newAnnotation=annType(index);
    annotations=[annotations newAnnotation];
end
```

Una volta eseguite le operazioni descritte precedentemente, per ogni traccia processata si salvano i risultati ottenuti in una struttura chiamata *trackResults* che poi viene aggiunta in coda a *trackAnalysisResults* ad ogni iterazione del ciclo. Questa struttura contiene i seguenti campi:

number contiene il valore numerico che identifica il record,

annotations contiene le annotazioni relative ai soli picchi R,

qrsIndex contiene la posizione dei campioni corrispondenti ai picchi R,

pAmplitude, *pPosition*, *pDispersion*, *qrsAmplitude*, *qrsPosition*, *qrsDispersion*, *tAmplitude*, *tPosition*, *tDispersion*.

```
trackResults.number=track;
trackResults.annotations=annotations;
trackResults.qrsIndex=index_qrs;

trackResults.pAmplitude=a_p;
trackResults.pPosition=pos_p;
trackResults.pDispersion=disp_p;
```

```
trackResults.qrsAmplitude=a_qrs;
trackResults.qrsPosition=pos_qrs;
trackResults.qrsDispersion=disp_qrs;

trackResults.tAmplitude=a_t;
trackResults.tPosition=pos_t;
trackResults.tDispersion=disp_t;

trackAnalysisResults=[trackAnalysisResults trackResults];

end
...
```

Il risultato dell'esecuzione di questa sezione è salvato nella cartella *Risultati* e consiste in un file chiamato *trackAnalysisResults.mat* contenente la variabile *trackAnalysisResults*.

5.2.3 ASSOCIAZIONI TRA ANNOTAZIONI E PARAMETRI

Finora ci si è limitati a estrarre tutti i dati necessari per proseguire l'analisi e a eliminare quello che non serve, come le annotazioni che non corrispondono ad un picco R. Si ha a disposizione un vettore di strutture nel quale ogni struttura contiene solo dati utili di una traccia. Tutti i campi della struttura (escludendo il campo *track*) contengono una matrice con M colonne. Scelta una colonna *j* tutte queste matrici esprimono i parametri delle gaussiane appartenenti ad uno stesso ciclo cardiaco.

Tenendo presente che l'obiettivo è creare gruppi omogenei, è necessario scomporre le matrici di ciascuna traccia presente in *trackAnalysisResults*, in vettori e strutture che raggruppano solamente informazioni relative allo stesso ciclo cardiaco. Quanto descritto corrisponde al processo svolto in questa sezione.

IMPLEMENTAZIONE

Per automatizzare l'analisi è necessario conoscere tutte le annotazioni che si possono incontrare all'interno del database. Il codice seguente genera una variabile stringa chiamata *differentChars* contenente i tipi di annotazioni che compaiono almeno una volta al suo interno. Questa variabile è salvata nel file *differentChars.mat* nella cartella *Risultati*.

```

annotations='';
for i=1:length(trackAnalysisResults)
    %Analyze each track data
    trackData=trackAnalysisResults(i);
    annotations=[annotations trackData.annotations];
end

differentChars='';
for i=1:length(annotations)
    character=annotations(i);
    if contains(differentChars,character)==false
        differentChars=[differentChars character];
    end
end
...

```

Sarà utile disporre del numero di cicli cardiaci che corrispondono ad ogni annotazione perciò si crea una matrice di celle con due colonne, contenuta nella variabile *annotationsSummary*. Per ciascuna riga, nella prima colonna viene riportata l'annotazione, nella seconda colonna il numero di volte che questa compare nel database.

La variabile *sortedAnnotationsSummary* ha lo stesso contenuto di *annotationsSummary* ma ordinato in modo discendente rispetto alla seconda colonna.

Sia *annotationsSummary* che *sortedAnnotationsSummary* vengono salvate nel file *annotationsSummary.mat* situato nella cartella *Risultati*.

```

disp('Counting total number of cycles for each annotation...');
countChars=[];
for i=1:length(differentChars)
    character=differentChars(i);
    countChars=[countChars count(annotations,character)];
end

annotationsSummary=cell(length(differentChars),2);
for i=1:length(annotationsSummary)
    annotationsSummary(i,:)={differentChars(i),countChars(i)};
end
sortedAnnotationsSummary=sortrows(annotationsSummary,2,'descend');

```

Nel codice seguente, si estraggono i dati di ciascuna traccia da *trackAnalysisResults*, e li si scompongono nei vari cicli cardiaci. Ogni ciclo cardiaco è una struttura costituita da una sola annotazione e dai parametri che definiscono le gaussiane; questi ultimi sono ripartiti in campi della struttura diversi a seconda che siano un valore di ampiezza, posizione o dispersione e che modellino l'onda P, T o il complesso QRS. In realtà, per essere formali, in questo processo avviene già la suddivisione in gruppi omogenei: la variabile

tracks_homogeneousGroups contiene una matrice di celle progettata come una tabella a doppia entrata: i numeri identificativi dei record nella prima riga, i tipi di annotazioni nella prima colonna. Presa la cella alla riga *i* e colonna *j* si ottiene un vettore di strutture contenente tutti i cicli cardiaci:

della traccia *tracks_homogeneousGroups(1,j)*
corrispondenti all'annotazione *tracks_homogeneousGroups(i,1)*

Nel file *tracks_homogeneousGroups.mat*, contenuto nella cartella *Risultati*, viene salvata la variabile *tracks_homogeneousGroups*.

```
%Homogeneous groups contains all cardiac cycles with same annotation
tracks_homogeneousGroups=cell(length(differentChars)+1,1);
tracks_homogeneousGroups{1}='';
tracks_homogeneousGroups(2:end)=annotationsSummary(:,1);

for i=1:length(trackAnalysisResults)

    trackData=trackAnalysisResults(i);
    %Analyzing track: trackData.number

    track_groups=cell(length(differentChars)+1,1);
    track_groups{1}=trackData.number;

    for cycle=1:length(trackData.qrsIndex)

        cardiacCycle.annotation=trackData.annotations(cycle);

        cardiacCycle.pAmplitude=trackData.pAmplitude(:,cycle);
        cardiacCycle.pPosition=trackData.pPosition(:,cycle);
        cardiacCycle.pDispersion=trackData.pDispersion(:,cycle);

        cardiacCycle.qrsAmplitude=trackData.qrsAmplitude(:,cycle);
        cardiacCycle.qrsPosition=trackData.qrsPosition(:,cycle);
        cardiacCycle.qrsDispersion=trackData.qrsDispersion(:,cycle);

        cardiacCycle.tAmplitude=trackData.tAmplitude(:,cycle);
        cardiacCycle.tPosition=trackData.tPosition(:,cycle);
        cardiacCycle.tDispersion=trackData.tDispersion(:,cycle);

        index=strfind(differentChars, cardiacCycle.annotation)+1;
        track_groups{index}=[track_groups{index} cardiacCycle];

    end

    tracks_homogeneousGroups=[tracks_homogeneousGroups track_groups];

end
```

Ora, nella tabella *allHomogeneousGroups*, si collezionano sotto la stessa annotazione tutti i cicli cardiaci che la condividono, indipendentemente dalla traccia di provenienza. Si ricorda che i dati di ogni ciclo cardiaco sono disposti in una struttura.

Nella prima colonna di *allHomogeneousGroups* sono presenti, una per riga, le annotazioni. Nella rispettiva casella della seconda colonna, c'è un vettore di strutture contenente i dati di tutti i cicli cardiaci presenti nel database che condividono la stessa annotazione. Nella cartella *Risultati* viene salvato il file *allHomogeneousGroups.mat* che contiene l'omonima variabile.

```
[numberOfRows, numberOfColumns]=size(tracks_homogeneousGroups);
allHomogeneousGroups=cell(numberOfRows-1,2);
allHomogeneousGroups(:,1)=tracks_homogeneousGroups(2:end,1);

for i=2:numberOfRows
    allCycles=[];
    for j=2:numberOfColumns
        newCycles=tracks_homogeneousGroups{i,j};
        allCycles=[allCycles newCycles];
    end
    allHomogeneousGroups{i-1,2}=allCycles;
end
```

Come si vedrà, nonostante siano stati preventivamente creati i gruppi omogenei generali (*allHomogeneousGroups*) e i gruppi omogenei riferiti alle singole tracce (*tracks_homogeneousGroups*) si possono riorganizzare i dati contenuti per favorire la loro analisi.

5.2.4 CREAZIONE DI GRUPPI OMOGENEI

In questa sezione vengono create le due variabili *groupResults* e *trackGroupResults* che contengono rispettivamente i dati dei gruppi omogenei generali e dei gruppi omogenei riferiti alle singole tracce al fine di favorire un confronto rapido tra i valori dei parametri. Infatti, da queste variabili, si possono ottenere velocemente i dati che permettono di trarre conclusioni a livello del singolo paziente e sulla variabilità interpersonale.

IMPLEMENTAZIONE

La variabile *groupResults* è un vettore di strutture. Ciascuna struttura contiene i dati di un gruppo omogeneo generale. I campi della struttura sono:

annotation che indica l'annotazione del gruppo,

pAmplitude, *pPosition*, *pDispersion*, *qrsAmplitude*, *qrsPosition*, *qrsDispersion*, *tAmplitude*, *tPosition*, *tDispersion* che contengono a loro volta dei vettori di strutture con i campi *data*, *mean*, *variance*.

In *data* è contenuta una matrice in cui nella stessa colonna è rappresentato il parametro della gaussiana (che dipende da quello che si sta considerando tra ampiezza, posizione, dispersione e dall'onda dell'ECG modellata). Al variare dell'indice di riga si considera un ciclo cardiaco differente.

I vettori *mean* e *variance* hanno lo stesso numero di colonne di *data* perché in essi sono contenuti i valori rispettivamente di media e varianza calcolati lungo le colonne della matrice *data*.

