# AUTOMATIC CLASSIFICATION OF ECG USING DEEP LEARNING MODEL

**Hoang Van Manh*, Do Nam, Pham Manh Thang**
*University of Engineering and Technology - Vietnam National University, Hanoi*

**ARTICLE INFO**

**Received:** 24/8/2023
**Revised:** 17/10/2023
**Published:** 17/10/2023

**KEYWORDS**

ECG
DenseNet
BiLSTM
Deep learning
Artificial intelligence

**ABSTRACT**

Early detection of cardiovascular diseases through ECG signals has played an important role in the treatment process for patients. The application of artificial intelligence to develop an automatic method of classifying ECG signals with high accuracy and reliability to help reduce the time of diagnosis is an inevitable requirement. This study proposes a deep learning model that combines a Densely Connected Convolutional Networks (DenseNet) with a Bidirectional Long Short-Term Memory Networks (BiLSTM) with a small number of parameters into the ECG signal classification. The proposed model is evaluated on an open database consisting of 827 ECG records. Although the study only uses a small amount of data for the training process, the proposed model still gives good results, in particularly, F1 scores corresponding to the types of right bundle branch block, left bundle branch block and sinus bradycardia are 0.831, 0.846 and 0.882 respectively. The obtained results can serve as a basis for further studies applying on devices with limited resources.

# TỰ ĐỘNG PHÂN LOẠI TÍN HIỆU ECG SỬ DỤNG MÔ HÌNH HỌC SÂU

**Hoàng Văn Mạnh*, Đỗ Nam, Phạm Mạnh Thắng**
*Trường Đại học Công nghệ - ĐH Quốc gia Hà Nội*

**THÔNG TIN BÀI BÁO**

**Ngày nhận bài:** 24/8/2023
**Ngày hoàn thiện:** 17/10/2023
**Ngày đăng:** 17/10/2023

**TỪ KHÓA**

Điện tâm đồ
DenseNet
BiLSTM
Học sâu
Trí tuệ nhân tạo

**TÓM TẮT**

Phát hiện sớm các chứng bệnh liên quan tới tim mạch thông qua tín hiệu ECG đã và đang đóng một vai trò quan trọng trong quá trình điều trị cho người bệnh. Việc ứng dụng trí tuệ nhân tạo vào phát triển một phương pháp tự động phân loại tín hiệu ECG có độ chính xác và tin cậy cao giúp giảm thiểu thời gian chẩn đoán là yêu cầu tất yếu. Nghiên cứu này đề xuất một mô hình học sâu kết hợp giữa mạng tích chập dày đặc (DenseNet) với mạng bộ nhớ dài-ngắn song song (BiLSTM) có số lượng tham số nhỏ vào phân loại tín hiệu ECG. Mô hình đề xuất được kiểm thử trên cơ sở dữ liệu mở bao gồm 827 bản ghi ECG. Mặc dù nghiên cứu chỉ sử dụng số lượng nhỏ dữ liệu cho quá trình huấn luyện nhưng mô hình đề xuất vẫn cho kết quả tốt cùng điểm số F1 tương ứng với các loại bệnh block nhánh phải, block nhánh trái và hội chứng nhịp chậm xoang lần lượt là 0,831; 0,846 và 0,882. Kết quả đạt được có thể làm cơ sở có các nghiên cứu tiếp theo ứng dụng trên các thiết bị có nguồn tài nguyên hạn chế.

**DOI: https://doi.org/10.34238/tnu-jst.8628**

* Corresponding author. *Email: manhhv87@vnu.edu.vn*

## 1. Giới thiệu

Phát hiện sớm để có thể chăm sóc và điều trị kịp thời cho bệnh nhân là vô cùng quan trọng. Sự ra đời của các thiết bị điện tử theo dõi di động có thể dùng để theo dõi liên tục hoạt động của tim đã hỗ trợ đắc lực cho các bệnh nhân. Tuy nhiên, các thiết bị này không có khả năng giải thích tín hiệu điện tim (ECG) mà đó là công việc của các bác sĩ, y tá hoặc các nhân viên y tế có chuyên môn. Công việc này phụ thuộc đáng kể vào kiến thức và kinh nghiệm của chuyên gia y tế. Điều này đôi khi dẫn tới nhầm lẫn kết quả phân tích và chẩn đoán bệnh [1], [2]. Để khắc phục vấn đề này đã có nhiều nghiên cứu chuyên sâu về phát triển các phương pháp đáng tin cậy cho phép phân loại tín hiệu ECG một cách tự động.

Để tạo cảm hứng phát triển các phương pháp tiếp cận tự động phân loại rối loạn nhịp tim dựa vào tín hiệu ECG, PhysioNet đã tổ chức một cuộc thi để xác định các triệu chứng AF từ tín hiệu ECG đơn đạo trình ngắn [3] vào năm 2017. Bốn đội chia sẻ vị trí dẫn đầu trong cuộc thi đã sử dụng các phương pháp tiếp cận khác nhau như mạng nơ-ron tích chập (CNN) hay mạng nơ-ron hồi quy (RNN) [4] – [7]. Ngoài ra, 1st China Physiological Signal Challenge cũng được tổ chức vào năm 2018 nhằm khuyến khích sự phát triển các phương pháp phát hiện các bất thường về hình thái hoặc nhịp điệu từ các tín hiệu ECG đa đạo trình [8]. Tsai-Min Chen và cộng sự đã sử dụng mạng nơ-ron tích chập để phân loại tín hiệu ECG và đã chiến thắng thử thách này với F1-score là 0,84 [9].

