

Detecção de Anormalidades em Sons Pulmonares Baseada em FFT e Máquinas de Vetores Suporte

Frederico Lucas de Oliveira Mota¹, Guilherme Lopes Dias¹, Eduardo Godinho Ribeiro¹, Bruno Henrique Groenner Barbosa¹, Danton Diego Ferreira¹ e Ernesto Lippi Neto²

¹ Universidade Federal de Lavras, Lavras MG 37200-000, Brasil
frederico.mota@outlook.com, guilherme.dias@medicina.ufla.br,
eduardogr.eng@gmail.com, brunohb@deg.ufla.br, danton@deg.ufla.br

² Hospital Vaz Monteiro, Lavras MG 37200-000, Brasil
ernestolippi@outlook.com

Resumo A ausculta pulmonar é uma técnica difundida para fins de diagnóstico de doenças respiratórias. Porém, sua adequada aplicação é dependente da experiência do executor e de um ambiente adequado. Com o avanço das pesquisas na área de reconhecimento de padrões, diversos trabalhos, com a finalidade de detectar doenças pulmonares, têm implementado sistemas para o processamento de sons respiratórios e detecção de eventos com a finalidade de proporcionar diagnósticos mais precisos. Este trabalho apresenta uma abordagem de classificação destes sons pulmonares entre vesiculares e adventícios baseada em Transformada Rápida de Fourier (FFT) e Máquina de Vetores Suporte (SVM). Para extração de características dos sons utilizou-se as FFTs que então são avaliadas por meio de um Algoritmo Genético que trabalha em consonância com o melhor *score* de classificação da SVM com kernel linear. Foi possível a classificação dos sons pulmonares entre vesiculares e adventícios com 100% de acerto utilizando apenas 5 características.

Palavras-chave: Máquina de vetores de suporte · Sons pulmonares · Transformada Rápida de Fourier

1 Introdução

Sons respiratórios são troadas que advêm da turbulência aérea da respiração juntamente com a vibração das estruturas pulmonares [1]. Este tipo de som recebe duas classificações básicas, sons normais e adventícios. No conjunto dos adventícios, também chamados de anormais, estão incluídos sibilos polifônicos e monofônicos, estertores grossos e finos, dentre outros. A presença dos mesmos, costumeiramente, indica problemas e desordens pulmonares que, muitas vezes, prejudicam a vida de seus portadores e podem levar a óbito. As doenças crônicas respiratórias constituem a 4^a principal causa de morte de adultos em todas as regiões do mundo [2]. Na figura 1 pode-se visualizar alguns sons no domínio do tempo e na frequência.

A avaliação dos sons respiratórios no processo de diagnóstico médico é uma prática comum, e de extrema importância, para a detecção e distinção adequada