```
groupResults=[];
for k=1:length(differentChars)

    searchedGroup=differentChars(k);
    group=allHomogeneousGroups{k,2};
    fields=string(fieldnames(group));

    groupResult=struct();
    groupResult.annotation=searchedGroup;

    for j=2:length(fields)
        searchedField=fields(j);

        fieldData=[];
        for i=1:length(group)
            cycle=group(i);
            fieldData=[fieldData; (cycle.(searchedField))'];
        end

        groupResult.(searchedField).data=fieldData;
        groupResult.(searchedField).mean=mean(fieldData);
        groupResult.(searchedField).variance=var(fieldData);

    end

    groupResults=[groupResults groupResult];

end
```

La variabile *trackGroupResults* è una tabella che contiene sulla prima colonna i numeri che identificano il record e nella seconda colonna i rispettivi dati ricavati. I dati ricavati sono contenuti in una matrice: nella prima colonna è indicata l'annotazione, nella seconda colonna è contenuto il rispettivo vettore delle strutture, progettato come *groupResults*. Con questa variabile si ottengono i gruppi omogenei riferiti alle singole tracce.

```

[numberOfRows, numberOfColumns]=size(tracks_homogeneousGroups);
trackGroupResults=cell(numberOfColumns,2);
trackGroupResults{1,1}='number';
trackGroupResults{1,2}='data';

for i=2:numberOfColumns

    trackData=tracks_homogeneousGroups(:,i);
    trackNumber=trackData{1};
    trackResult=cell(0,0);

    for j=2:length(trackData)

        group=trackData{j};

        if isempty(group)~=1

            groupAnnotation=differentChars(j-1);
            fields=string(fieldnames(group));

            groupResult=struct();
            groupResult.annotation=groupAnnotation;
            for k=2:length(fields)
                searchedField=fields(k);

                fieldData=[];
                for m=1:length(group)
                    cycle=group(m);
                    fieldData=[fieldData; (cycle.(searchedField))'];
                end

                groupResult.(searchedField).data=fieldData;
                groupResult.(searchedField).mean=mean(fieldData);
                groupResult.(searchedField).variance=var(fieldData);

            end

            [trackResultRows, ~]=size(trackResult);
            trackResult{trackResultRows+1,1}=groupAnnotation;
            trackResult{trackResultRows+1,2}=groupResult;