Trong những năm gần đây đã có một số nghiên cứu sử dụng phương pháp quan sát sự vắng mặt của sóng P [10] – [12] hoặc khoảng R-R không đều [13], [14] hoặc cả hai [15] – [17] để nhận dạng các chứng bệnh tim mạch. Tuy nhiên, nhược điểm của các phương pháp này đó là phải nhận diện chính xác sóng P cũng như khoảng R-R khi tín hiệu có chứa nhiễu. Các thuật toán học sâu và mạng nơ-ron tích chập (CNN) cũng đã được ứng dụng rộng rãi để phân loại tín hiệu ECG. Xu và cộng sự [18] đã kết hợp CNN và biến đổi sóng con lát tần số sửa đổi (MFSWT) để phát hiện chứng rung nhĩ (AF) từ một tập ngắn hạn của tín hiệu ECG. Nghiên cứu đã thu được độ chính xác trung bình là 81,07% trên tập dữ liệu MIT- BIH và tăng lên 84,85% khi loại trừ các tín hiệu ECG chất lượng cực thấp. Sử dụng cùng tập dữ liệu, Xia và cộng sự [19] trước tiên áp dụng phép biến đổi sóng con tĩnh (SWT) và phép biến đổi Fourier ngắn hạn (STFT) để chuyển đổi tín hiệu. Tiếp theo, nhóm nghiên cứu phát triển hai mô hình CNN tương ứng để phân loại ECG. Phương pháp của họ cho thấy độ chính xác, độ nhạy và độ đặc hiệu cao. Khác với CNN, kiến trúc mạng RNN đã chứng minh được khả năng phù hợp để phân loại các bản ghi ECG [20]. Gần đây, kỹ thuật học chuyển giao đã được sử dụng để chia sẻ kiến thức giữa các nhiệm vụ liên quan và tận dụng sự tương đồng giữa các điều kiện khác nhau [21] – [23]. Với kỹ thuật học chuyển giao, mô hình không yêu cầu một số lượng lớn các chú thích tốn kém nhưng vẫn hoạt động tốt hơn các CNN không được đào tạo trước, đặc biệt là khi tập dữ liệu đào tạo không đủ.

Ngoài phương pháp phân loại ECG sử dụng dụng trực tiếp tín hiệu ECG một chiều thì các nghiên cứu [24], [25] lại chuyển đổi tín hiệu ECG một chiều thành dữ liệu hình ảnh để phân loại. Nghiên cứu [24] sử dụng phép biến đổi sóng con liên tục để chuyển đổi các tín hiệu ECG có độ dài 500 mẫu nhằm mục đích thu nhận biểu đồ phổ tín hiệu. Sau đó, mạng AlexNet sử dụng các biểu đồ hình ảnh màu 3 kênh với kích thước 227x227 để làm dữ liệu đào tạo và phân loại tín hiệu ECG. Trong nghiên cứu [25], ECG một chiều đã được chuyển đổi trực tiếp sang hình ảnh xám hai chiều với kích thước 15x15 và sử dụng mạng CNN hai chiều để phân loại ECG. Nhược điểm của các phương pháp biến đổi dữ liệu ECG một chiều sang các hình ảnh hai chiều rồi phân loại sẽ làm chậm tốc độ xử lý do có nhiều tham số phải học. Phương pháp này không phù hợp với các ứng dụng thời gian thực và khó triển khai trên phần cứng.

Nghiên cứu này đề xuất một mô hình học sâu nhờ sự kết hợp giữa kiến trúc mạng tích chập kết nối dày đặc (DenseNet) và mạng bộ nhớ dài-ngắn song song (BiLSTM) để phân loại tín hiệu ECG. Mô hình có kích thước nhỏ, số lượng tham số ít, tốc độ thực hiện nhanh, phù hợp với hệ thống có nguồn tài nguyên tính toán hạn chế. Các phần tiếp theo của bài báo sẽ trình bày: (1) giới thiệu chi tiết về cơ sở dữ liệu sử dụng và kiến trúc mạng đề xuất; (2) kết quả đạt được khi triển khai đánh giá mô hình đề xuất trên bộ dữ liệu kiểm thử; và cuối cùng là nội dung kết luận.

## 2. Phương pháp nghiên cứu

### *2.1. Cơ sở dữ liệu*

Nghiên cứu này sử dụng 40.000 trong tổng số 2.322.513 bản ghi ECG được trích xuất từ cơ sở dữ liệu S12L-ECG [26] đã được số hóa để đào tạo mô hình đề xuất (doi: 10.5281/zenodo.4916206). Cơ sở dữ liệu được gán nhãn và đánh giá bởi: (1) hai bác sĩ nội trú năm 4 khoa tim mạch; (2) hai bác sĩ nội trú cấp cứu năm 3; và (3) hai sinh viên y khoa năm thứ 5. Trong quá trình đào tạo mô hình, chúng tôi chia 40.000 bản ghi ECG ra thành tập đào tạo và tập xác thực với tỷ lệ dữ liệu tương ứng là 80% và 20%. Để đánh giá hiệu suất của mô hình, chúng tôi sử dụng 827 bản ghi ECG (doi: 10.5281/zenodo.3625006) khác được thu thập bởi hệ thống TNMG [26]. Tập dữ liệu kiểm thử này được chú thích độc lập bởi hai bác sĩ tim mạch được chứng nhận và có kinh nghiệm về điện tâm đồ. Đặc điểm của tập dữ liệu sử dụng được tóm tắt trong Bảng 1.

