

ПРОЕКТИРОВАНИЕ СКС ЭВОЛЮЦИОННО-НЕЙРОСЕТЕВОГО ДИАГНОСТИРОВАНИЯ ЗАБОЛЕВАНИЙ СЕРДЦА

Збыковский И.Е., группа КСД-01а

Руководитель проф. каф. АСУ Скобцов Ю.А.

Введение

Опыт показывает, что точных методов диагностики сердечных заболеваний на данный момент не существует. Электрокардиограмма иногда не содержит явных признаков недуга. А количество параметров состояния больного, которые могут так или иначе помочь поставить правильный диагноз может быть больше сорока. Врач не в состоянии быстро проанализировать все эти показатели вместе с взаимосвязями, чтобы принять решение о направлении больного в кардиологическое отделение. В какой-то мере эту задачу помогают решать нейросетевые технологии. Статистика такова: врач правильно диагностирует инфаркт миокарда у 88% больных и ошибочно ставит этот диагноз в 29% случаев. Ложных тревог (гипердиагностики) чересчур много. История применения различных методов обработки данных для повышения качества диагностики насчитывает десятилетия, однако лучший из них помог сократить число случаев гипердиагностики лишь на 3%. Получение прогноза осложнений позволяет врачу целенаправленно проводить профилактику, усилить наблюдение за больным, скорректировать режим физической активности пациента (особенно в предполагаемые сроки возникновения осложнения).

Постановка задачи

Поиски возможностей прогнозирования осложнений, которые могут возникнуть в госпитальный период инфаркта миокарда, очень актуальны и являются одной из наиболее сложных задач кардиологии. Прогнозирование необходимо осуществлять при поступлении больного в стационар, сразу же после проведения стандартных методов обследования. Получение прогноза осложнений позволяет врачу целенаправленно проводить профилактику, усилить наблюдение

за больным, скорректировать режим физической активности пациента (особенно в предполагаемые сроки возникновения осложнения). Прогноз может определять более длительное и интенсивное лечение антикоагулянтами при угрозе тромбоэмболических осложнений, антиаритмическими препаратами — для профилактики аритмий [1]. Для создания экспертной системы прогнозирования осложнений инфаркта миокарда выбраны такие осложнения как фибрилляция предсердий, фибрилляция желудочков, разрыв сердца, хроническая сердечная недостаточность. Были выбраны обучающие параметры, отражающие клиническое состояние больного инфарктом миокарда на момент поступления в клинику, данные анамнеза и результаты лабораторных и функциональных исследований.

Математическая модель

В качестве математической модели исследований была выбрана многослойная полносвязная нейронная сеть с прямым распространением сигнала и нелинейными функциями активации, т.к. многослойная сеть выигрывает по вычислительной мощности перед однослойной только в том случае, когда функция активации в скрытых слоях именно нелинейна [2]. Структура такой сети представлена на рис. 1.

Входами сети являются данные анамнеза и результаты лабораторных и функциональных исследований: возраст, пол, глубина и локализация инфаркта (по данным ЭКГ), количество инфарктов в анамнезе, характеристика предшествующей стенокардии, наличие и тяжесть гипертонической болезни и сердечной недостаточности, наличие в анамнезе нарушений сердечного ритма и проводимости, эндокринных заболеваний, тромбоэмболий, хронического бронхита, концентрация калия и натрия в крови, частота сердечных сокращений, характеристика выбранных показателей ЭКГ.

Выходами сети являются такие осложнения инфаркта миокарда как фибрилляция предсердий, фибрилляция желудочков, разрыв сердца, хроническая сердечная недостаточность.

Алгоритм обучения Rprop (Resilient Propagation) [5]

В отличие от стандартного алгоритма обратного распространения, RProp использует только знаки частных производных для подстройки весовых коэффициентов. Алгоритм использует так называемое «обучение по эпохам», когда коррекция весов происходит после предъявления сети всех примеров из обучающей выборки. Для определения величины коррекции используется следующее правило:

$$\Delta_{ij}^{(t)} = \left\{ \begin{array}{l} \eta^+ \Delta_{ij}^{(t-1)}, \frac{\partial E^{(t)}}{\partial w_{ij}} \frac{\partial E^{(t-1)}}{\partial w_{ij}} > 0 \\ \eta^- \Delta_{ij}^{(t-1)}, \frac{\partial E^{(t)}}{\partial w_{ij}} \frac{\partial E^{(t-1)}}{\partial w_{ij}} < 0 \end{array} \right. \quad (4)$$

$$0 < \eta^- < 1 < \eta^+$$

Если на текущем шаге частная производная по соответствующему весу W_{ij} поменяла свой знак, то это говорит о том, что последнее изменение было большим, и алгоритм проскочил локальный минимум (соответствующую теорему можно найти в любом учебнике по математическому анализу), и, следовательно, величину изменения необходимо уменьшить на η^- и вернуть предыдущее значение весового коэффициента: другими словами необходимо произвести 'откат'. Рекомендованные значения для $\eta^- = 0.5$, $\eta^+ = 1.2$, но нет никаких ограничений на использование других значений для этих параметров.

