

ПОРІВНЯЛЬНИЙ АНАЛІЗ АЛГОРИТМІВ КЛАСИФІКАЦІЇ ПРИ АНАЛІЗІ МЕДИЧНИХ ЗОБРАЖЕНЬ ЗА ВІДЕОДАНИМИ СПЕКЛ-ТРЕКІНГ ЕХОКАРДІОГРАФІЇ

О.О. Петруніна¹, Д.О. Шевага¹, В.О. Бабенко^{1*}, В.А. Павлов¹, С.В. Рисін^{1,2}, Є.А. Настенко^{1,2}

¹КПІ ім. Ігоря Сікорського, Київ, Україна

²Національний інститут серцево-судинної хірургії імені М.М. Амосова, Київ, Україна

*Corresponding author: vbabenko2191@gmail.com

Received 21 Juny 2021; Accepted 31 August 2021

Проблематика. Машинне навчання дає змогу застосувати різні інтелектуальні алгоритми для отримання діагностичних та(або) прогностичних моделей. Подібні моделі можуть бути використані для визначення функціонального стану серця, який діагностується за допомогою спекл-трекінг ехокардіографії. Для того щоб детально визначити стан серця пацієнта, в машинному навчанні використовується підхід класифікації. Кожен із алгоритмів класифікації має різну ефективність при застосуванні в певних ситуаціях. Тому актуальною задачею є визначення найбільш ефективного алгоритму для розв'язання конкретної задачі класифікації стану серця пацієнта при застосуванні однакового масиву даних спекл-трекінг ехокардіографії.

Мета. Оцінити ефективність застосування прогностичних моделей логістичної регресії, методу групового урахування аргументів (МГУА), випадкового лісу і адаптивного бустингу (AdaBoost) при побудові алгоритмів підтримки прийняття медичних рішень щодо діагностики ішемічної хвороби серця.

Методика реалізації. Для виконання дослідження використано відеодані спекл-трекінг ехокардіографії 40 пацієнтів із наявністю ішемічної хвороби серця та 16 осіб, у яких патологію серця виявлено не було. Ехокардіографія реєструвалась у В-режимі в трьох позиціях: по довгій вісі, у 4-камерній та 2-камерній позиціях. Як об'єкти для класифікації були взяті кадри ехокардіографії, що відображають систолу та діастолу серця (таких усього виявилось 308 зразків). Для отримання інформативних ознак вибраних об'єктів було застосовано підхід генетичного МГУА для виявлення найкращої структури гармонічних текстурних ознак. Порівнювалась ефективність таких алгоритмів класифікації: метод логістичної регресії, класифікатор МГУА, метод випадкового лісу та метод AdaBoost.

Результати. Побудовано 4 моделі класифікації для кожної із трьох позицій В-режиму ехокардіографії. Для цього вибірки даних були розбиті на 3: навчальну (60%), валідаційну (20%) і тестову (20%). Об'єктивне оцінювання моделей на тестовій вибірці показало, що найкращим методом класифікації є випадковий ліс (90,3% точності на 4-камерній позиції ехокардіографії, 74,2% на 2-камерній і 77,4% на довгій вісі). Це також було підтверджено за допомогою ROC-аналізу, де в усіх випадках випадковий ліс виявився найбільш ефективним у класифікації стану серця.

Висновки. Визначено найкращий алгоритм класифікації в діагностиці стану серця за спекл-трекінг ехокардіографією. Ним виявився випадковий ліс, що можна пояснити ансамблевим підходом бегінгу, який закладений у цьому методі класифікації. Саме він і буде опорою при проведенні подальших досліджень, які планується виконувати для розробки повноцінної системи підтримки прийняття рішень при діагностиці серця.

Ключові слова: алгоритми класифікації; аналіз медичних зображень; спекл-трекінг ехокардіографія; стан серця; ішемічна хвороба серця; гармонічні структури; логістична регресія; метод групового урахування аргументів; випадковий ліс; адаптивний бустинг.

Вступ

Застосування потужної обчислювальної техніки, інтенсивний розвиток засобів штучного інтелекту та, як його складової, методів машинного навчання дає можливість перевести на новий рівень діагностику найбільш поширених і найбільш тяжких захворювань.