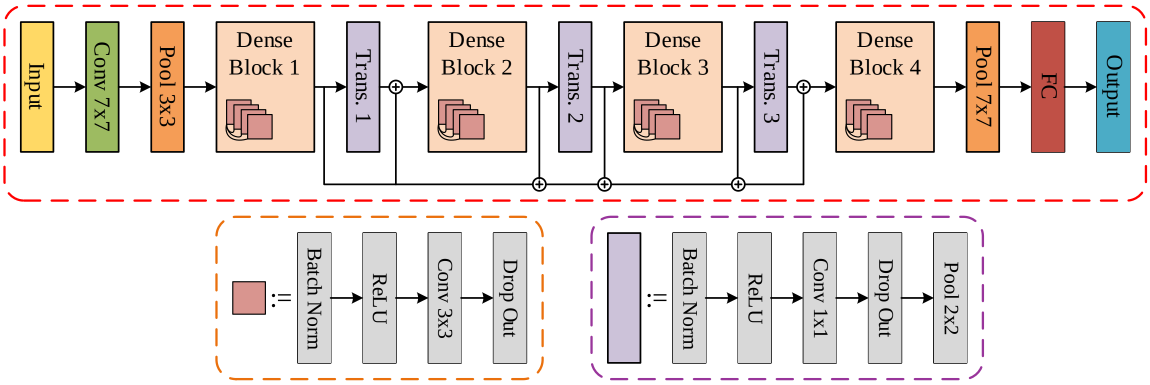
**Bảng 1.** *Đặc điểm bệnh nhân và tỷ lệ bất thường, n (%)*

| Bất thường | Tập đào tạo + xác thực (*n* = 40.000) | Tập kiểm tra (*n* = 827) |
|---|---|---|
| 1dAVb | 685 (1,7%) | 28 (3,4%) |
| RBBB | 1093 (2,7%) | 34 (4,1%) |
| LBBB | 677 (1,7%) | 30 (3,6%) |
| SB | 653 (1,6%) | 16 (1,9%) |
| ST | 863 (2,2%) | 36 (4,4%) |
| AF | 813 (2,0% | 13 (1,6%) |

Dữ liệu sử dụng cho quá trình đào tạo và kiểm tra là một tensor có kích thước (N, 4096, 12). Trong đó, N là kích thước batch-size, 4096 là số điểm dữ liệu của một tín hiệu ECG và 12 là số tín hiệu (số chuyển đạo) có trong bản ghi ECG. Trong quá trình huấn luyện và kiểm tra, khi một tín hiệu ECG không có đủ độ dài theo yêu cầu thì các điểm có giá trị 0 sẽ được thêm vào sau để có được 4096 điểm dữ liệu.

### *2.2. Mạng tích chập kết nối dày đặc*

Mạng tích chập kết nối dày đặc (DenseNet) bao gồm các khối dày đặc và lớp chuyển tiếp được thiết kế để giải quyết vấn đề "degradation" khi số lượng các lớp trong mạng tăng lên [27]. Lớp tích chập là thành phần chính có chức năng trích xuất các đặc trưng của mạng. Một bộ lọc có kích thước nhân 7x7 cùng với *tride* bằng 2 được sử dụng cho lớp tích chập đầu tiên của mạng DenseNet để loại bỏ các đặc trưng không nhất quán ra khỏi dữ liệu đầu vào. Các lớp tích chập tiếp theo trong các khối dày đặc sử dụng cùng một kích thước bộ lọc 3x3 và *stride* bằng 1 nhằm trích xuất các đặc trưng cục bộ. Các hàm kích hoạt ReLU được sử dụng trong các khối dày đặc và các lớp chuyển tiếp giúp loại bỏ vấn đề độ dốc biến mất trong quá trình đào tạo. Các lớp chuẩn hóa theo batch (BN) được sử dụng để tăng tốc quá trình đào tạo và ngăn cản sự thay đổi đồng biến diễn ra bên trong của quá trình huấn luyện theo hướng khởi tạo trọng số. Lớp chuyển tiếp được đặt giữa hai khối dày đặc liền kề nhằm giảm kích thước bản đồ đặc trưng bằng cách loại bỏ các tham số có thể học với cấu trúc thắt cổ chai. Lớp này được cấu tạo từ các lớp tích chập, BN, ReLU và gộp trung bình. Lớp gộp trung bình của mỗi lớp chuyển tiếp sẽ tính giá trị trung bình và trích xuất đặc trưng không gian cho từng mảng bản đồ đặc trưng. Sau khi đi qua tất cả các khối dày đặc và lớp chuyển tiếp, bản đồ đặc trưng của lớp gộp trung bình cuối cùng được đưa tới các lớp tuyến tính để phân loại. Số kênh đầu ra của lớp tuyến tính cuối cùng bằng với số lượng nhãn cần phân loại. Kiến trúc mạng DenseNet được minh họa chi tiết trong Hình 1.