        end
    end

    trackGroupResults{i,1}=trackNumber;
    trackGroupResults{i,2}=trackResult;
end

```

I file *groupResults.mat* e *trackGroupResults.mat* contengono, rispettivamente, le omonime variabili e sono salvati nella cartella *Risultati*.

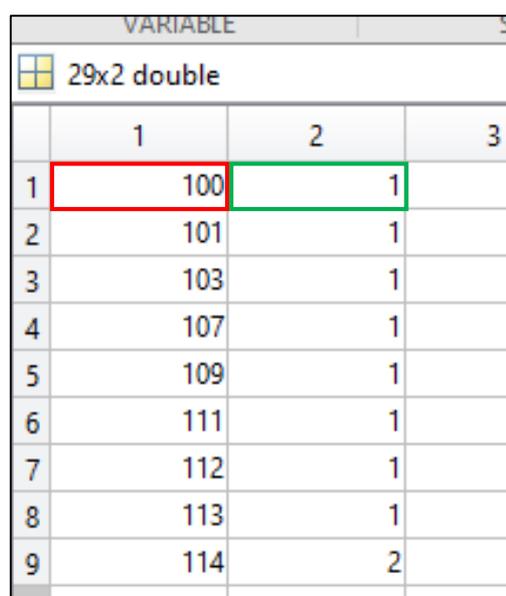
5.3 Esecuzione dello script sul MIT-BIH Arrhythmia DB

Nell'analisi oggetto dell'elaborato si utilizzano le tracce del MIT-BIH Arrhythmia DB ma lo script è progettato per funzionare automaticamente con altri database di tracce ECG. In questo paragrafo vengono presentate le variabili più importanti tra quelle generate durante l'esecuzione dello script sul MIT-BIH Arrhythmia DB.

5.3.1 suitableRecords

L'analisi degli ECG è stata condotta sulle tracce misurate con la derivazione MLII. I record del database risultati idonei, ovvero quelli contenenti tale derivazione, sono 46. Tuttavia, quelli che la versione attuale dell'algoritmo di estrazione riesce ad analizzare sono 29, per questo le tracce non attualmente analizzabili sono state eliminate manualmente dalla variabile.

Sulla prima colonna compare il numero identificativo del record mentre nella seconda colonna è riportato il canale dell'ECG che contiene la derivazione MLII (Figura 5.1).

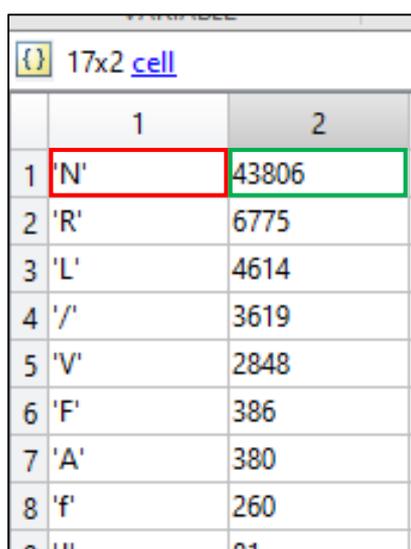


	1	2	3
1	100	1	
2	101	1	
3	103	1	
4	107	1	
5	109	1	
6	111	1	
7	112	1	
8	113	1	
9	114	2	

Figura 5.1 – Estratto della variabile suitableRecords

5.3.2 sortedAnnotationsSummary

In questa variabile nella prima colonna sono riportate le annotazioni individuate tra tutte le tracce analizzate e nella seconda colonna il numero di occorrenze (Figura 5.2). I dati sono stati ordinati in modo decrescente rispetto al numero di occorrenze. I battiti “N”, ovvero quelli normali, risultano essere i più frequenti, seguiti da i battiti “R” e “L”; per le altre annotazioni, il numero di cicli rilevati tra le tracce diminuisce sensibilmente.



	1	2
1	'N'	43806
2	'R'	6775
3	'L'	4614
4	'/'	3619
5	'V'	2848
6	'F'	386
7	'A'	380
8	'f'	260
9	'l'	91

Figura 5.2 – Estratto della variabile sortedAnnotationsSummary

5.3.3 trackGroupResults

In questa variabile nella prima colonna compare il numero identificativo del record mentre nella seconda colonna sono presenti celle che contengono tutti i dati dei gruppi omogenei riferiti alla singola traccia (Figura 5.3). All’interno della cella nella prima colonna è indicata l’annotazione del gruppo omogeneo mentre nella seconda colonna sono presenti i vettori di strutture che contengono i valori dei parametri delle gaussiane che modellano i cicli cardiaci (Figura 5.4). In ogni struttura, i campi che contengono i parametri delle gaussiane sono: *pAmplitude*, *pPosition*, *pDispersion*, *qrsAmplitude*, *qrsPosition*, *qrsDispersion*, *tAmplitude*, *tPosition*, *tDispersion* (Figura 5.5). Ciascuno contiene i campi *data*, *mean*, *variance*. Nel campo *data* c’è la matrice che contiene i valori dei parametri (Figura 5.6).

VARIABLE		
30x2 cell		
	1	2
1	'number'	'data'
2	100	3x2 cell
3	101	5x2 cell
4	103	3x2 cell
5	107	3x2 cell
6	109	3x2 cell
7	111	3x2 cell

Figura 5.3 – Estratto della variabile trackGroupResults

VARIABLE		
trackGroupResults{2, 2}		
	1	2
1	'N'	1x1 struct
2	'A'	1x1 struct
3	'V'	1x1 struct
4		

Figura 5.4 – Dati contenuti nella cella riferita al record 100

VARIABLE			CELL
trackGroupResults{2, 2}{1, 2}			
Field ▲	Value		
annotation	'N'		
pAmplitude	1x1 struct		
pPosition	1x1 struct		
pDispersion	1x1 struct		
qrsAmplitude	1x1 struct		
qrsPosition	1x1 struct		
qrsDispersion	1x1 struct		
tAmplitude	1x1 struct		
tPosition	1x1 struct		
tDispersion	1x1 struct		

Figura 5.5 – Dati del gruppo omogeneo "N" del record 100

VARIABLE		SELECTION		
trackGroupResults{2, 2}{1, 2}.pAmplitude.data				
	1	2	3	
1	0	0	0	
2	0	0	0	
3	-24.1820	69.6531	0	
4	-24.2799	86.3440	0	
5	86.3612	-26.9060	0	
6	-20.1649	78.9500	0	
7	24.7259	85.0888	0	
8	44.2004	133.1500	0	
9	-27.8039	90.2818	0	
10	81.2262	-16.5846	0	
11	19.0722	82.2459	0	
12	19.6981	90.4938	0	

