

РАЗРАБОТКА ПОДСИСТЕМЫ СТРУКТУРНОЙ ИДЕНТИФИКАЦИИ СИГНАЛОВ В КАРДИОЛОГИЧЕСКИХ СИСТЕМАХ

к.т.н. А.Е. Филатова
(представил д.т.н., проф. В.М. Михайлов)

Рассмотрено создание подсистемы структурной идентификации биомедицинских сигналов, являющейся составной частью общей кардиологической системы.

Одним из видов биомедицинской информации, регистрируемой в виде кривых, являются биомедицинские сигналы, связанные с циклической работой сердечно-сосудистой системы. Для автоматизации процесса сбора и обработки такой информации служат кардиологические системы, обобщенная схема которой представлена на рис. 1.

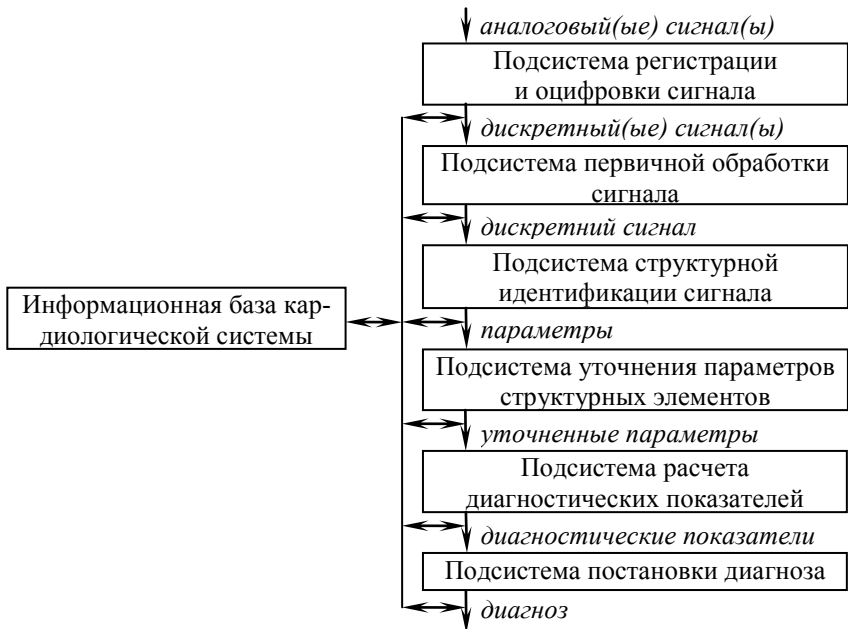


Рис. 1. Структурная схема кардиологической системы

При постановке задачи в [1, 2] было отмечено, что задачу структурной идентификации биомедицинских сигналов необходимо рассматривать с позиции теории распознавания образов. Любая система распознавания образов имеет режимы обучения (или самообучения) и распозна-

вания. Следовательно, и подсистема структурной идентификации должна иметь указанные режимы. Таким образом, под режимом обучения (или самообучения) будем понимать настройку параметров подсистемы, а под режимом распознавания – собственно процесс структурной идентификации заданного биомедицинского сигнала (рис. 2).

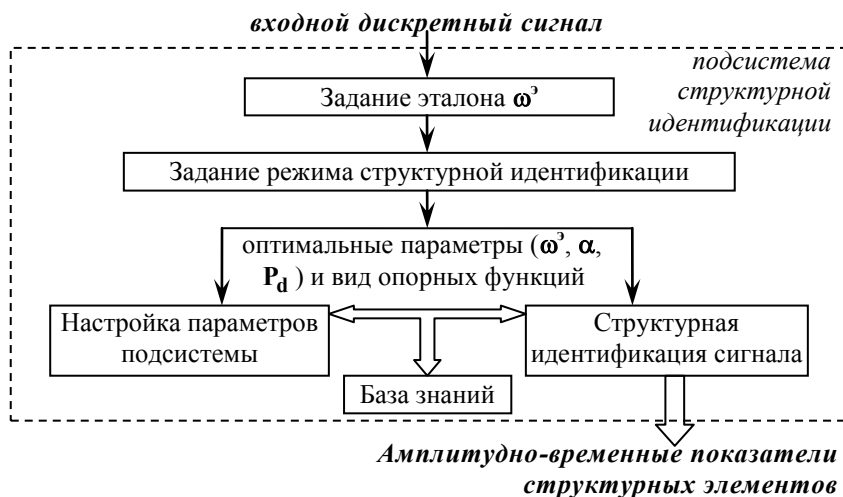


Рис. 2. Структурная схема подсистемы структурной идентификации биомедицинских сигналов

Результатом работы подсистемы в режиме обучения (или самообучения) являются оптимальные параметры, которые необходимы для реализации метода структурной идентификации рассматриваемого биомедицинского сигнала. С другой стороны, оптимальные параметры и вид опорных функций для исследуемого типа сигнала могут быть использованы для осуществления классификации аналогичных структурных элементов того же типа сигналов. Поэтому целесообразно хранить полученные данные в базе знаний (рис. 2).