**Hình 1.** *Cấu trúc mạng tích chập kết nối dày đặc (DenseNet)*

### *2.3. Mạng bộ nhớ dài-ngắn song song (BiLSTM)*

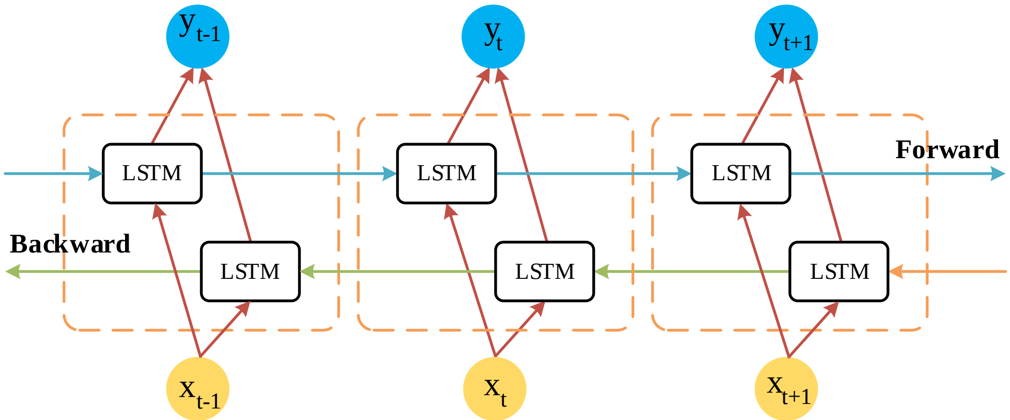
Mạng nơ-ron hồi quy (RNN) được thiết kế để phân tích luồng dữ liệu bằng cách triển khai các đơn vị ẩn để ghi nhớ thông tin liên quan đến các đầu vào trước đó. Tuy nhiên, nhược điểm chính của mạng RNN là không lưu giữ được thông tin trong thời gian dài. Để giải quết vấn đề này, một biến thể của mạng RNN là mạng bộ nhớ ngắn-dài hạn (LSTM) được phát triển để nhận biết và duy trì sự phụ thuộc dài hạn giữa dữ liệu của chuỗi thời gian đầu vào trong khoảng thời gian dài. Mạng LSTM bao gồm các tế bào hoặc khối được sắp xếp theo thứ tự.

Cấu trúc mạng bộ nhớ dài-ngắn song song (BiLSTM) sử dụng hai mạng LSTM độc lập, trong đó một mạng LSTM được sử dụng để tính toán dữ liệu theo chiều thuận thông thường, $\overrightarrow{h_t}$, và mạng còn lại theo chiều ngược lại, $\overleftarrow{h_t}$. Phương trình biểu diễn cho một tế bào BiLSTM được biểu diễn theo công thức (1) [28].

$$\hat{y}_t = \overrightarrow{W_{hy}}.\overrightarrow{h_t} + \overleftarrow{W_{hy}}.\overleftarrow{h_t} + b_y \tag{1}$$

trong đó, $\overrightarrow{W_{hy}}$ và $\overleftarrow{W_{hy}}$ là ma trận trọng số ẩn theo chiều thuận và nghịch, $b_y$ là độ lệch đầu ra.

Tại bước thời gian $t$ bất kỳ, đầu ra từ mỗi tế bào theo chiều thuận và nghịch được nối lại để tạo ra một đầu ra duy nhất có thể xử lý thông tin cả trong quá khứ và tương lai so với khả năng chỉ xử lý thông tin trong quá khứ của mạng LSTM một chiều. Ngoài ra, BiLSTM không tốn kém về mặt tính toán vì chúng sử dụng phương pháp huấn luyện lan truyền ngược qua thời gian thông thường như mạng LSTM [29]. Kiến trúc mạng BiLSTM được trình bày trong Hình 2. Cả mạng LSTM thuận và nghịch đều được khởi đầu với cùng trạng thái ẩn và trạng thái tế bào.




**Hình 2.** *Kiến trúc mạng BiLSTM*

### *2.4. Kiến trúc mô hình đề xuất*

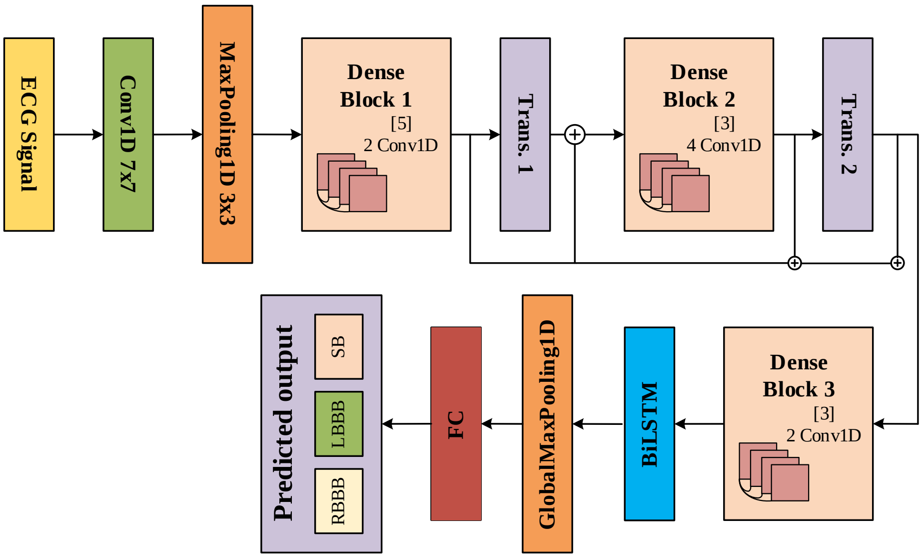
Nghiên cứu này đề xuất một kiến trúc mô hình học sâu với sự kết hợp giữa mạng tích chập kết nối dày đặc (DenseNet) và mạng bộ nhớ dài-ngắn song song (BiLSTM) để phân loại 3 loại bệnh bao gồm block nhánh phải (RBBB), block nhánh trái (LBBB) và hội chứng nhịp chậm xoang (SB). Mạng DenseNet đóng vai trò trích xuất các đặc trưng cục bộ của tín hiệu ECG và BiLSTM được sử dụng để thu nhận các đặc điểm chuỗi thời gian của tín hiệu ECG tốt hơn. Kiến trúc mô hình đề xuất được biểu diễn trong Hình 3.