Одним із найсучасніших методів діагностики ішемічної хвороби серця (ІХС) є ехокардіо-

графія (ЕЧГ) із застосуванням медикаментозних (зазвичай – добутаміну) та фізичних навантажень у поєднанні зі спекл-трекінг ехокардіографією (СТЕ) [1, 2]. Він дає змогу суттєво уточнити покази та протипокази до коронароангіографії (КАГ), що істотно знижує вартість лікувально-діагностичних заходів. Розроблені останнім часом математичні моделі медичної діагностики та прогнозування разом із формуванням масивів медичних даних великого об-

сягу привели до інтенсивного створення різноманітних систем підтримки прийняття медичних рішень.

Було доведено [3, 4], що використання машинного навчання і текстурного аналізу для прогнозування стану серця за відеоданими STE є доцільним. У роботі [3] використовувався метод випадкового лісу, який дав змогу отримати високоточні моделі класифікації (точність на тестовій вибірці варіювалась від 97 до 99%). Робота [4] представляє подібне дослідження, але з використанням методу групового урахування аргументів (МГУА), яке дало меншу точність на тестовій вибірці (точність варіювалась у межах 75,2–97,4%), але перспективну для виконання подальших досліджень.

Крім згаданих вище алгоритмів випадкового лісу та МГУА, існують інші, не менш перспективні для розгляду алгоритми класифікації. Усі вони потребують виконання порівняльного аналізу й оцінки їхньої ефективності. Визначення кількісних характеристик ефективності розроблених прогностичних моделей, побудованих на базі вказаних алгоритмів, є безумовно актуальною задачею.

Не менш актуальним є формування змісту і структури вхідних даних, які мають бути найбільш інформативними для побудови моделей із високоточними характеристиками. За результатами попередніх досліджень [3, 4] застосування методів текстурного аналізу для формування масивів вихідних даних показало високу інформативність такого підходу.

Дійсне дослідження присвячене порівняльному аналізу якості прогностичних моделей різних алгоритмів класифікації (включаючи ті, що використовувались у попередніх роботах) із застосуванням однакового за складом і структурою вихідного масиву спостережень та оцінюванню якості вказаних моделей [3, 4, 6].

Мета нашої роботи роботи – оцінити ефективність застосування прогностичних моделей логістичної регресії, МГУА, випадкового лісу й адаптивного бустингу (AdaBoost) при побудові алгоритмів підтримки прийняття медичних рішень щодо діагностики ішемічної хвороби серця.

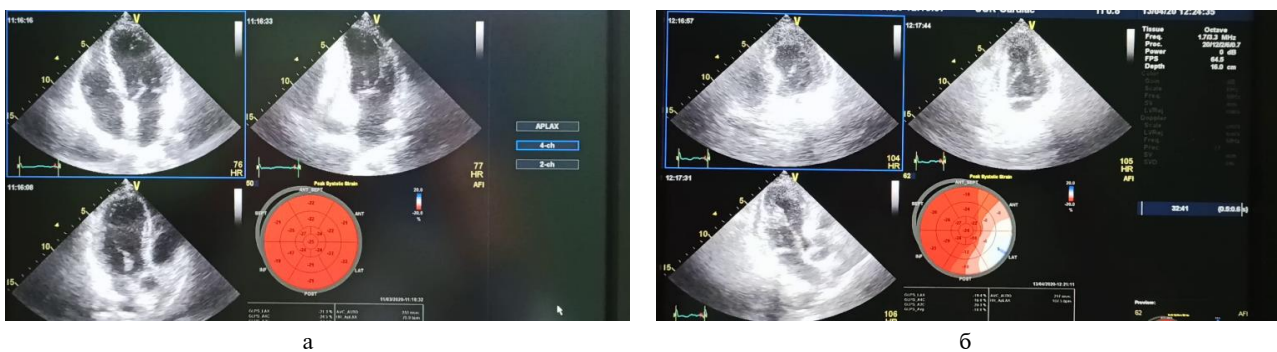
Матеріали і методи

Усього для дослідження Інститутом серцево-судинної хірургії імені М.М. Амосова було надано 154 відео STE 56 пацієнтів із підозрою на ІХС (у 16 із них, під час обстежень, порушень кінематики міокарда виявлено не було) [3, 4]. Усі дані є анонімізованими.