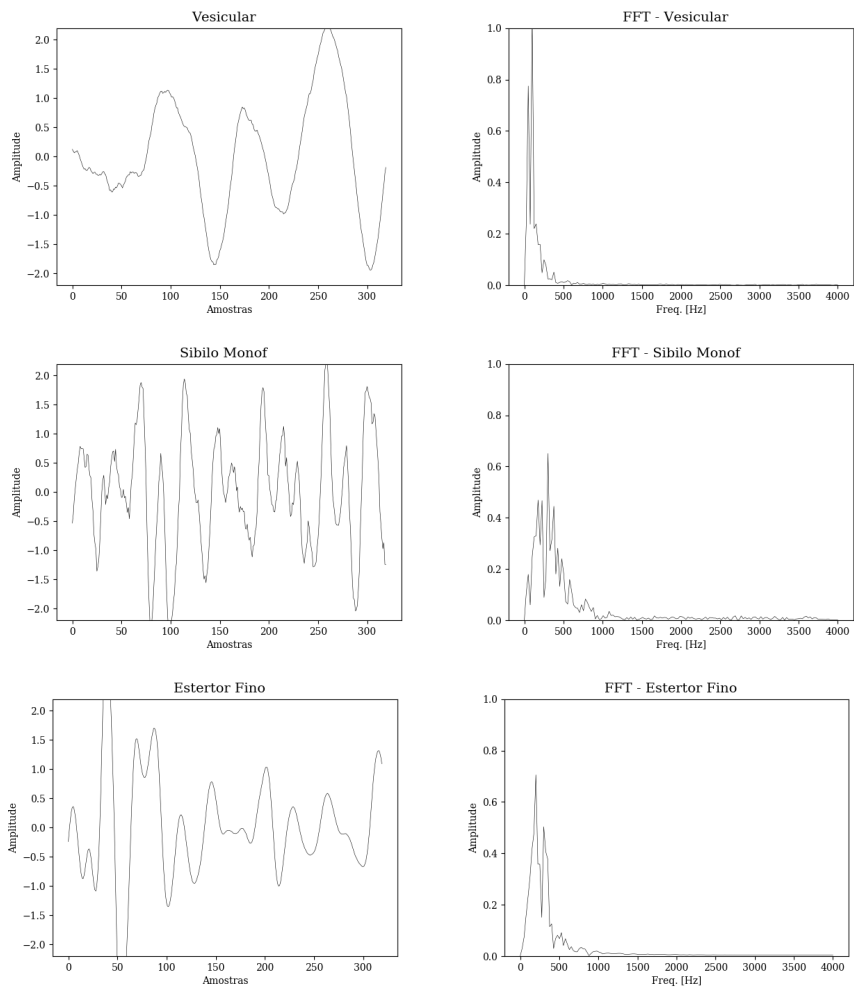


Figura 1. Alguns tipos de sons respiratórios: Normal (vesicular) e Adventícios (Sibilo Monofônico e Estertor Fino).

de sons adventícios com a finalidade de alcançar o diagnóstico correto [3]. Esta análise é feita por meio de ausculta pulmonar que é definida como uma técnica de diagnóstico não invasiva, segura, que não necessita de grandes recursos financeiros para ser executada e é uma das mais antigas utilizadas pelos médicos para diagnosticar várias doenças pulmonares [4].

Embora a técnica de ausculta seja comum e cotidiana, muitos profissionais têm dificuldades ao implementá-la. A pesquisa realizada, com enfermeiras, por [5], demonstra que das 41 respostas de 29 respondentes, 39 % das citações eram

referentes a dificuldades para realizar a ausculta. Outra questão referente a esta técnica é sua grande dependência da experiência e habilidade do executor, ao ponto de, se realizada em situações não ideais, a detecção de sons pulmonares adventícios tornar-se difícil, ou até mesmo, impossível [6].

Com o advento de novas formas de captação, como microfones de eletreto com câmara de acoplamento e acelerômetros, e o processamento digital de sinais, com maior qualidade, é possível empregar métodos computacionais para realizar análises destes sons [7]. Desta forma é possível diminuir a influência das limitações conhecidas do sistema auditivo humano ao identificar anormalidades nos sons respiratórios sobre diferentes circunstâncias e obter diagnósticos mais confiáveis [6].

Sob o escopo da utilização de métodos computacionais para realizar diagnósticos diversos, pesquisadores têm encontrado nas técnicas de reconhecimento de padrões a possibilidade de realizar detecções e classificações automáticas de anomalias em sons respiratórios. Por exemplo, em [8] foi realizada uma pesquisa para classificação automática de sons respiratórios adventícios para auxílio em diagnóstico de pneumonia, onde um *software* identificava automaticamente os sons coletados em classes como sibilos, roncos, estertores finos, estertores grossos e grasnidos (sibilo acompanhado de crepitação).

Em [9] foi realizada uma comparação de métodos de extração de características e classificação de sons pulmonares normais e sibilos. Outro trabalho relevante é apresentado em [10] em que, por meio de redes neurais artificiais, classifica sons pulmonares em seis categorias: normal, sibilo, estertor, grasnidos, estridor ou ronco. Em [13] estatísticas de ordem superior são empregadas em uma abordagem dividir para conquistar para classificação de diversos tipos de sons pulmonares. Em [11] foi realizada uma revisão sistemática de uma gama de estudos em que é implementada análise computacional de sons pulmonares.

Este trabalho apresenta o procedimento necessário para implementação de um sistema de classificação de sons pulmonares e realiza uma discussão sobre a qualidade e eficiência do mesmo. Utiliza para extração de características dos sons a Transformada Rápida de Fourier (*Fast Fourier Transform* - FFT) e para a seleção das melhores características é feito o uso de Algoritmos Genéticos - AG [14]. Por fim, para classificação dos sons respiratórios, em normais e anormais, a máquina de vetores suporte (*Support Vector Machine* - SVM) [15], [16] é implementada.