Trước tiên, mạng DenseNet với cấu hình tối ưu bao gồm 3 khối dày đặc, mỗi khối chứa số lượng lớp tích chập tương ứng 2, 4 và 2 với các hàm kích hoạt phi tuyến ReLU và BN, theo sau là lớp chuyển tiếp được sử dụng để trích xuất các đặc trưng cục bộ từ tín hiệu ECG. Khác với các mô hình DenseNet [27], mô hình đề xuất sử dụng kích thước bộ lọc cho các khối dày đặc lần lợt là 5, 3, 3 do ECG là tín hiệu y sinh có tần số thấp. Ngoài ra, tốc độ tăng trưởng và số lượng kênh đầu vào cũng đã được điều chỉnh thành 8 và 16 giúp mô hình có số lượng tham số ít hơn. Đầu ra của giai đoạn này là các véc-tơ đặc trưng cục bộ thu nhận được từ dữ liệu ECG đầu vào.

Kế tiếp, các véc-tơ đặc trưng cục bộ thu được từ mạng DenseNet được sử dụng làm đầu vào cho lớp BiLSTM với 32 đơn vị để xử lý và tạo ra các véc-tơ đặc trưng toàn cục. Các véc-tơ này sau đó sẽ được đưa tới một lớp gộp tối đa toàn cục để tạo thành một véc-tơ toàn cục duy nhất.

Cuối cùng, một bộ phân loại gồm 2 lớp kết nối đầy đủ được sử dụng để thực hiện chức năng phân loại các bệnh. Lớp kết nối đầy đủ đầu tiên sử dụng 64 tế bào và lớp cuối cùng sử dụng 3 tế bào (tương ứng với 3 nhãn bệnh cần phân loại). Do mỗi bản ghi ECG có thể chứa nhiều hơn một loại bệnh nên hàm kích hoạt "sigmoid'' đã được sử dụng để phân loại các lớp.

Nhằm giúp mô hình giảm bớt sai lệch, nghiên cứu này sử dụng phân phối chuẩn "he_normal'' để khởi tạo trọng số cho tất cả các lớp tích chập và lớp kết nối đầy đủ. Mục tiêu chính của việc sử dụng các bộ khởi tạo này là để cân bằng thang độ dốc trên tất cả các hạt nhân. Hiệu suất của một mô hình phụ thuộc nhiều vào tốc độ học cũng như bộ tối ưu được sử dụng. Tốc độ học ban đầu và kích thước batch-size được chọn là 0,001 và 32. Để mô hình đạt được hiệu suất đào tạo mong muốn, trình tối ưu Adam với bộ lập lịch ReduceLROnPlateau đã được sử dụng. Nếu giá trị mất mát trên tập xác thực không thay đổi sau 5 epoch liên tiếp thì tốc độ học sẽ giảm 0,1. Ngoài ra, kỹ thuật EarlyStopping cũng được sử dụng để có được thời gian đào tạo tối ưu.




**Hình 3.** *Cấu trúc mô hình đề xuất*

### *2.5. Độ đo đánh giá*

Hiệu suất của phương pháp đề xuất được đánh giá thông qua 3 chỉ số: *precision*, *recall* và *F1-*

*score* được tính thông qua các công thức từ (2) đến (4). Các chỉ số *recall* và *precision* có thể được sử dụng để chỉ định độ nhạy và độ chính xác của mô hình. Chỉ số *F1-score* được sử dụng để đánh giá độ chính xác bằng cách tổng hợp *recall* và *precision* cho mọi mẫu lớp được dự đoán.

$$\text{precition} = \frac{\text{TP}}{\text{TP} + \text{FP}} \tag{2}$$

$$\text{recall} = \frac{\text{TP}}{\text{TP} + \text{FN}} \tag{3}$$

$$\text{F1-score} = 2 * \frac{\text{precision} * \text{recall}}{\text{precision} + \text{recall}} = \frac{2 * \text{TP}}{2*\text{TP} + \text{FP} + \text{FN}} \tag{4}$$

Trong đó, các thành phần TP, FP, TN và FN là lần lượt là dương tính thật, dương tính giả, âm tính thật và âm tính giả. TP là số lượng kết quả dự đoán dương tính chính xác, trong khi FN là số lượng kết quả dự đoán âm tính nhưng lại là dương tính. Mặt khác, TN biểu thị cho số lượng kết quả dự đoán âm tính đúng, trong khi FP là số lượng kết quả dự đoán dương tính nhưng thực tế là âm tính.