Figura 5.6 – Valori dei parametri pAmplitude per il gruppo omogeneo “N” del record 100

5.3.4 groupResults

Questa variabile consiste in un vettore di strutture che raccoglie tutti i gruppi omogenei generali (Figura 5.7). Ogni struttura è riferita ad un gruppo, visibile nel campo *annotation*.

In ogni struttura, i campi che contengono i parametri delle gaussiane sono: *pAmplitude*, *pPosition*, *pDispersion*, *qrsAmplitude*, *qrsPosition*, *qrsDispersion*, *tAmplitude*, *tPosition*, *tDispersion*. Ciascuno, al suo interno, è progettato come lo stesso campo che si trova nei gruppi omogenei riferiti alla singola traccia: sono presenti *data*, *mean* e *variance*.

Fields	annotation	pAmplitude	pPosition	pDispersion	qrsAmplitude	qrsPosition	qrsDispersion	tAmplitude	tPosition	tDispersion
1	'N'	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct
2	'A'	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct
3	'V'	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct
4	'I'	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct
5	'~'	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct
6	'Q'	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct
7	'+'	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct
8	'/'	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct
9	'L'	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct
10	'F'	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct
11	'a'	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct
12	'J'	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct
13	'R'	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct
14	'j'	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct
15	'P'	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct
16	''''	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct
17	'e'	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct	1x1 struct
18										

Figura 5.7 – Tabella dei gruppi omogenei generali

CAPITOLO 6

ANALISI DEI GRUPPI OMOGENEI

Per capire che relazione ci sia tra le condizioni rilevate dall'annotazione del cardiologo e i valori dei parametri delle gaussiane è stato necessario estrarre i parametri dalle tracce ECG, associarli alle annotazioni mediche e raggruppare i dati con annotazione uguale, creando i gruppi omogenei. In questo capitolo verrà analizzata l'esistenza di questa relazione data la sua utilità nel permettere la classificazione e la descrizione di anomalie dovute a vari stati patologici.

6.1 Scelta dei gruppi omogenei valutati

La lista delle diverse annotazioni trovate all'interno del database è contenuta nella variabile *differentChars*, come visto nel capitolo 5. Queste annotazioni sono rappresentative dei gruppi omogenei costruiti durante l'esecuzione dello script. Tra i vari gruppi, si è scelto di valutare:

- N → Battito normale (indicato anche con •); 43806 cicli cardiaci in totale nel DB
- R → Battito con blocco di branca destra; 6775 cicli cardiaci in totale nel DB
- L → Battito con blocco di branca sinistra; 4614 cicli cardiaci in totale nel DB

Il blocco di branca destra e il blocco di branca sinistra sono anomalie del sistema di conduzione elettrica del cuore, in particolare del fascio di His, diagnosticabili tramite ECG perché provocano la deformazione delle onde S e T del tracciato e, in alcuni casi, un allargamento del complesso QRS (Figura 6.1).

Attraverso il confronto dei dati appartenenti ai gruppi “N”, “R” e “L” omogenei generali ed omogenei riferiti alla singola traccia ECG, si vuole verificare, nei successivi paragrafi, la relazione che sussiste tra l’annotazione e i valori dei parametri.

I motivi che hanno portato alla scelta di analizzare questi gruppi sono:

→ l’elevato numero di cicli cardiaci nei gruppi “R” e “L” (Figura 5.2), rispetto ai gruppi rimanenti rappresentativi di anomalie, che con sostanziose quantità di dati garantiscono un’analisi più accurata e affidabile.

→ sapere che le anomalie “R” e “L” vengono riflesse sulla forma dell’ECG; questo pone delle buone basi per supporre che i parametri delle gaussiane si differenziano in base al gruppo di appartenenza.