Для того, чтобы не допустить слишком больших или малых значений весов, величину коррекции ограничивают сверху максимальным Δ_{\max} и снизу минимальным Δ_{\min} значениями величины коррекции, которые по умолчанию, соответственно, устанавливаются равными 50 и $1.0E^{-6}$. Начальные значения для всех Δ_{ij} устанавливаются равными 0.1. Опять же, это следует рассматривать лишь как рекомендацию, и в практической реализации можно задать другое значение для инициализации. Для вычисления значения коррекции весов используется следующее правило:

$$\Delta w_{ij}(t) = \left\{ \begin{array}{l} -\Delta_{ij}^{(t)}, \frac{\partial E^{(t)}}{\partial w_{ij}} > 0 \\ +\Delta_{ij}^{(t)}, \frac{\partial E^{(t)}}{\partial w_{ij}} < 0 \\ 0, \frac{\partial E^{(t)}}{\partial w_{ij}} > 0 \end{array} \right\}. \quad (5)$$

Если производная положительна, т.е. ошибка возрастает, то весовой коэффициент уменьшается на величину коррекции, в противном случае — увеличивается.

Затем подстраиваются веса:

$$w_{ij}(t+1) = w_{ij}(t) + \Delta w_{ij}(t). \quad (6)$$

Генетический алгоритм

В качестве метода обучения нейронной сети также используется генетический алгоритм. Этот метод лишен недостатка, присущего сети обратного распространения. Прежде всего, генетические алгоритмы обеспечивают глобальный просмотр пространства весов и позволяют избегать локальные минимумы [3].

Генетический алгоритм используется следующим образом. Каждая хромосома представляется списком (или "вектором") из весов синаптических связей. Веса считываются из сети в определённом порядке (слева направо и сверху вниз) и помещаются в список. Каждый "ген" в хромосоме — вещественное число. Чтобы вычислить фитнес функцию данной хромосомы, веса из хромосомы назначаются нейронной сети и сеть была обучается на обучающей выборке, и возвращается сумма квадратов ошибок (суммарная по всем циклам обучения). Низкая ошибка означает высокую пригодность. Начальная популяция весовых векторов выбирается случайно (каждому весу назначается случайное число между 0 и +1.0) [4].

Оператор мутации выбирает n невходных нейронов и к весу каждой входящей связи к этим нейронам добавляет случайное значение между 0 и +1.0. Оператор скрещивания берет два родительских весовых вектора и, для каждого невходного модуля в векторе потомства, выбирает одного из родителей наугад и копирует веса от родителя к потомку (рис.2).

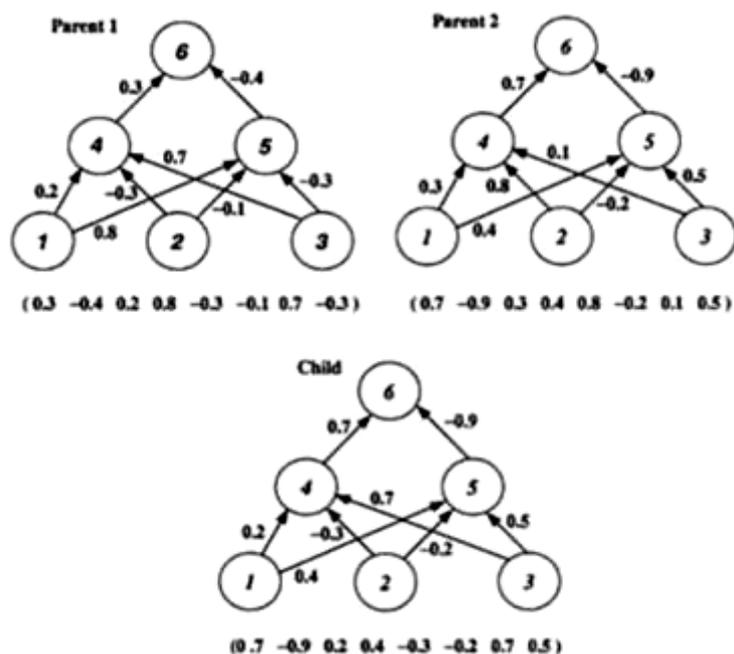


Рисунок 2 — Пример скрещивания хромосом [4]

Выводы

В работе выполнен анализ возможных подходов к решению задач прогнозирования и классификации с помощью нейронных сетей. Показано, что эффективность и скорость обучения нейронной сети зависит от выбранного алгоритма и грамотной подготовки обучающей выборки. Выполнена сравнительная характеристика различных методик обучения сети, показаны их недостатки и преимущества.

Перечень ссылок

1. Россиев Д.А., Головенкин С.Е., Шульман В.А., Матюшин Г.В. Прогнозирование осложненного инфаркта миокарда нейронными сетями. // Нейроинформатика и ее приложения. Материалы III Всероссийского рабочего семинара. 6–8 октября 1995 г. Красноярск. — 1995. — С. 128–166.
2. Уоссерман Ф. Нейрокомпьютерная техника: теория и практика/ Пер с англ. Зуева Ю.А., Точенова В.А. — М.:Мир, 1992.
3. Рутковская Д., Пилиньский М., Рутковский Л. Нейронные сети, генетические алгоритмы, и нечёткие системы. — М.: Горячая линия-Телеком, 2004 г. — С. 250–306.
4. Mitchell M. An introduction to genetic algorithms. London, Cambridge 1999.
5. Электронный ресурс. Способ доступа: URL:<http://www.basegroup.ru>.