Na próxima seção é explicado o método utilizado, detalhando-se o banco de dados, a extração de características e o classificador. A seção 3 traz os resultados encontrados e uma pequena discussão acerca da adequação do método. A seção 4 apresenta as conclusões.

2 Materiais e Métodos

A metodologia considerada na resolução do problema consiste na extração de características do sinal de áudio por meio da Transformada Rápida de Fourier. Esta ferramenta se mostrou útil, uma vez que existe diferenciação na faixa de

frequências dominantes em sons normais e adventícios. O som normal da respiração usualmente apresenta dominância abaixo dos 100Hz [17], fato não observado nas outras classes que compõem os sons adventícios.

Posteriormente, já no domínio da frequência, foi obtido apenas o módulo dos dados, que foram entregues ao sistema de redução de dimensionalidade, representado pelo algoritmo genético. Por meio deste é possível selecionar os melhores índices da FFT de modo a caracterizar as classes consideradas com a menor quantidade possível de características.

Por fim, o melhor conjunto de características selecionado é utilizado a fim de treinar uma máquina de vetores suporte que, por sua vez, é capaz de relacionar o conjunto de dados, características, a classe normal (vesicular) ou a classe anormal (adventício). Nesta etapa, também é realizada a validação do modelo. Todo este esquema está disposto na figura 2 e cada uma de suas etapas será detalhada em seguida.

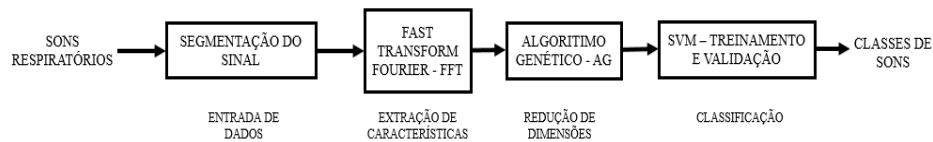


Figura 2. Resumo esquemático do método proposto

2.1 Dados de entrada

Para geração das amostras foi utilizado o banco de dados de [18], composto por sons pulmonares normais e anormais amostrados a taxa de 8kHz. Os sinais foram previamente normalizados com média nula e variância unitária. No total tem-se 360 sinais compostos por 320 amostras, obtidos a partir do janelamento do banco de dados de áudio disponível.

Os dados foram divididos em conjuntos de treino e teste do detector proposto, obedecendo a fração de um terço para teste. As Tabelas 1 e 2 detalham o número de sinais de cada classe.

2.2 Extração de características

O algoritmo utilizado para extrair características foi desenvolvido por [19] e nomeado Transformada Rápida de Fourier. Para calcular todos os valores espectrais

Tabela 1. Dados para treino

Classe	Nº Amostras
Vesicular	120
Sib. Polifônico	30
Sib. Monofônico	30
Est. Fino	30
Est. Grosso	30
Total	240

Tabela 2. Dados para teste

Classe	Nº Amostras
Vesicular	60
Sib. Polifônico.	15
Sib. Monofônico.	15
Est. Fino	15
Est. Grosso	15
Total	120

de X , são necessárias N^2 multiplicações complexas, ao passo que a FFT processa apenas $2N \log_2 N$ multiplicações complexas. Este algoritmo, implementado em MATLAB, é o que torna a transformada de Fourier acessível para processamento digital de sinais [12]. Tendo em vista a classificação de sinais por meio dos coeficientes da série de Fourier, empregada por [20], propõe-se a utilização dos módulos da FFT para classificação de sons respiratórios.

Excluindo-se a simetria conjugada do sinal resultante, tem-se, por fim, um vetor de 160 características do sinal. A etapa seguinte visa a redução da dimensionalidade deste vetor.

2.3 Redução da dimensionalidade

O Algoritmo Genético [21] é uma técnica que possibilita a busca por soluções ótimas inspirado na evolução biológica. Sua utilização depende de parâmetros de ajuste como as probabilidades de mutação e de cruzamento de indivíduos (*crossing over*), tamanho da população e número de gerações. A implementação deste algoritmo leva à seleção do melhor indivíduo, o qual possui as melhores características, dentre toda a população. Sendo assim, neste trabalho, esta abordagem foi utilizada para restringir o domínio de características possíveis de serem utilizadas e reduzir o custo computacional.