→ avere un riferimento per le analisi; “N” fornisce i valori relativi a cicli cardiaci fisiologici e rispetto a questi vengono valutati i valori associati ad anomalie

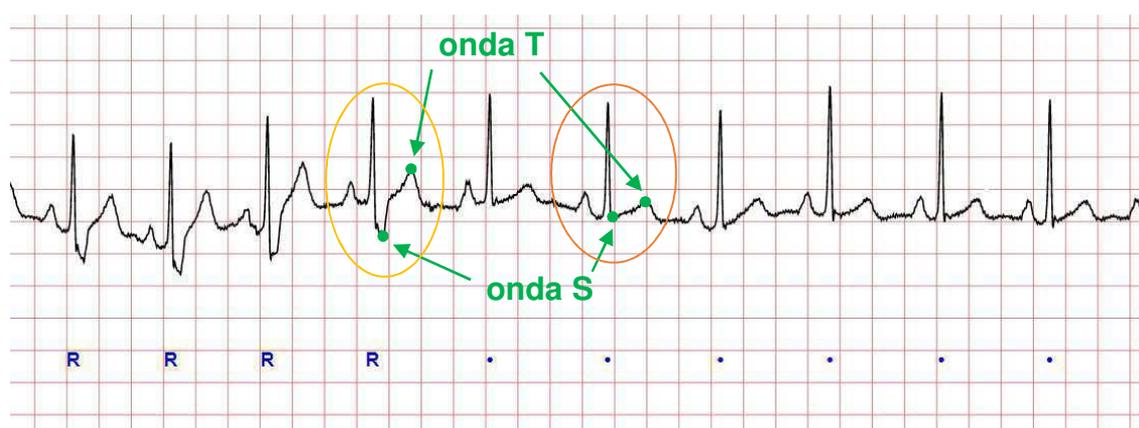


Figura 6.1 – Esempio di tracciato ECG: differenze tra battiti normali e battiti con blocco di branca destra

Confrontare i dati significa valutare le tre dimensioni a disposizione: ampiezza, posizione e dispersione di ogni gaussiana. Per studiarle si utilizzano tre diversi “scatter plot” nel quale ascissa e ordinata sono, rispettivamente: posizione-ampiezza, posizione-dispersione, ampiezza-dispersione. Ogni punto ascissa-ordinata nel grafico corrisponde ad una coppia di parametri: questi due valori appartengono alla medesima gaussiana.

Nei grafici con il parametro posizione in ascissa è permesso di inserire, contemporaneamente, le ampiezze (o dispersioni) di tutte le gaussiane del ciclo cardiaco perché le onde dell’ECG sono differenziate nel tempo.

6.2 Gruppi omogenei riferiti alla singola traccia ECG

Per scegliere su quale traccia studiare i gruppi omogenei precedentemente selezionati si è fatto riferimento alla variabile *tracks_homogeneousGroups* (Figura 6.2), che si presenta come una tabella a doppia entrata: annotazioni sulle righe, numero del record sulle colonne. Una casella della tabella situata alla riga *i* e colonna *j*, segnala il numero di cicli cardiaci con l'annotazione corrispondente alla riga *i* e appartenenti al record in colonna *j*.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1 []	100	101	103	107	109	111	112	113	
2 'N'	1x2238 struct	1x1857 struct	1x2080 struct	[]	[]	[]	1x2536 struct	1x1789	
3 'A'	1x33 struct	1x3 struct	1x2 struct	[]	[]	[]	1x2 struct	[]	
4 'V'	1x1 struct	[]	[]	1x58 struct	1x34 struct	1x1 struct	[]	[]	
5 'I'	[]	1x3 struct	[]	[]	[]	[]	[]	[]	
6 '~'	[]	1x2 struct	[]	[]	[]	[]	[]	[]	
7 'Q'	[]	1x1 struct	[]	[]	[]	[]	[]	[]	
8 '+'	[]	[]	1x1 struct	1x1 struct	[]	1x1 struct	[]	[]	
9 '/'	[]	[]	[]	1x2077 struct	[]	[]	[]	[]	
10 'L'	[]	[]	[]	[]	1x2491 struct	1x2123 struct	[]	[]	
11 'F'	[]	[]	[]	[]	1x2 struct	[]	[]	[]	
12 'a'	[]	[]	[]	[]	[]	[]	[]	1x6 stru	
13 'J'	[]	[]	[]	[]	[]	[]	[]	[]	
14 'R'	[]	[]	[]	[]	[]	[]	[]	[]	
15 'j'	[]	[]	[]	[]	[]	[]	[]	[]	
16 'f'	[]	[]	[]	[]	[]	[]	[]	[]	
17 '""'	[]	[]	[]	[]	[]	[]	[]	[]	
18 'e'	[]	[]	[]	[]	[]	[]	[]	[]	
19									
20									

Figura 6.2 – Estratto della variabile *tracks_homogeneousGroups*

Osservando per intero la variabile si nota che nessuna traccia, tra le 29 disponibili, presenta contemporaneamente cicli di tipo “N”, “R” e “L” oppure contemporaneamente soltanto “N” e “L”. Le uniche tracce che presentano simultaneamente due dei tre gruppi considerati sono la traccia 212 e la traccia 231 con i gruppi “N” e “R”.

6.2.1 Traccia 212

La traccia 212 ha 922 cicli tipo “N” e 1825 cicli tipo “R”. Osservando il grafico posizione-ampiezza dei cicli “N” (Figura 6.3a) e dei cicli “R” (Figura 6.3b) si notano dei cluster.

Come detto nel capitolo 4, i cicli cardiaci sono allineati sulla posizione 0 che corrisponde al picco R. Per questo motivo i cluster posizionati in prossimità dell'origine delle ascisse sono riferiti al complesso QRS mentre i cluster sulle ascisse negative e positive sono riferiti, rispettivamente, alle onde P e T.

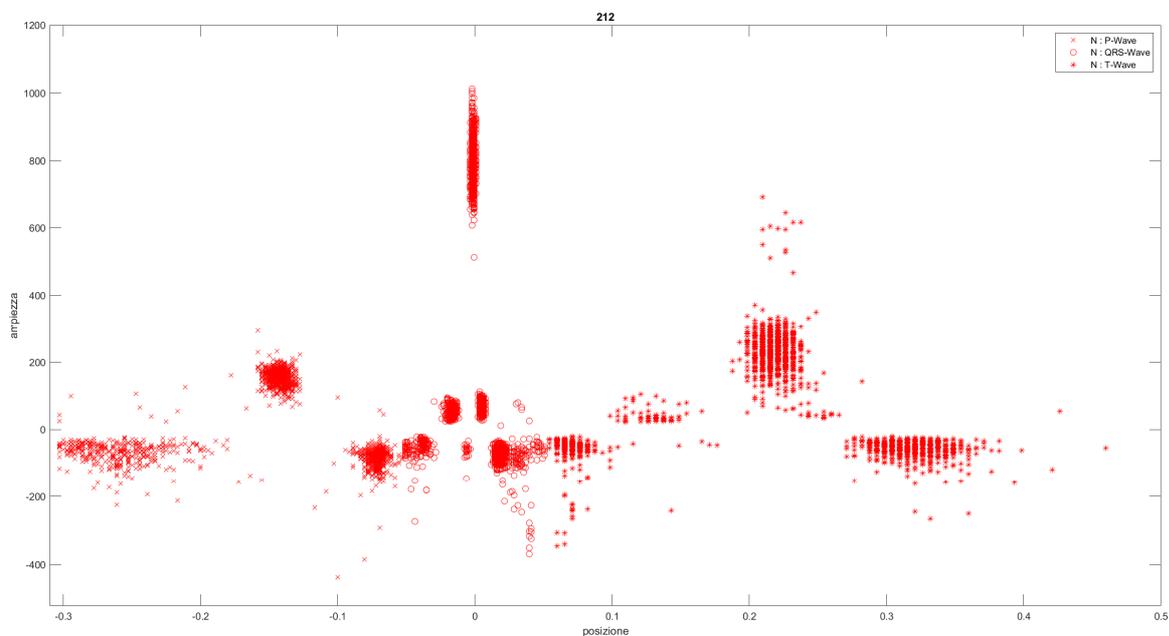


Figura 6.3a – Grafico posizione-ampiezza per i cicli tipo N della traccia 212

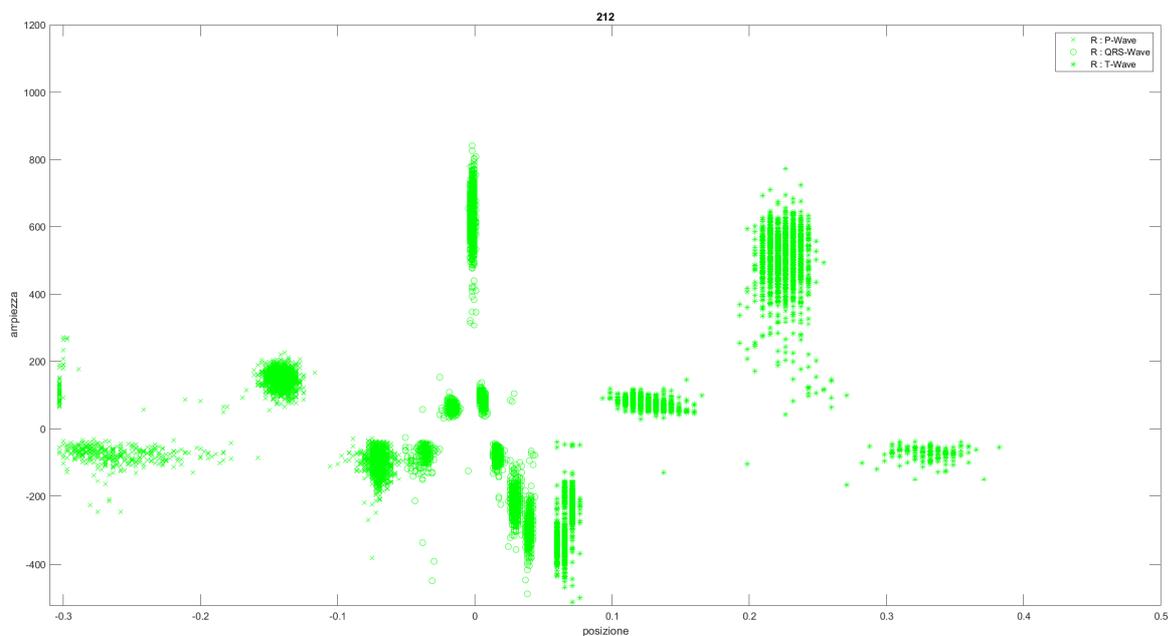


Figura 6.3b – Grafico posizione-ampiezza per i cicli tipo R della traccia 212

Considerando il cluster associato al picco R, prossimo all'origine delle ascisse si nota una sensibile variazione tra i due gruppi omogenei: per le ampiezze si passa da un intervallo compreso tra circa 600 e 1000 per cicli di tipo "N" ad uno compreso tra 500 e 800 per cicli di tipo "R". Per l'onda T ci sono due cluster che si discostano tra i due gruppi omogenei: lo si nota osservando il grafico posizione-ampiezza ottenuto dalla sovrapposizione dei cicli "N" e "R" (Figura 6.3c). Anche per l'onda S si notano simili variazioni.