## 3. Kết quả và bàn luận

Tất cả các thử nghiệm được thực hiện trên bộ thư viện TensorFlow và môi trường Google Colab Pro. Kết quả nhận dạng 3 loại bệnh bao gồm block nhánh phải (RBBB), block nhánh trái (LBBB) và hội chứng nhịp chậm xoang (SB) trên tập kiểm thử (*n* = 827 bản ghi ECG) được báo cáo trong Bảng 2. Ngoài ra, kết quả chú thích do các bác sĩ nội trú năm 4 khoa tim mạch (cardio.), bác sĩ nội trú cấp cứu năm 3 (emerg.) và sinh viên y khoa năm thứ 5 (stud.) thực hiện cũng được cung cấp trong bảng. Dữ liệu trong bảng chỉ ra rằng mặc dù mô hình đề xuất (DNN) chỉ được đào tạo trên một phần nhỏ (40.000) trong tổng số hơn 2 triệu bản ghi ECG nhưng vẫn đạt được kết quả tốt. Đối với bệnh SB, mô hình đề xuất đã đạt được giá trị cao nhất trên cả 3 chỉ số đánh giá *precision, recall, F1-score* lần lượt là 0,833, 0,938 và 0,882. Tuy nhiên, mô hình đề xuất nhận dạng bệnh RBBB không tốt khi so với hai loại bệnh còn lại.

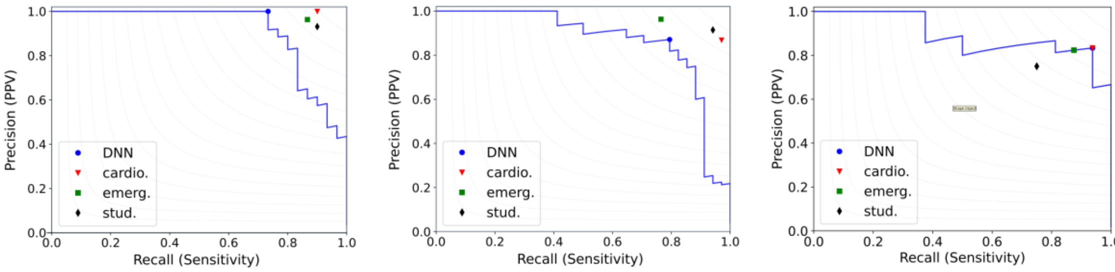
**Bảng 2.** *So sánh kết quả đạt được của phương pháp đề xuất (DNN) trên tập dữ liệu kiểm thử cùng với hiệu suất trung bình của: (1) bác sĩ nội trú năm 4 khoa tim mạch (cardio.); (2) bác sĩ nội trú cấp cứu năm 3 (emerg.); và (3) sinh viên y khoa năm thứ 5 (stud.)*

| | **Precision** | | | | **Recall** | | | | **F1-score** | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | **DNN** | **cardio.** | **emerg.** | **stud.** | **DNN** | **cardio.** | **emerg.** | **stud.** | **DNN** | **cardio.** | **emerg.** | **stud.** |
| RBBB | 0.871 | 0.868 | **0.963** | 0.914 | 0.794 | **0.971** | 0.765 | 0.941 | 0.831 | 0.917 | 0.852 | **0.928** |
| LBBB | **1.000** | **1.000** | 0.963 | 0.931 | 0.733 | **0.900** | 0.867 | 0.900 | 0.846 | **0.947** | 0.912 | 0.915 |
| SB | **0.833** | **0.833** | 0.824 | 0.824 | **0.938** | **0.938** | 0.875 | 0.750 | **0.882** | **0.882** | 0.848 | 0.750 |

**Bảng 3.** *Ma trận nhầm lẫn của thuật toán đề xuất (DNN) trên tập dữ liệu kiểm thử với hiệu suất trung bình của: (1) bác sĩ nội trú năm 4 khoa tim mạch (cardio.); (2) bác sĩ nội trú cấp cứu năm 3 (emerg.); và (3) sinh viên y khoa năm thứ 5 (stud.)*

| | | **Nhãn dự đoán** | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | **DNN** | | **cardio.** | | **emerg.** | | **stud.** | |
| | **Nhãn thật** | ***Không bệnh*** | ***Bệnh*** | ***Không bệnh*** | ***Bệnh*** | ***Không bệnh*** | ***Bệnh*** | ***Không bệnh*** | ***Bệnh*** |
| **RBBB** | Không bệnh | 789 | 4 | 788 | 5 | 792 | 1 | 790 | 3 |
| | Bệnh | 7 | 27 | 1 | 33 | 8 | 26 | 2 | 32 |
| **LBBB** | Không bệnh | 797 | 0 | 797 | 0 | 796 | 1 | 795 | 2 |
| | Bệnh | 8 | 22 | 3 | 27 | 4 | 26 | 3 | 27 |
| **SB** | Không bệnh | 808 | 3 | 808 | 3 | 808 | 3 | 807 | 4 |
| | Bệnh | 1 | 15 | 1 | 15 | 2 | 14 | 4 | 12 |

Ngoài ra, ma trận nhầm lẫn và đường cong *precision-recall* cũng được cung cấp chi tiết trong Bảng 3 và Hình 4. Dữ liệu bảng cho thấy đối với hội chứng nhịp chậm xoang (SB), mô hình đề xuất chỉ nhận sai 1 bản ghi từ có bệnh sang không có bệnh (FN = 1). Hay đối với chứng bệnh block nhánh trái (LBBB), mô hình nhận dạng chính xác hoàn toàn các trường hợp không có bệnh (FP = 0). Hai kết quả nhận dạng này chỉ có bác sĩ nội trú năm 4 của khoa tim mạch (cardio.) mới làm được. Tuy nhiên, mô hình cũng đã nhận sai 8 bản ghi có bệnh LBBB thành không có bệnh và đây cũng là kết quả nhận dạng xấu nhất so với các trường hợp khác. Hình 4 cũng cho thấy mô hình nhận dạng chứng bệnh block nhánh phải là kém nhất.