Primeiramente, são criados indivíduos (cromossomos) com n posições, correspondentes aos índices do vetor da FFT dos sinais de áudio a serem utilizados, podendo cada posição variar em números inteiros entre 1 e 160. Para avaliação desses indivíduos, é considerado o desempenho resultante do treinamento de uma máquina de vetores suporte com os índices selecionados pelo indivíduo como fator de seleção dos mais aptos. Então, com os dados de treinamento o desempenho é analisado a partir do método k-fold, logo utiliza-se a maior média de *scores* (para os 5 *folds*) de acertos na classificação do conjunto de dados entre normal e anormal, ou seja, quanto maior o acerto mais apto o indivíduo está, isso associado então ao algoritmo de otimização que é o algoritmo genético. Tal procedimento é realizado pela roleta não-viciada e é feito para diminuir a chance de influenciar o resultado em decorrência de se utilizar um número não expressivo de dados para o treinamento. Após a etapa de seleção, o algoritmo efetua cruzamentos do tipo *single point* do módulo de métodos de cruzamento

do *PyEvolve 0.6* e realiza mutação do tipo *swap* do módulo de métodos de mutação do *PyEvolve 0.6* para formar uma nova população. Esta população tende a possuir melhores cromossomos (características) e sua eficácia será avaliada na próxima iteração do algoritmo. A taxa de cruzamento e de mutação são parâmetros previamente definidos e o critério de parada é o número de gerações, também escolhido previamente como parâmetro inicial. Os parâmetros utilizados são apresentados na Tabela 3 e um resumo esquemático do algoritmo é visto na Figura 3.

Tabela 3. Parâmetros do algoritmo genético

Taxa de cruzamento	Taxa de mutação	Número de gerações	População
0.65	0.3	200	100

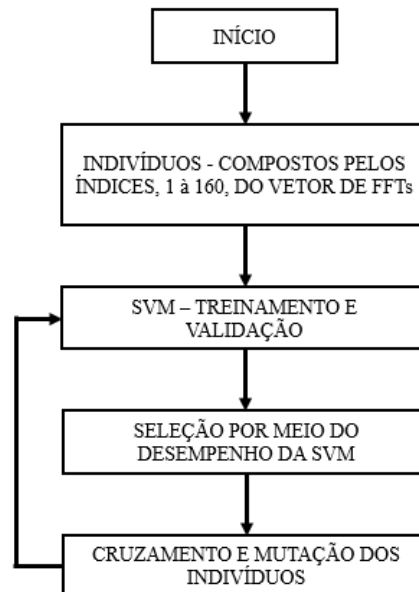


Figura 3. Etapas do Algoritmo Genético.

2.4 Classificação

O uso de máquina de vetores suporte tem sido considerado em problemas de classificação como uma alternativa a métodos convencionais, como as redes neurais artificiais. Sua teoria foi desenvolvida por [15] e se trata de uma técnica supervisionada de aprendizado de máquina.

Seu treinamento baseia na busca de um hiperplano ótimo de separação entre classes em um espaço multidimensional. Os chamados vetores suporte, que se posicionam no limite de suas classes servirão de base para o cálculo deste hiperplano central, ótimo.

Muitas vezes, a aplicação de um método puramente linear pode sofrer com *outliers* ou levar a classificação equivocada. Para superar esta deficiência pode-se delimitar uma certa folga na classificação, o parâmetro *soft-margin*. Porém, mesmo com este parâmetro, pode ser provável, em alguns problemas, que o algoritmo não consiga separar as classes.

A solução para tal situação consiste em mapear os dados em análise para uma dimensão maior, na qual estes dados se mostrem linearmente separáveis. Este artifício é implementado por meio das funções *kernel*, sendo a polinomial, a gaussiana e a radial as mais conhecidas.

A formulação matemática pode ser resumida como se segue.