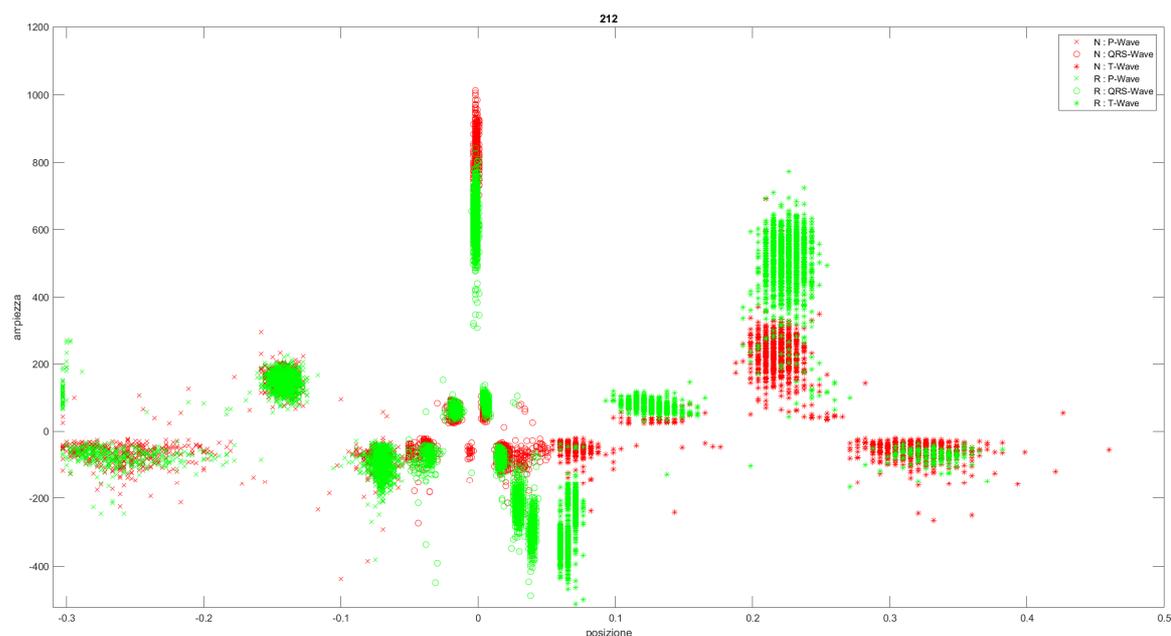


Figura 6.3c – Grafico posizione-ampiezza per i cicli tipo N e R della traccia 212

Il grafico ottenuto dalla sovrapposizione dei grafici posizione-dispersione con soli cicli "N" (Figura 6.4a) e con soli cicli "R" (Figura 6.4b), invece, non mostra differenze apprezzabili tra i due gruppi (Figura 6.4c).

Rimane da confrontare i dati nel grafico ampiezza-dispersione: il grafico con soli cicli "N" (Figura 6.5a) sovrapposto al grafico con soli cicli "R" (Figura 6.5b) torna ad evidenziare delle differenze tra i cluster dei due gruppi (Figura 6.5c). In particolare sono evidenti dei cluster corrispondenti a picchi positivi "stretti" (dispersione < 0.01, quindi il picco del complesso QRS) con ampiezza mediamente > 800 per i cicli "N", contro un valore medio di circa 650 per i cicli "R". Nella zona ad ampiezza circa -300 e dispersione < 0.02 e nella zona ad ampiezza circa 500 e dispersione > 0.03 compaiono dei cluster per i cicli "R" e non per i cicli "N". Nel primo caso si tratta dell'onda S, nel secondo dell'onda T: a parità di dispersione i nei cicli "R" risultano avere un'ampiezza maggiore.

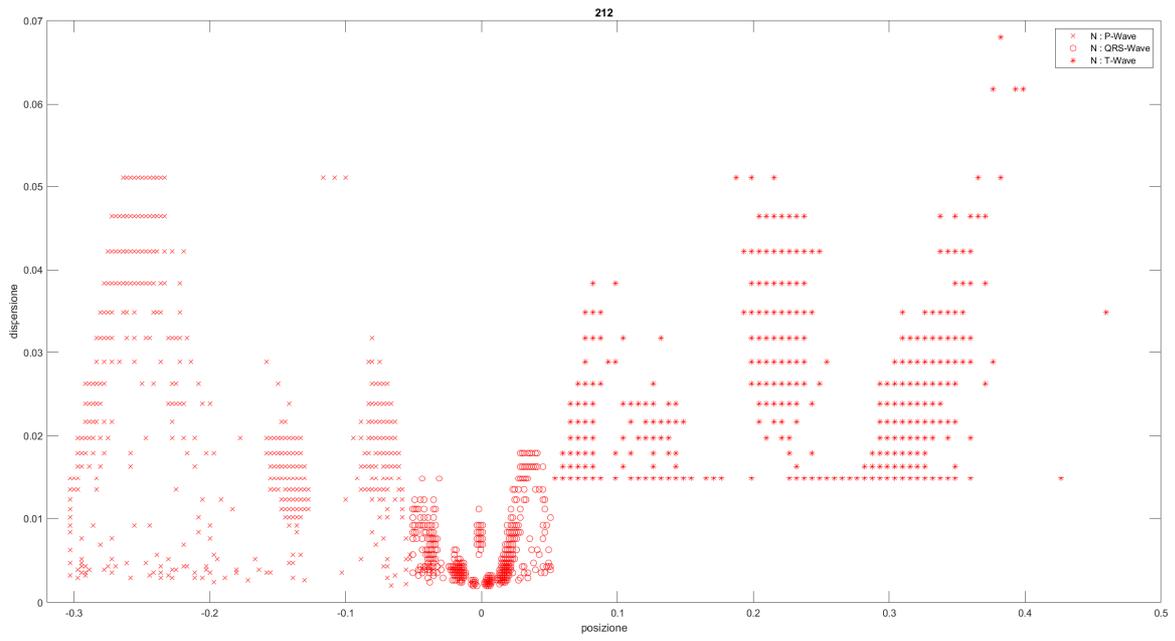


Figura 6.4a – Grafico posizione-dispersione per i cicli tipo N della traccia 212

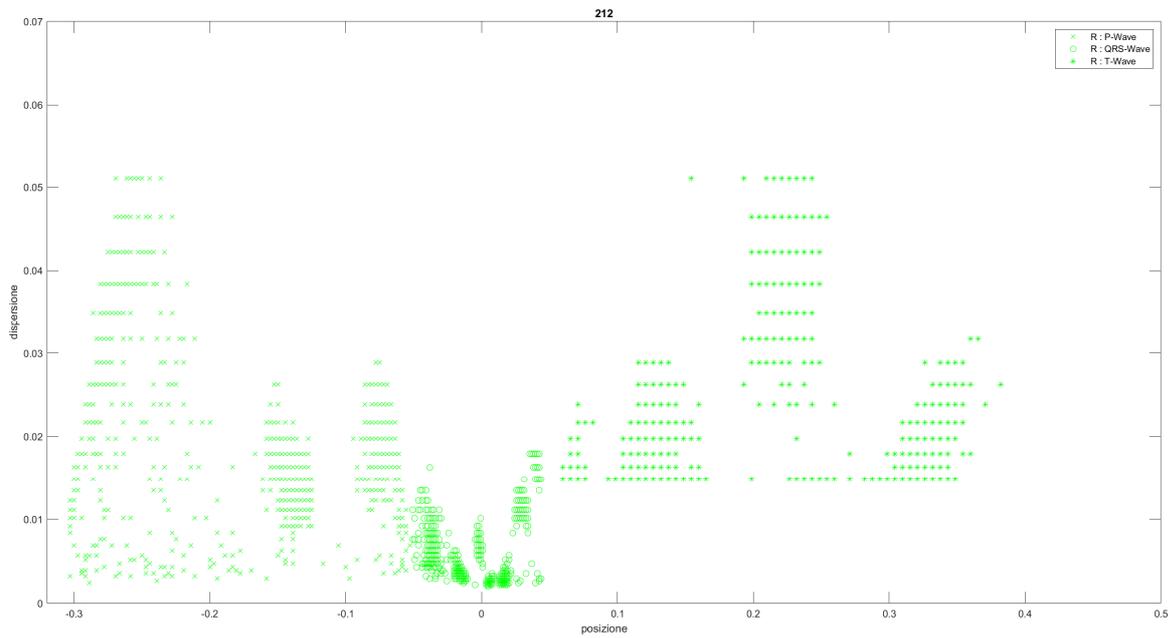


Figura 6.4b – Grafico posizione-dispersione per i cicli tipo R della traccia 212

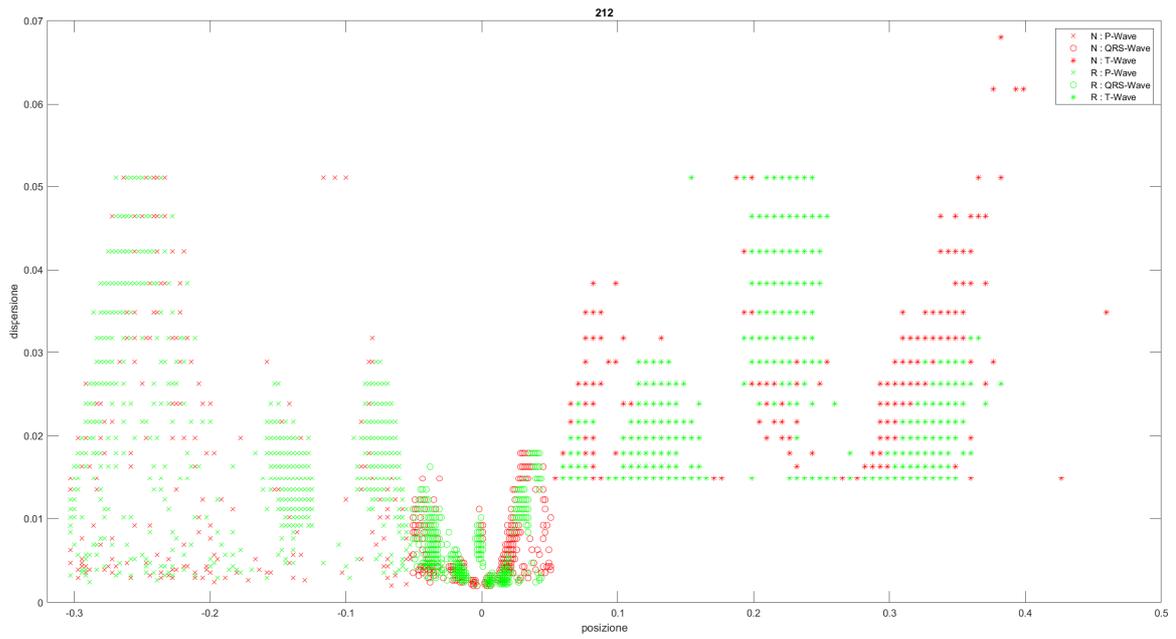


Figura 6.4c – Grafico posizione-dispersione per i cicli tipo N e R della traccia 212

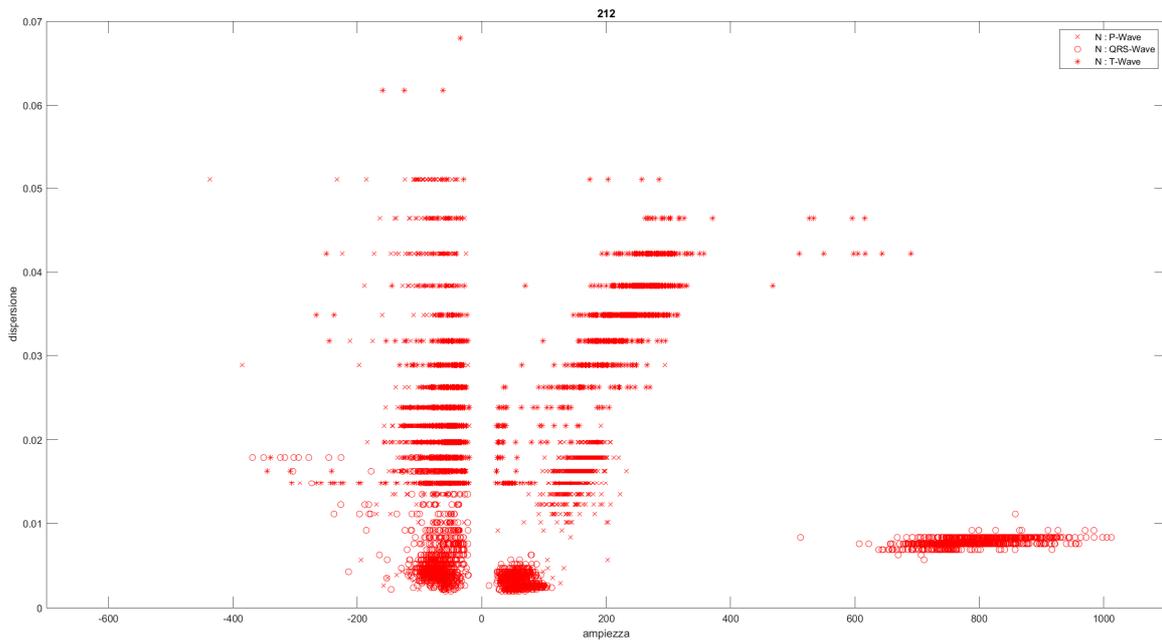


Figura 6.5a – Grafico ampiezza-dispersione per i cicli tipo N della traccia 212

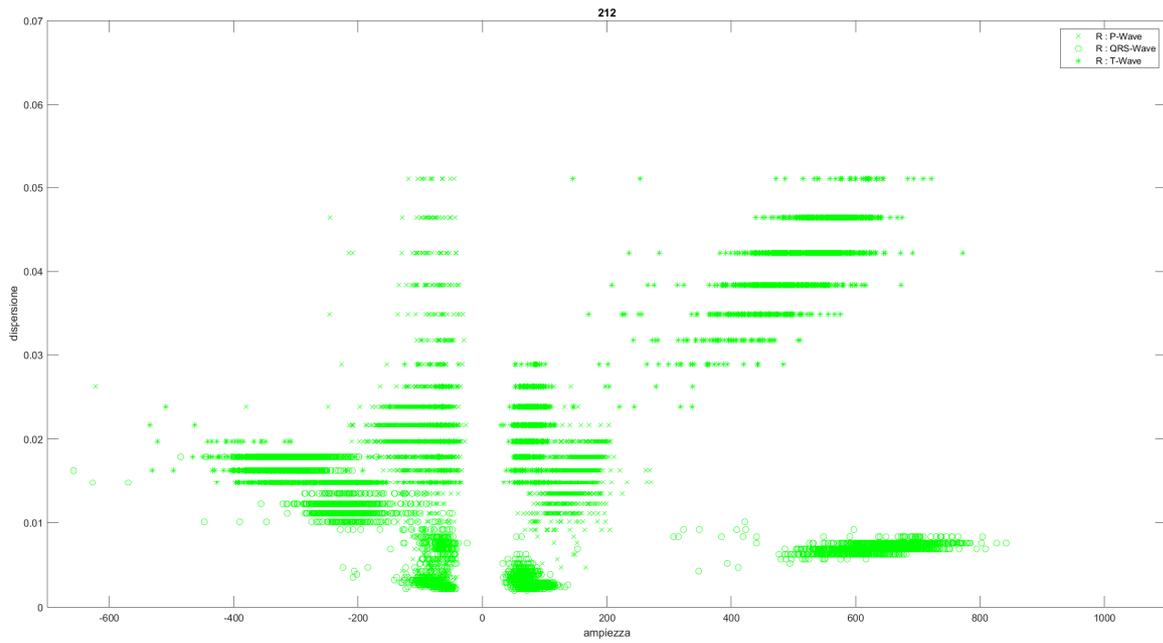


Figura 6.5b – Grafico ampiezza-dispersione per i cicli tipo R della traccia 212

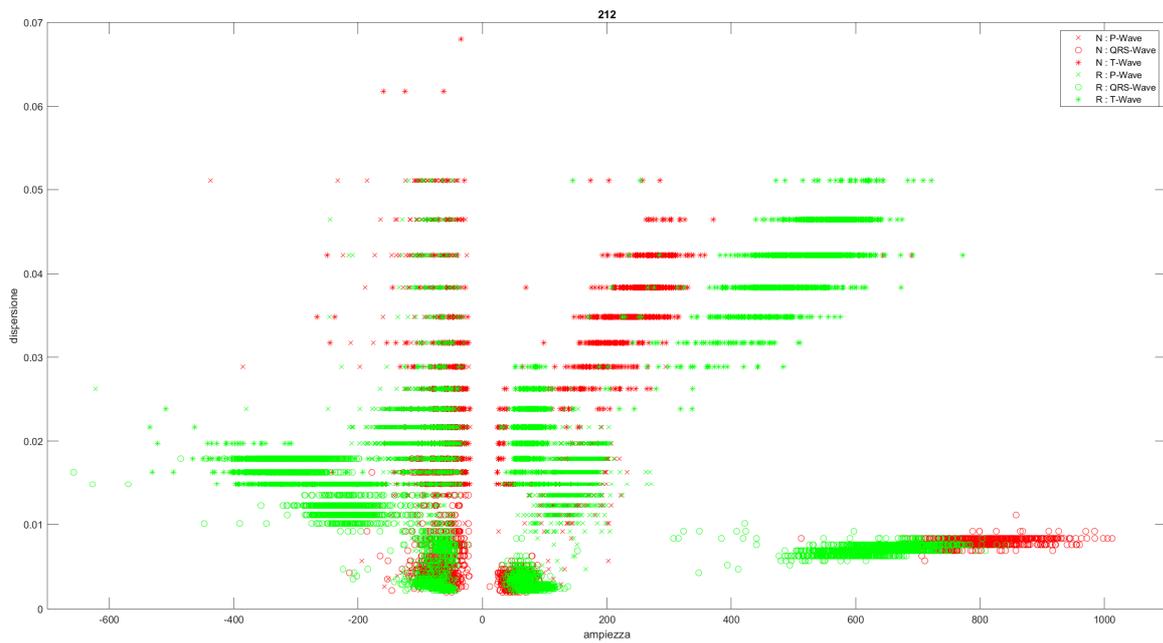


Figura 6.5c – Grafico ampiezza-dispersione per i cicli tipo N e R della traccia 212

6.2.1 Traccia 231

La traccia 231 ha 314 cicli tipo "N" e 1254 cicli tipo "R". Facendo le medesime analisi viene confermato che questi due gruppi omogenei, a livello del singolo paziente, sono ben separabili, specialmente per quanto riguarda l'onda T.

Il grafico posizione-ampiezza (Figura 6.6a) mostra il cluster del picco del complesso QRS diminuire il proprio valor medio da circa 875 per i cicli "N" a 700 per i cicli "R". Il cluster dell'onda T, circa a parità di ampiezze, si sposta dalla posizione 0.4 per i cicli "N" alla posizione 0.35 per i cicli "R". Infine l'onda S diventa più pronunciata nei cicli "R": intorno alla posizione 0.05 compaiono due cluster di ampiezza compresa tra 100 e 500.

Il grafico posizione-dispersione (Figura 6.6b) anche questa volta non evidenzia ulteriori differenze tra i due gruppi.

Nel grafico ampiezza-dispersione (Figura 6.6c), con riferimento all'onda T, si nota una differenza tra i gruppi "R" e "N" che si discosta da quella presente nella traccia 212. Questa volta, a sostanziale parità di ampiezza nei cicli "R" e "N", tendono ad avere dispersione maggiore nel caso "R". Si può ipotizzare un effetto comune per entrambe le tracce, ovvero che il tipo "R" cambi l'area dell'onda T. Della traccia 212 restano invece invariate le considerazioni sull'onda S e il picco R del complesso QRS.

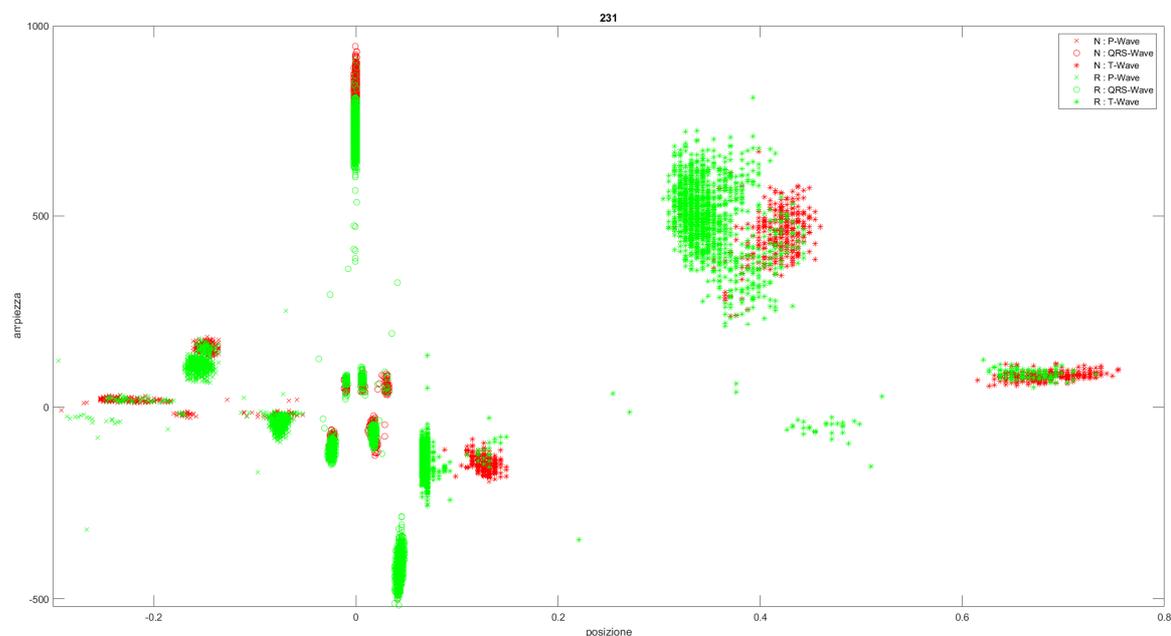


Figura 6.6a – Grafico posizione-ampiezza per i cicli tipo N e R della traccia 231

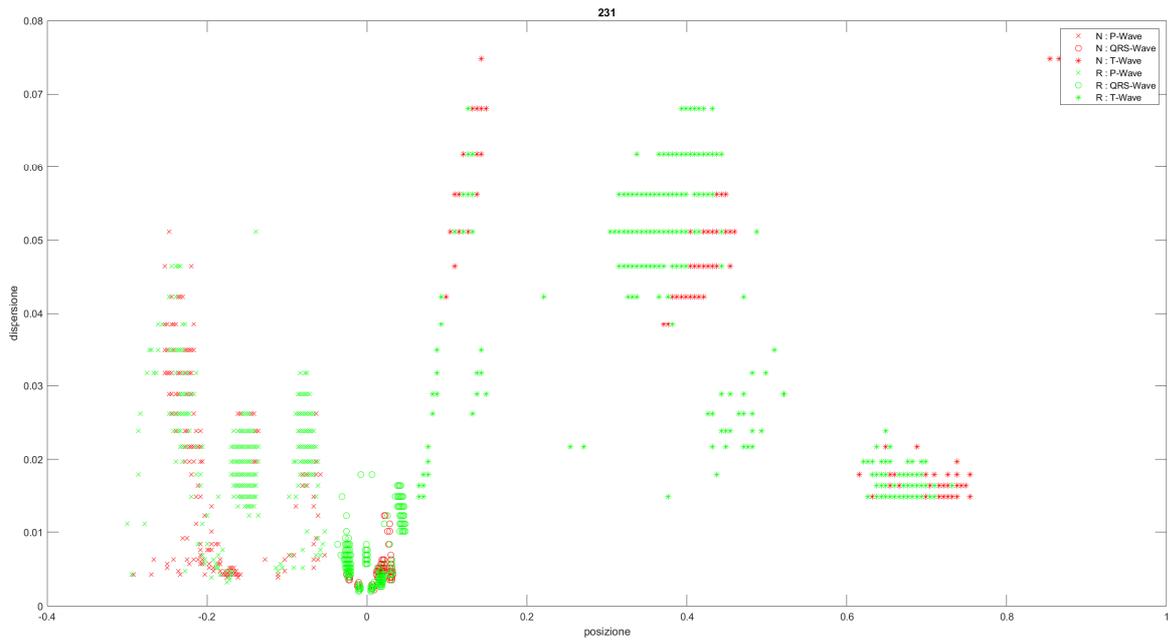


Figura 6.6b – Grafico posizione-dispersione per i cicli tipo N e R della traccia 231

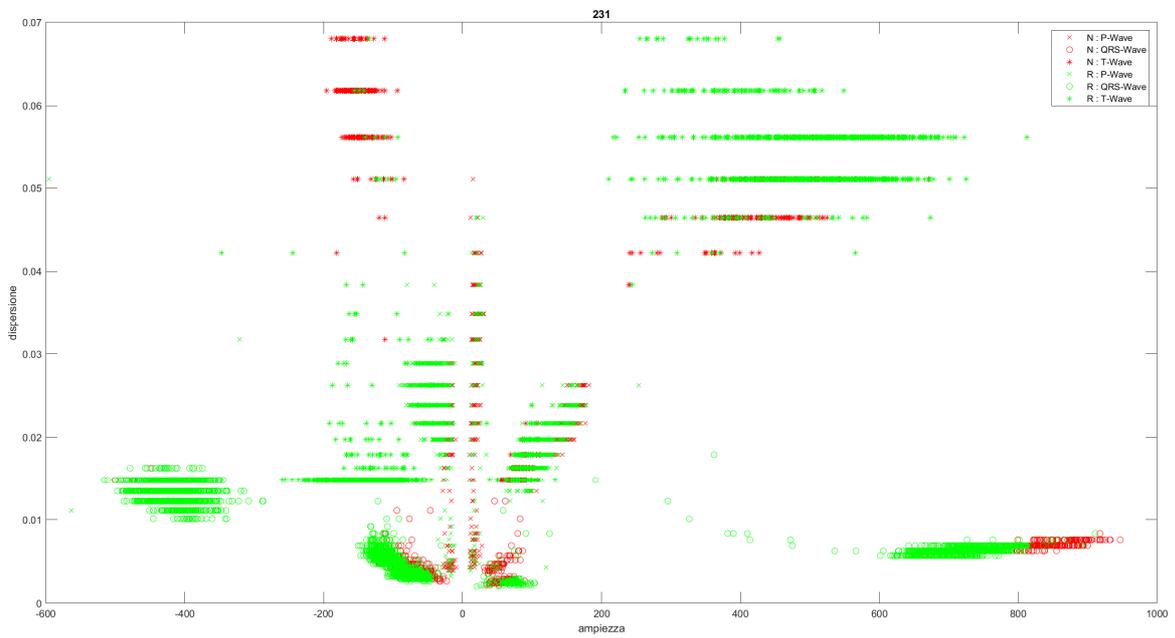


Figura 6.6c – Grafico ampiezza-dispersione per i cicli tipo N e R della traccia 231

6.3 Gruppi omogenei generali

Avendo concluso che, considerato lo stesso paziente, le tipologie “N” e “R” sono tra loro separabili, rimane da verificare se questa relazione è valida anche per i gruppi omogenei generali. Questa volta si può analizzare anche il tipo “L” non avendo restrizioni sulla traccia di provenienza dei cicli cardiaci. Nei gruppi omogenei generali si contano circa 43000 cicli tipo “N”, 6700 cicli “R” e 4600 cicli “L” (Figura 5.2).