Надо отметить, что, исходя из описанной в [1, 2] реализации метода структурной идентификации биомедицинских сигналов, необходимо еще до использования режимов обучения и распознавания задать режим структурной идентификации (рис. 3). Таким образом, сформулируем требования, предъявляемые к подсистеме структурной идентификации биомедицинских сигналов:

- подсистема должна иметь два режима: обучения (или самообучения) и распознавания;
- подсистема должна осуществлять классификацию структурных элементов на заданные классы независимо от типа исследуемого биомедицинского сигнала;
- подсистема должна обладать простым и удобным интерфейсом,

так как может быть использована специалистами в различных областях, которые могли бы самостоятельно за минимальное время освоить работу с подсистемой;

- при работе в диалоговом режиме необходимо обеспечить максимальное удобство ввода необходимой информации и сохранение полученных результатов до следующего сеанса работы;
- подсистема должна иметь возможность визуального представления результатов структурной идентификации биомедицинских сигналов;
- для использования накопленного опыта при структурной идентификации биомедицинских сигналов для выделения информативных фрагментов различного типа сигналов необходимо формирование базы знаний подсистемы;
- результаты работы подсистемы должны быть доступны другим подсистемам кардиологической системы для их дальнейшей обработки;
- в целом структура подсистемы должна соответствовать схеме, представленной на рис. 3.



Рис. 3. Схема выбора режима структурной идентификации биомедицинских сигналов

Так как подсистема структурной идентификации биомедицинских сигналов является составной частью кардиологической системы, то организация входных и выходных данных должна обеспечивать интерфейс между отдельными модулями указанной системы. В данном случае входные данные, под которыми подразумеваются исследуемые дискретные сигналы, формируются подсистемой предварительной обработки. Поэтому любой биомедицинский сигнал должен храниться в типизированном файле в виде значений амплитуд решетчатой функции в точках дискретизации сигнала по времени. Для задания сигнала необходимо открыть соответствующий файл на диске, для чего в подсистеме предусмотрен соответствующий режим.

Входными данными подсистемы также являются режимы работы (рис. 2, 3), класс опорных функций [1, 2], а также следующие параметры метода структурной идентификации биомедицинских сигналов: координаты опорных точек эталонного объекта ω' искомого класса, коэффициент α функции дифференциации расстояний, параметр P_d решающего

правила [1, 2]. В соответствии со структурной схемой, представленной на рис. 2, перечисленные выше входные данные могут быть заданы одним из перечисленных ниже способов: вручную; как результат режима обучения (или самообучения); из базы знаний.

Под выходными данными понимаются результаты работы подсистемы. Как было отмечено выше, подсистема структурной идентификации может работать в двух режимах: обучения (или самообучения) и распознавания (рис. 2). В зависимости от выбранного режима работы необходимо различать внутренние и внешние выходные данные. Под внутренними выходными данными будем понимать те, которые являются результатом работы подсистемы в режиме обучения (или самообучения) и используются в качестве входных данных подсистемы в режиме распознавания. Таким образом, согласно структурной схеме подсистемы (рис. 2) внутренние выходные данные должны храниться в базе знаний. Под внешними выходными данными будем понимать результаты работы подсистемы структурной идентификации биомедицинских сигналов в режиме распознавания. Т.е. внешними выходными данными являются амплитудно-временные показатели структурных элементов исследуемого биомедицинского сигнала (рис. 2). Согласно предъявляемым к подсистеме требованиям, а также учитывая то, что внешние выходные данные являются входными данными для следующего модуля кардиологической системы (рис. 1), полученные амплитудно-временные показатели необходимо сохранить в типизированном файле на жестком диске. Выходной типизированный файл имеет следующую структуру: имя файла с данными об исходном сигнале; имя искомого структурного элемента; количество найденных структурных элементов; количество опорных точек структурного элемента; двумерный массив структур (первый индекс – номер по порядку структурного элемента, второй индекс – номер по порядку опорной точки структурного элемента). Каждая структура имеет два поля: номер отсчета и амплитуда сигнала в этой точке.

Программное обеспечение подсистемы структурной идентификации биомедицинских сигналов написано в среде визуального программирования Inprise (Borland) Delphi.

ЛИТЕРАТУРА

1. Поворознюк А. И., Филатова А. Е. Оценка качества распознавания структурных элементов квазипериодических сигналов // *Інформаційно-керуючі системи на залізничному транспорті*. – 2000. – №6(27). – С. 53 - 55.
2. Филатова А. Е. Экспериментальная проверка метода структурной идентификации квазипериодических сигналов // *Інформаційно-керуючі системи на залізничному транспорті*. – 2001. – №3(30). – С. 60 - 63.

Поступила 13.05.2002

ФИЛАТОВА Анна Евгеньевна, канд. техн. наук, ассистент кафедры «Вычислительная техника и программирование» НТУ «ХПИ». В 1998 году окончила ХГПУ. Область научных интересов – разработка теории и методов структурной идентификации биологических объектов.