A minimização da distância entre dois hiperplanos leva a um problema dual de otimização quadrática que visa maximizar a seguinte equação:

$$\sum_{i=1}^n \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n y_i y_j \alpha_i \alpha_j \mathbf{x}_i \cdot \mathbf{x}_j, \quad (1)$$

sujeita às restrições:

$$\sum_{i=1}^n y_i \alpha_i = 0, \quad (2)$$

$$0 \leq \alpha_i \leq C, i = 1, \dots, n; \quad (3)$$

em que α_i representam os multiplicadores de Lagrange, C é o critério de suavização das margens x_i e y_i representam o conjunto de dados de treinamento.

O seguinte par (\mathbf{w}^*, b^*) (Eq. 4 e Eq. 5) define o hiperplano ótimo:

$$\mathbf{w}^* = \sum_{i=1}^n \alpha_i^* y_i x_i, \quad (4)$$

$$b^* = \frac{1}{2} [\max\{i | y_i = -1\}(\mathbf{w}^* \cdot \mathbf{x}_i) + \min\{i | y_i = +1\}(\mathbf{w}^* \cdot \mathbf{x}_i)]. \quad (5)$$

Após a definição dos parâmetros na etapa de treinamento, a fase de teste se baseia na classificação de amostras mediante a lei indicada na Eq. 6:

$$g(x) = \text{sgn}(f(x)) = \text{sgn}\left(\sum_{x_i \in SV} \alpha_i^* y_i \mathbf{x}_i \cdot \mathbf{x} + b^*\right), \quad (6)$$

em que o resultado de $g(x)$ pode ser $+1$ ou -1 se o valor de $f(x)$ for > 0 ou < 0 respectivamente.

A SVM proposta aqui, cujo parâmetro C é 1 e α varia de acordo com o conjunto de dados utilizados para treinamento, é a mais simples possível, com *kernel* linear, o *soft-margin* igual a 1 e a separação binária. O conjunto de teste então é enviado à SVM, e utilizando os índices de melhores características obtido na fase de treinamento do modelo, é obtido a porcentagem de acerto do método para a classificação.

Todo treinamento, classificação e validação do modelo proposto foi realizada em Python. Utilizou-se o algoritmo genético da biblioteca *PyEvolve Genetics Algorithms 0.6* e a SVM da biblioteca *Scikit-Learn Machine Learning in Python 0.18.2*

Na próxima seção, os resultados obtidos serão apresentados.

3 Resultados e Discussão

Destaca-se primeiramente, que a partir da observação do hiperplano de separação utilizado pela SVM, em parte do conjunto dos dados, pode-se perceber que as classes (som pulmonar vesicular ou adventício) são linearmente separáveis. A figura 4 exemplifica o fato para um pequeno conjunto de dados considerando-se apenas duas características.

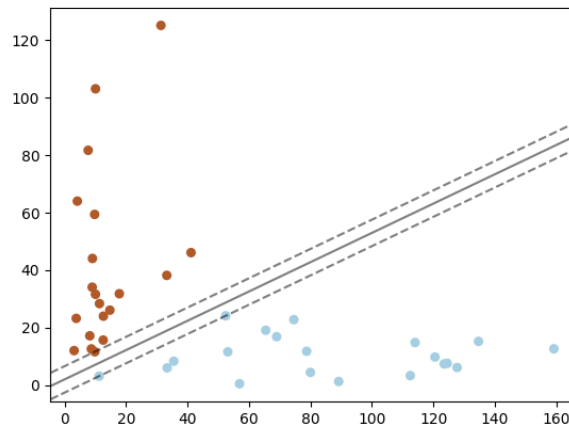


Figura 4. Representação gráfica no hiperplano de parte dos dados usados na SVM.

Utilizando o conjunto dos dados de teste supracitados e fixando-se o número de características (índices da FFT) utilizadas na classificação pela SVM como:

2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 12, 14, 23, 30, 37, 61 ou 71; foi possível obter um gráfico comparativo de porcentagem de acertos relativo a esse número, como pode ser visualizado na figura 5. É interessante perceber que para a validação do modelo utilizou-se o método *k-fold cross validation* perfazendo 5 *folds* para cada conjunto de características. Além disso, quando a quantidade de características não foi limitada (ou seja, cada indivíduo possuía 160 posições) o algoritmo genético tendeu a utilizar cerca de 70 características e não todas as 160 possíveis, demonstrando que a utilização demasiada de características na classificação não traz os melhores resultados.