In primo luogo si considera il grafico posizione-ampiezza per il tipo “N” (Figura 6.7a). I punti del grafico non descrivono dei cluster definiti, risultando molto dispersi: cicli cardiaci appartenenti allo stesso gruppo, per esempio “N”, ma non appartenenti alla stessa traccia hanno parametri molto diversi: questo dimostra la necessità di adottare qualche criterio di normalizzazione dei dati.

La variabilità dei dati all’interno di uno stesso gruppo è attribuibile a diverse cause: dalla posizione leggermente diversa del cuore all’interno del soggetto, alla posizione degli elettrodi utilizzati per la misura nonostante quest’ultima sia altamente riproducibile.

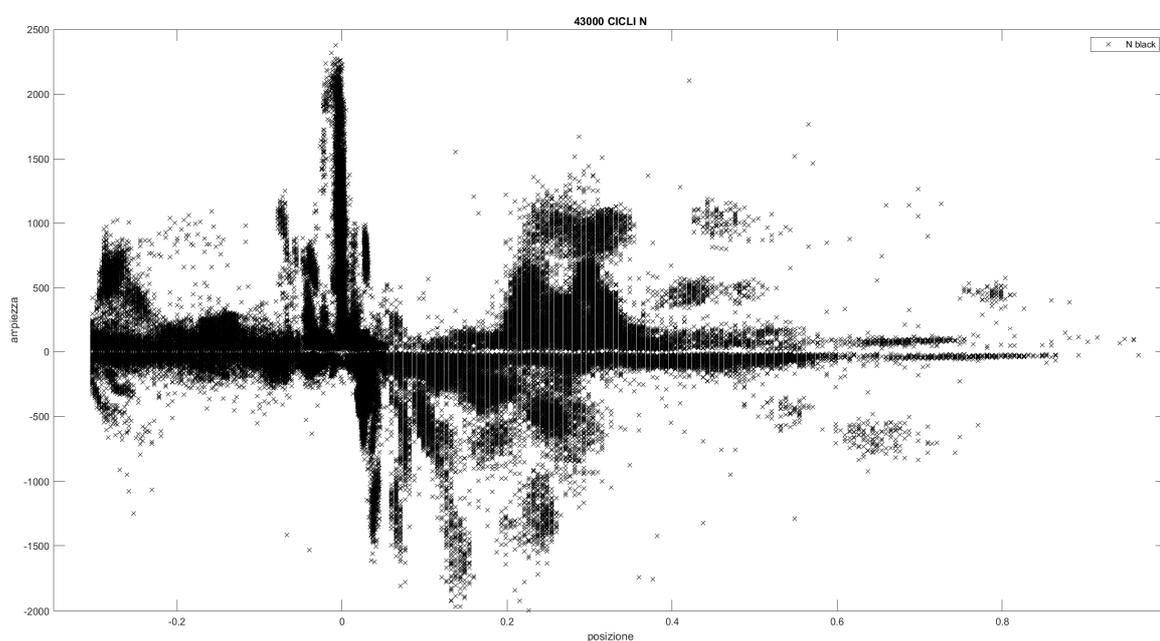


Figura 6.7a – Grafico posizione-ampiezza per il gruppo omogeneo generale N

Aggiungendo alla rappresentazione dei dati “N” quelli relativi ai tipi “R” e “L” (Figura 6.7b), diventa evidente che non è opportuno mescolare tra loro cicli provenienti da tracce diverse: le aree rosse e verdi sono quasi sempre sovrapponibili alle zone nere. La variabilità

interpersonale è ampia al punto da non permettere di discriminare, in generale, i casi con blocco di branca destra/sinistra da quelli normali.

La stessa situazione si verifica nel grafico posizione-dispersione (Figura 6.8) e nel grafico ampiezza-dispersione (Figura 6.9): non è possibile distinguere i battiti anomali da "N".

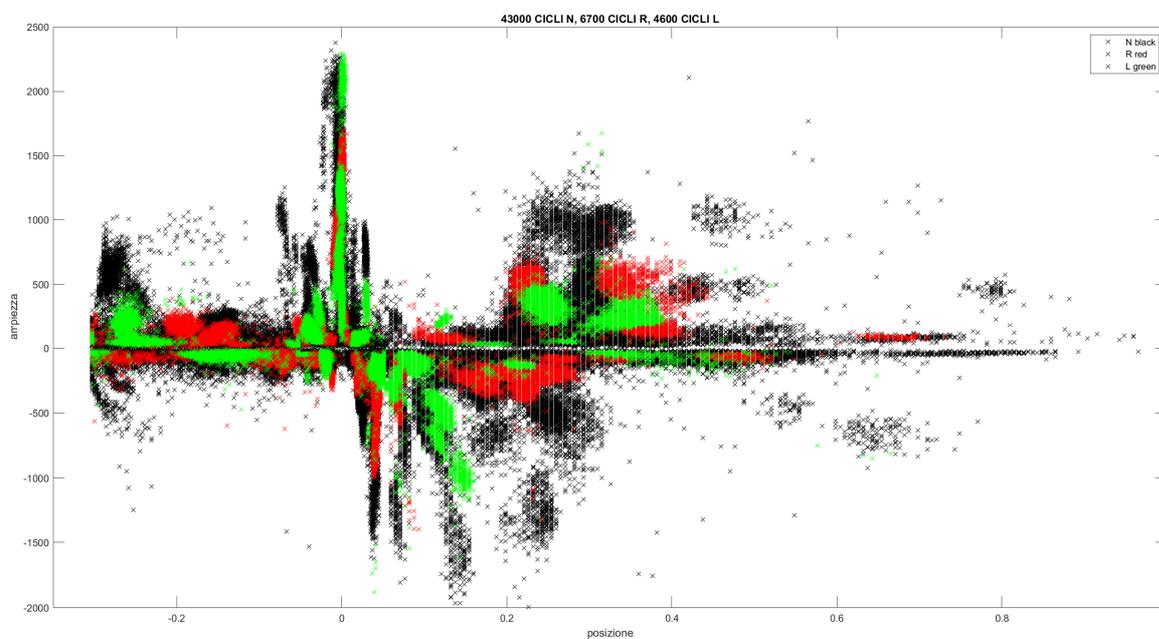


Figura 6.7b – Grafico posizione-ampiezza per i gruppi omogenei generali N, R e L

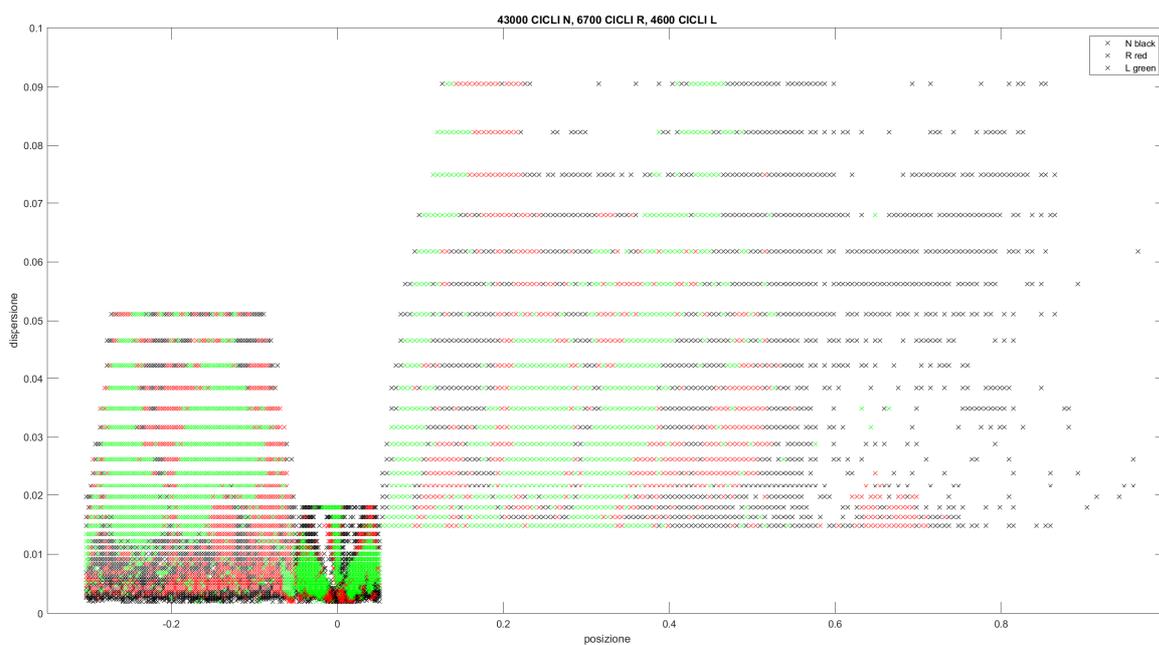


Figura 6.8 – Grafico posizione-dispersione per i gruppi omogenei generali N, R e L

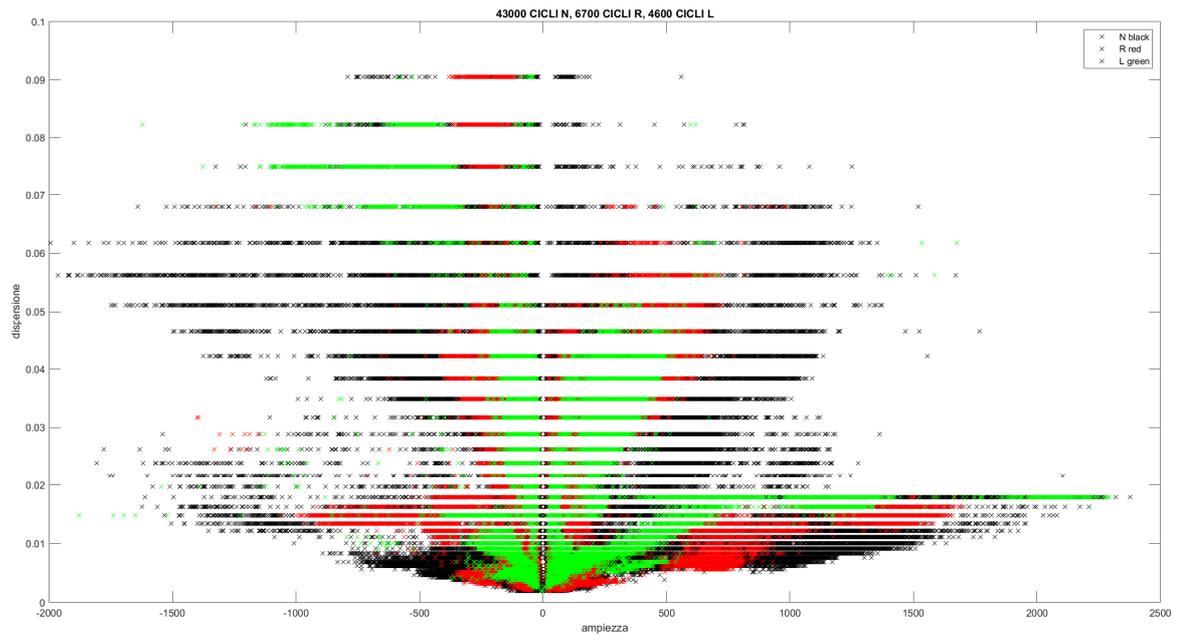


Figura 6.9 – Grafico ampiezza-disposizione per i gruppi omogenei generali N, R e L

CONCLUSIONI

Si è partiti da un algoritmo per l'estrazione di features elettrocardiografiche fondato su un modello gaussiano della traccia ECG e, successivamente, è stato effettuato il raggruppamento dei parametri estratti in base alle diagnosi mediche a disposizione. Questa procedura di estrazione e organizzazione dei dati ha consentito di verificare, attraverso un "clustering manuale", che le features estratte sono una buona base di partenza per poter applicare dei classificatori di machine learning, ad esempio support vector machine, piuttosto che algoritmi di deep learning. È importante ricordare che le features considerate sono di tipo morfologico, ovvero evidenziano solamente le variazioni di forma dell'ECG; per questo motivo consentono di classificare l'anomalia, ma non di stabilire le ripercussioni in termini funzionali, che rimane una valutazione del cardiologo.

I risultati ottenuti con lo studio dei grafici delle tracce 212 e 231 mostra la possibilità di individuare features morfologiche caratteristiche per un tipo di anomalia mentre la variabilità interpersonale non permette di giungere alle stesse conclusioni, ma solamente di ipotizzare la necessità di normalizzare i dati con qualche criterio.

L'intera analisi è stata svolta su tracce che presentano patologie classificabili come aritmie. Esistono, tuttavia, database di tracce elettrocardiografiche che presentano altri disturbi come ischemie, fibrillazioni atriali, pregressi infarti miocardici e ipertrofie. Con lo stesso metodo si può analizzare i parametri delle gaussiane che descrivono questi tracciati ECG: quello che si ottiene è da scoprire e fa parte di possibili prospettive future.

BIBLIOGRAFIA

[1] Goldberger AL, Amaral LAN, Glass L, Hausdorff JM, Ivanov PCh, Mark RG, Mietus JE, Moody GB, Peng C-K, Stanley HE, “*PhysioBank, PhysioToolkit, and PhysioNet: Components of a New Research Resource for Complex Physiologic Signals*”, *Circulation* 101(23):e215-e220 [Circulation Electronic Pages], 2000 (June 13).