Ці відео відображають серцевий цикл. Вони були розбиті на окремі кадри (фрейми), де перший кадр відображає систолу серця, а останній – діастолу. Під час дослідження було запропоновано використовувати лише ці кадри (на відміну від робіт [3, 4]), оскільки, на думку спеціалістів, вони є найбільш інформативними під час діагностики. Після обрізання усіх фреймів з відео та виділення систоли і діастоли в результаті було отримано 308 об'єктів для класифікації. Приклад подібних об'єктів зображений на рис. 1 [3].

Як можна побачити із зображень на рис. 1, на STE є 3 різних проекції (рис. 2): довга вісь, 4-камерна та 2-камерна позиції.

Таким чином, маємо 3 однакові задачі класифікації, які виконуються окремо для кожної позиції. Для того щоб їх розв'язати, необхідно мати вхідні ознаки (характеристика зображень). Але основна проблема полягає в тому, що наявною інформацією є лише ці зображення. Сучасні нейронні мережі здатні оброблювати їх для виконання задачі, однак одним із основним їхніх недоліків є необхідність великої



а

б

Рисунок 1: Обрізаний зі спекл-трекінг ехокардіографією фрейм: (а) норми (коло є повністю червоним, тобто всі сегменти лівого шлуночка серця перебувають в нормі), (б) патології (коло змінює колір, стрейни деяких сегментів лівого шлуночка змінені патологічно) [3]

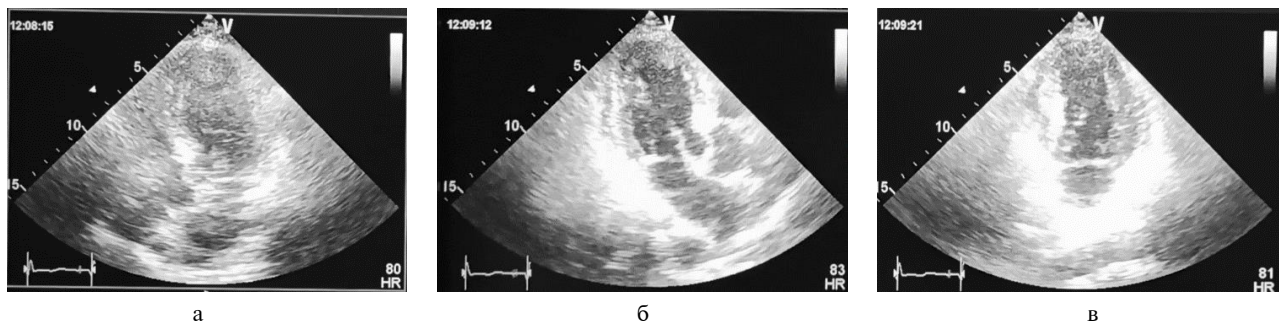


Рисунок 2: Проекція спекл-трекінг ехокардіографії: (а) довгої осі (трикамерної позиції), (б) чотирикамерної позиції, (в) двокамерної позиції [3]

кількості даних (Big Data) для отримання якісних результатів. Тому, щоб отримати найбільш інформативні характеристики та високу якість діагностичних моделей, в усіх випадках було використано дані текстурного аналізу, який ми успішно застосували в роботах [3–6].

Для отримання вхідних даних, необхідних для класифікації зображення, було прийнято рішення використати текстурний аналіз [10–12]. Ми застосовували різні підходи для отримання ознак текстурного аналізу через використання матриці відтінків сірого зображення (GM), матриці суміжності відтінків сірого (GLCM) [13] та матриці довжин пробігу відтінків сірого (GLRLM) [14]. Отримані ознаки можна виокремити в такі підгрупи:

1. GLCM-характеристики спектра сірошкального зображення [5, 6].
2. GM і GLRLM статистичні характеристики [5, 6].
3. Оптимальні ансамблі пар відтінків сірого [6].
4. Коефіцієнти моделей просторової розгортки [6].
5. Коефіцієнти моделей ковзного вікна.