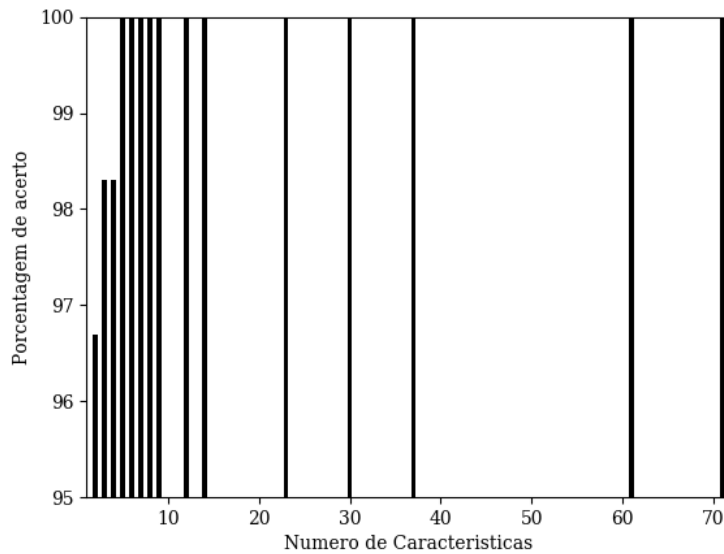


Figura 5. Porcentagem de acertos da classificação da SVM para diferentes números de características (índices da FFT), em validação cruzada.

Acima de tudo é importante perceber que utilizando apenas 2 frequências para a classificação o resultado foi de 96,7% de acerto na classificação, enquanto que 3 e 4 frequências o resultado foi de 98,3% e a partir de 5 foi possível detectar em 100% dos casos um som pulmonar entre normal (vesicular) e adventício. Como o resultado máximo é obtido utilizando apenas 5 características fica evidente que a utilização de mais valores é desnecessária para a detecção, ou seja, utilizar todas as características só eleva o custo computacional de classificação de forma desnecessária.

Os cinco melhores índices obtidos foram [12, 13, 16, 23, 157] ou [3, 15, 16, 18, 155] reforçando a observação visual apresentada na figura 1, indicando que os

primeiros índices do vetor da FFT são mais variados entre as classes e, portanto, seriam melhores critérios de separação entre as mesmas. Em [11] são apresentados diversos trabalhos de classificação onde dois deles, que utilizam metodologia similar, aliados ao uso do FFT como característica apresentam 80.9% e 95% como resultado correto de classificação. Já em [22], foi encontrado, ao utilizar SVM, um porcentagem de acerto de 81.1%. Portanto, percebe-se que os resultados encontrados neste trabalho estão em consonância com os trabalhos supracitados.

4 Conclusão

Neste trabalho foi apresentado um procedimento para elaboração de um modelo para classificação de sons pulmonares, normais e adventícios. Estes sons foram trabalhados no domínio da frequência por meio da transformada rápida de Fourier e classificados por máquinas de vetores suporte. Os resultados obtidos demonstram a efetividade do método proposto, afirmando a adequação das técnicas do domínio da frequência, para extração de características, e de aprendizado de máquina na classificação automática de sons pulmonares, obtendo-se 100% de acerto na classificação quando se utiliza 5 ou mais características. Sons normais e adventícios, representados por 4 classes, foram diferenciados por meio de inteligência computacional, fato que reitera o teor pragmático desta área de estudo.

Os autores pretendem, em trabalhos futuros, construir seu próprio banco de dados, mais extenso, a partir de circuito de captação já projetado. O método proposto será então, novamente testado e sua generalização avaliada. Pretende-se também fazer uso de outros métodos de classificação para fins de comparação além de buscar diferentes métodos para extração de características, que podem auxiliar na queda do custo computacional e simplificar a implementação em *hardware*.

Agradecimentos

Agradecimento ao CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico) e a FAPEMIG (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais) pelos recursos financeiros destinados a execução do projeto, sem os quais seria improvável a realização do mesmo.