[2] Moody GB, Mark RG, “*The impact of the MIT-BIH Arrhythmia Database*”, *IEEE Eng in Med and Biol* 20(3):45-50, May-June 2001, (PMID: 11446209).

[3] Mark RG, Schluter PS, Moody GB, Devlin PH, Chernoff D., “*An annotated ECG database for evaluating arrhythmia detectors*”, *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 29(8):600, 1982.

[4] G. Da Poian, R. Bernardini, R. Rinaldo, “*Gaussian dictionary for Compressive Sensing of the ECG Signal*”, *IEEE Workshop on Biometric Measurements and Systems for Security and Medical Applications (BIOMS) Proceedings*, pp. 80-85, 2014.

[5] E. K. Roonizi, R. Sameni, “*Morphological modelling of cardiac signals based on signal decomposition*” *Computers in biology and medicine*, 43, pp. 1453-1461, 2013.

[6] I. Silvia, G. Moody, “*An Open-source Toolbox for Analysing and Processing PhysioNet Databases in MATLAB and Octave*” *Journal of Open Research Software* 2(1):e27, 2014 (September 24).

[7] Silverthorn D., “*Fisiologia umana. Un approccio integrato*”, Milano, Pearson, pp. 432-438, 2017, 7^a edizione, B. Colombini, C. Perego, S. Rufini.

[8] I. Silva, “*rdann function*”, *WFDB Toolbox*, v2.1, 2013.

[8] I. Silva, “*wfdb2mat function*”, *WFDB Toolbox*, v0.1, 2014.

INDICE DELLE FIGURE

Fig. 1.1 – Triangolo di Einthoven	8
Fig. 1.2 – Onde e segmenti dell’ECG.....	9
Fig. 1.3 – Eventi elettrici del ciclo cardiaco.....	11
Fig. 1.4 – Sistema di conduzione elettrica del cuore.....	12
Fig. 1.5 – Elettrodi del torace nell’ECG a 12 derivazioni.....	14
Fig. 1.6 – Elettrodi degli arti nell’ECG a 12 derivazioni.....	14
Fig. 2.1 – Pannello “Choose input” di LightWAVE	18
Fig. 2.2 – Pannello “View/edit” di LightWAVE.....	18
Fig. 2.3 – Pannello di controllo di PhysioBankATM	20
Fig. 2.4 – Esempio di output di “Plot waveforms”.....	21
Fig. 2.5 – Esempio di output di “Export signals as .mat”	21
Fig. 4.1 – Effetto di ciascun parametro sulla funzione gaussiana.....	29
Fig. 4.2 – Paragone tra campioni del segnale e modello gaussiano della traccia	30
Fig. 4.3 – Gaussiane per ogni onda dell’ECG	30
Fig. 5.1 – Estratto della variabile suitableRecords.....	46
Fig. 5.2 – Estratto della variabile sortedAnnotationsSummary.....	47
Fig. 5.3 – Estratto della variabile trackGroupResults	48
Fig. 5.4 – Dati contenuti nella cella riferita al record 100	48

Fig. 5.5 – Dati del gruppo omogeneo “N” del record 100	48
Fig. 5.6 – Valori dei parametri pAmplitude per il gruppo “N” del record 100	49
Fig. 5.7 – Tabella dei gruppi omogenei generali.....	49
Fig. 6.1 – Esempio di tracciato ECG: differenze tra battiti normali e battiti con blocco di branca destra	52
Fig. 6.2 – Estratto della variabile tracks_homogeneousGroups.....	53
Fig. 6.3a – Grafico posizione-ampiezza per i cicli tipo N della traccia 212.....	54
Fig. 6.3b – Grafico posizione-ampiezza per i cicli tipo R della traccia 212	54
Fig. 6.3c – Grafico posizione-ampiezza per i cicli tipo N e R della traccia 212	55
Fig. 6.4a – Grafico posizione-dispersione per i cicli tipo N della traccia 212	56
Fig. 6.4b – Grafico posizione-dispersione per i cicli tipo R della traccia 212	56
Fig. 6.4c – Grafico posizione-dispersione per i cicli tipo N e R della traccia 212.....	57
Fig. 6.5a – Grafico ampiezza-dispersione per i cicli tipo N della traccia 212	57
Fig. 6.5b – Grafico ampiezza-dispersione per i cicli tipo R della traccia 212.....	58
Fig. 6.5c – Grafico ampiezza-dispersione per i cicli tipo N e R della traccia 212.....	58
Fig. 6.6a – Grafico posizione-ampiezza per i cicli tipo N e R della traccia 231.....	59
Fig. 6.6b – Grafico posizione-dispersione per i cicli tipo N e R della traccia 231	60
Fig. 6.6c – Grafico ampiezza-dispersione per i cicli tipo N e R della traccia 231.....	60
Fig. 6.7a – Grafico posizione-ampiezza per il gruppo omogeneo generale N.....	61
Fig. 6.7b – Grafico posizione-ampiezza per i gruppi omogenei generali N, R e L	62
Fig. 6.8 – Grafico posizione-dispersione per i gruppi omogenei generali N, R e L.....	62
Fig. 6.9 – Grafico ampiezza-dispersione per i gruppi omogenei generali N, R e L	63