LBBB RBBB SB

**Hình 4.** *Đường cong precision-recall của mô hình đề xuất (DNN) trên tập dữ liệu kiểm tra (đường đậm). Các điểm tương ứng với hiệu suất của bác sĩ nội trú năm 4 khoa tim mạch (cardio.); bác sĩ nội trú cấp cứu năm 3 (emerg.) và sinh viên y khoa năm thứ 5 (stud.) cũng được hiển thị.*

## 4. Kết luận

Bài báo này đề xuất sử dụng mô hình học sâu nhờ sự kết hợp giữa mạng tích chập kết nối dày đặc (DenseNet) có sửa đổi với mạng bộ nhớ dài-ngắn song song (BiLSTM) vào phân loại tín hiệu ECG, cụ thể bao gồm ba chứng bệnh: block nhánh phải (RBBB), block nhánh trái (LBBB) và hội chứng nhịp chậm xoang (SB). Mô hình có số lượng tham số nhỏ, yêu cầu chi phí tính toán thấp phù hợp với các hệ thống có nguồn tài nguyên hạn hẹp. Mô hình đề xuất được đào tạo và kiểm thử trên các bộ dữ liệu mở và đạt được kết quả tốt. Các kết quả của nghiên cứu được so sánh trực tiếp với kết luận từ các chuyên gia và cho độ tin cậy cao. Kết quả hiện tại của bài báo này có thể làm cơ sở cho các nghiên cứu tiếp theo khi mô hình được đào tạo và kiểm thử trên các bộ dữ liệu khác lớn hơn nhằm cải thiện độ chính xác của thuật toán.

**Lời cám ơn**

Nghiên cứu này được tài trợ bởi Trường Đại học Công nghệ, Đại học Quốc gia Hà Nội theo đề tài mã số CN22.12.

TÀI LIỆU THAM KHẢO/ REFERENCES

[1] D. S. Tawfik, J. Profit, T. I. Morgenthaler, *et al.*, "Physician burnout, well-being, and work unit safety grades in relationship to reported medical errors," *Mayo Clinic Proceedings*, vol. 93, no. 11, pp. 1571–1580, 2018, doi: 10.1016/j.mayocp.2018.05.014.

[2] C. P. West, M. M. Huschka, P. J. Novotny, *et al.*, "Association of perceived medical errors with resident distress and empathy: a prospective longitudinal study," *Jama*, vol. 296, no. 9, pp. 1071–1078, 2006, doi: 10.1001/jama.296.9.1071.

[3] G. D. Clifford, C. Liu, B. Moody, *et al.*, "AF classification from a short single lead ECG recording: The PhysioNet/computing in cardiology challenge 2017," in *Proc. Computing in Cardiology (CinC)*, Rennes, France, 2017, pp. 1–4, doi: 10.22489/CinC.2017.065-469.

[4] T. Teijeiro, C. A. García, D. Castro, *et al.*, "Arrhythmia classification from the abductive interpretation of short single-lead ECG records," in *Proc. Computing in Cardiology (CinC)*, Rennes, France, 2017, pp. 1–4, doi: 10.22489/CinC.2017.166-054.

[5] M. Zabihi, A. B. Rad, A. K. Katsaggelos, *et al.*, "Detection of atrial fibrillation in ECG hand-held devices using a random forest classifier," in *Proc. Computing in Cardiology (CinC)*, Rennes, France, 2017, pp. 1–4, doi: 10.22489/CinC.2017.069-336.

[6] S. Datta, C. Puri, A. Mukherjee, *et al.*, "Identifying normal, AF and other abnormal ECG rhythms

using a cascaded binary classifier," in *Proc. Computing in Cardiology (CinC)*, Rennes, France, 2017, pp. 1–4, doi: 10.22489/CinC.2017.173-154.

[7] S. Hong, M. Wu, Y. Zhou, *et al.*, "ENCASE: An ENsemble ClASsifiEr for ECG classification using expert features and deep neural networks," in *Proc. Computing in Cardiology (CinC)*, Rennes, France, 2017, pp. 1–4, doi: 10.22489/CinC.2017.178-245.

[8] F. Liu, C. Liu, L. Zhao, *et al.*, "An open access database for evaluating the algorithms of electrocardiogram rhythm and morphology abnormality detection," *Journal of Medical Imaging and Health Informatics*, vol. *8*, no. 7, pp. 1368–1373, 2018, doi:10.1166/jmihi.2018.2442.

[9] T. M. Chen, C. H. Huang, E. S. Shih, *et al.*, "Detection and classification of cardiac arrhythmias by a challenge-best deep learning neural network model," *Iscience*, vol. 23, no. 3, pp. 1–7, 2020, doi: 10.1016/j.isci.2020.100886.

[10] G. K. Andrikopoulos, P. E. Dilaveris, D. J. Richter, *et al.*, "Increased variance of P wave duration on the electrocardiogram distinguishes patients with idiopathic paroxysmal atrial fibrillation," *Pacing and Clinical Electrophysiology*, vol. 23, no. 7, pp. 1127–1132, 2000, doi: 10.1111/j.1540-8159.2000.tb00913.x.

[11] K. Aytemir, N. ÖZER, E. Atalar, *et al.*, "P wave dispersion on 12-lead electrocardiography in patients with paroxysmal atrial fibrillation," *Pacing and Clinical Electrophysiology*, vol. 23, no. 7, pp. 1109–1112, 2000, doi: 10.1111/j.1540-8159.2000.tb00910.x.