Referências

1. Dalmay, F., Antonini, M. T., Marquet, P., Menier, R.: Acoustic properties of normal chest. *European Respiratory Journal*. 8, 1761–1769 (1995)
2. Camargos, P. A. M., Jardim, J. R., Rosário Filho, N. A., Machado, M. C. L., Barreto, M. L., Silva, C. M. P. C.: Aliança global contra doenças respiratórias crônicas – GARD no Brasil. *Gaz Méd Bahia*. 78.2, 69–74 (2008)

3. Reichert, S., Gass, R., Brandt, C., Andrès, E.: Analysis of respiratory sounds: state of the art. *Clinical Medicine Insights: Circulatory, Respiratory and Pulmonary Medicine*. 2, 45–58 (2008)
4. Sarkar, M., Madabhavi, I., Niranjana, N., Dogra, M.: Auscultation of the respiratory system. *Annals of thoracic medicine*. 10.3, 158–168 (2015)
5. Takahashi, A. A., Barros, A. L. B. L., Michel, J. L. M., Souza, M. F.: Dificuldades e facilidades apontadas por enfermeiras de um hospital de ensino na execução do processo de enfermagem. *Acta paul enferm*. 21.1, 32–8 (2008)
6. Kiyokawa, H., Greenberg, M., Shiota, K., Pasterkamp, H.: Auditory detection of simulated crackles in breath sounds. *CHEST Journal*. 119.6, 1886–1892 (2001)
7. Pasterkamp, H., Kraman, S. S., Wodicka, G. R.: Respiratory sounds. *Advances beyond the stethoscope. Am J Respir Crit Care Med*. 156, 974–987 (1997)
8. Murphy, R. L., Vyshedskiy, A., Power-Charnitsky, V. A., Bana, D. S., Marinelli, P. M., Wong-Tse, A., Paciej, R.: Automated lung sound analysis in patients with pneumonia. *Respiratory Care*. 49.12, 1490–1497 (2004)
9. Bahoura, M.: Pattern recognition methods applied to respiratory sounds classification into normal and wheeze classes. *Computers in biology and medicine*. 39.9, 824–843 (2009)
10. Kandaswamy, A., Kumar, C. S., Ramanathan, R. P., Jayaraman, S., Malmurugan, N.: Neural classification of lung sounds using wavelet coefficients. *Computers in Biology and Medicine*. 34.6, 523–537 (2004)
11. Gurung, A., Scrafford, C. G., Tielsch, J. M., Levine, O. S., Checkley, W.: Computerized lung sound analysis as diagnostic aid for the detection of abnormal lung sounds: A systematic review and meta-analysis. *Respiratory medicine*. 105.9, 1396–1403 (2011)
12. Lathi, B. P.: *Linear systems and signals*. Vol. 2. Oxford University Press, New York (2005)
13. Naves, R.; Barbosa, B. H. G. e Ferreira, D. D. Classification of lung sounds using higher-order statistics: A divide-and-conquer approach. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 129, 12–20 (2016)
14. Davis, L.: *Handbook of genetic algorithms*. Van Nostrand Reinhold, New York (1991)
15. Vapnik, V.: *The Nature of Statistical Learning Theory*. Springer-Verlag, New York (1995)
16. Cortes, C., Vapnik, V.: Support-vector networks. *Machine learning*. 20.3, 273–297 (1995)
17. Gavriely, N., Palti, Y. O. R. A. M., Alroy, G.: Spectral characteristics of normal breath sounds. *Journal of Applied Physiology*. 50.2, 307–314 (1981)
18. Lehrer, S.: *Entendendo os sons pulmonares*. 3ª edição. Editora Roca Ltda, São Paulo (2004)
19. Cooley, J. W., Tukey, J. W.: An algorithm for the machine calculation of complex Fourier series. *Mathematics of computation*. 19.90, 297–301 (1965)
20. Biau, G., Bunea, F., Wegkamp, M. H.: Functional classification in Hilbert spaces. *IEEE Transactions on Information Theory*. 51.6, 2163–2172 (2005)
21. Holland, J. H.: *Adaptation in natural and artificial systems: an introductory analysis with applications to biology, control, and artificial intelligence*. MIT press (1992)
22. Serbes, G., Sakar, C. O., Kahya, Y. P. and Aydin, N.: Pulmonary crackle detection using time–frequency and time–scale analysis. *Digital Signal Processing*. 23.3, 1012–1021 (2013)