[12] S. Ladavich and B. Ghoraani, "Rate-independent detection of atrial fibrillation by statistical modeling of atrial activity," *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 18, pp. 274–281, 2015, doi: 10.1016/j.bspc.2015.01.007.

[13] J. Lian, L. Wang, and D. Muessig, "A simple method to detect atrial fibrillation using RR intervals," *The American journal of cardiology*, vol. 107, no. 10, pp. 1494–1497, 2011, doi: 10.1016/j.amjcard.2011.01.028.

[14] C. Huang, S. Ye, H. Chen, *et al.*, "A novel method for detection of the transition between atrial fibrillation and sinus rhythm," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 58, no. 4, pp. 1113–1119, 2010, doi: 10.1109/TBME.2010.2096506.

[15] R. Couceiro, P. Carvalho, J. Henriques, *et al.*, "Detection of atrial fibrillation using model-based ECG analysis," in *Proc. IEEE 19th Int. Conf. on pattern recognition*, pp. 1–5, 2008, doi: 10.1109/ICPR.2008.4761755.

[16] S. Babaeizadeh, R. E. Gregg, E. D. Helfenbein, *et al.*, "Improvements in atrial fibrillation detection for real-time monitoring," *Journal of electrocardiology*, vol. 42, no. 6, pp. 522–526, 2009, doi: 10.1016/j.jelectrocard.2009.06.006.

[17] S. Asgari, A. Mehrnia, and M. Moussavi, "Automatic detection of atrial fibrillation using stationary wavelet transform and support vector machine," *Computers in biology and medicine*, vol. 60, pp. 132–142, 2015, doi: 10.1016/j.compbiomed.2015.03.005.

[18] X. Xu, S. Wei, C. Ma, *et al.*, "Atrial fibrillation beat identification using the combination of modified frequency slice wavelet transform and convolutional neural networks," *Journal of Healthcare Engineering*, pp. 1–8, 2018, doi: 10.1155/2018/2102918.

[19] Y. Xia, N. Wulan, K. Wang, *et al.*, "Detecting atrial fibrillation by deep convolutional neural networks," *Computers in Biology and Medicine*, vol. 93, pp. 84-92, 2018, doi: 10.1016/j.compbiomed.2017.12.007.

[20] R. Salloum and C. C. J. Kuo, "ECG-based biometrics using recurrent neural networks," in *Proc. IEEE Inter. Conf. Acoustics, Speech and Signal Processing (ICASSP)*, New Orleans, LA, USA, 2017, pp. 2062-2066, doi: 10.1109/ICASSP.2017.7952519.

[21] M. Kachuee, S. Fazeli, and M. Sarrafzadeh, "ECG Heartbeat Classification: A Deep Transferable Representation," in Proc. *IEEE Inter. Conf. healthcare informatics (ICHI)*, New York, NY, USA, 2018, pp. 443-444, doi: 10.1109/ICHI.2018.00092.

[22] K. Weimann and T. O. Conrad, "Transfer learning for ECG classification," *Scientific reports*, vol. 11, no. 1, 2021, doi: 10.1038/s41598-021-84374-8.

[23] N. Strodthoff, P. Wagner, T. Schaeffter, *et al.*, "Deep learning for ECG analysis: Benchmarks and insights from PTB-XL," *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*, vol. 25, no. 5, pp. 1519-1528, 2020, doi: 10.1109/JBHI.2020.3022989.

[24] A. Mostayed, J. Luo, X. Shu, *et al.*, "Classification of 12-Lead ECG Signals with Bi-Directional LSTM Network," 2018. Online. Available: http://arxiv.org/abs/1811.02090. [Accessed July 15, 2023].

[25] J.R.G. de Santana, M.G.F. Costa, and C.F.F.C. Filho, "A New Approach to Classify Cardiac Arrythmias Using 2D Convolutional Neural Networks," in *Proc. IEEE 43rd Annu. Int. Conf. IEEE Eng. Med. Biol. (EMBC)*, 2021, pp. 566-570, doi: 10.1109/EMBC46164.2021.9630938.
[26] M. B. Alkmim, R. M. Figueira, M. S. Marcolino, *et al.*, "Improving patient access to specialized health care: the Telehealth Network of Minas Gerais, Brazil," *Bulletin of the World Health Organization*, vol. 90, pp. 373-378, 2012, doi: 10.2471/BLT.11.099408.
[27] G.Huang, Z. Liu, L. V. D. Maaten, *et al.*, "Densely connected convolutional networks," in *Proc. IEEE Conf. computer vision and pattern recognition (CVPR*), Honolulu, HI, USA, 2017, pp. 2261-2269, doi: 10.1109/CVPR.2017.243.
[28] Z. Yu, V. Ramanarayanan, D. Suendermann-Oeft, *et al.*, "Using bidirectional LSTM recurrent neural networks to learn high-level abstractions of sequential features for automated scoring of non-native spontaneous speech, " in *2015 IEEE Workshop on Automatic Speech Recognition and Understanding (ASRU)*, Scottsdale, AZ, USA, 2015, pp. 338-345, doi: 10.1109/ASRU.2015.7404814.
[29] Z. C. Lipton, J. Berkowitz, and C. Elkan, "A critical review of recurrent neural networks for sequence learning," *arXiv preprint arXiv:1506.00019*, doi: 10.48550/arXiv.1506.00019.