Більш детально ці групи ознак описані в праці [15]. У дійсному ж дослідженні, щоб отримати дані для класифікації, було запропоновано підхід, який має назву “моделювання поверхні зображень генетичним методом групового урахування аргументів (МГУА)” [16]. Ідея полягає в тому, що кожне зображення можна “змодельовати” за допомогою певних математичних функцій, наприклад з використанням гармонічних функцій.

Генетичний МГУА має такі складові:

f – вектор базисних (опорних) функцій від вхідних змінних (m – кількість базисних функцій);

D – задане правило поділу матриці вимірів опорного набору аргументів (елементів вектора

базисних функцій) і вектора y на навчальну та перевірочну частини;

CR – зовнішній критерій селекції, заснований на зазначеному поділі вибірки (x, y);

M – розмір популяції довічних хромосом, тобто закодованих структур приватних моделей;

H – розмір нинішньої популяції, яка вміщує найкращі моделі, $H < M$;

G – множина генетичних операторів;

k – критерій зупинки генетичного алгоритму (ГА);

F – кількість найкращих приватних моделей; свобода вибору, які відслідковуються на всіх етапах роботи алгоритму, $1 \leq F \leq H$ [17].

Він включає в себе виконання таких кроків:

1. Обчислюється матриця вимірів опорного набору аргументів за допомогою матриці вимірів вхідних змінних Z і вектора базисних (опорних) функцій від вхідних змінних f ; матриця ділиться згідно з правилом D на навчальну, тестову та екзаменаційну підматриці. Так само ділиться вихідний вектор вимірів y .

2. Отримується перша популяція випадковою генерацією M випадкових хромосом, де довжина кожної дорівнює m .

3. Обчислюються коефіцієнти для кожної з часткових моделей популяції методом найменших квадратів (МНК) із використанням навчальної матриці еквівалентних аргументів і вектора виходу.

4. Обчислюється цільова функція ГА [18] – значення зовнішнього критерію CR для кожної часткової моделі за допомогою перевірочної матриці аргументів і вектора виходу.

5. Формується поточна популяція розмірності H (причому $H < M$) часткових моделей-хромосом із найкращим значенням CR для подальшої генерації потомків. Також із неї вибирається F найкращих моделей, що є потенціальним розв’язком задачі самоорганізації моделей.

6. Із поточної популяції генерується нова із M особин (причому $M > H$) за допомогою операторів ГА.

7. Перевіряється значення критерію зупинки ГА. У разі його виконання здійснюється перехід до пункту 8, в іншому випадку – до пункту 3.

8. Серед особин поточної популяції часткових моделей розмірності H вибирається F найкращих особин.

Щоб отримати загальну структуру моделі для зображення, кожне зображення можна подати у вигляді масиву пікселів, де кожен піксель складається з таких складових:

f_1 – координата i ;

f_2 – координата j ;

u – нормоване (від 0 до 1) значення градації сірого пікселя.

у в цьому випадку є виходом моделі, тобто, фактично, необхідно знайти загальну структуру моделі для отримання значень u кожного зображення. Оскільки значення u є неперервними, то розв'язується задача регресії. x_1 і x_2 мало для розв'язання подібної задачі, тому було запропоновано використовувати “вікно” (window) [19, 20] для отримання додаткової інформації. Всього використовувались три види вікна (рис. 3) розмірами: 3×3 , 5×5 і 7×7 .

Ідея така: на рисунку червоним кольором помічений центр ядра, тобто теперішній піксель, для якого знаходиться додаткова інформація. Інформація знаходиться у межах вікна 3×3 (зелений колір), 5×5 (синій колір) і 7×7 (жовтий колір). Інформація, яка знаходиться:

f_3 – стандартне відхилення ядра 3×3 ;

f_4 – середнє значення ядра 3×3 ;

f_5 – медіана ядра 3×3 ;

f_6 – коефіцієнт варіації ядра 3×3 ;

f_7 – стандартне відхилення ядра 5×5 ;

f_8 – середнє значення ядра 5×5 ;

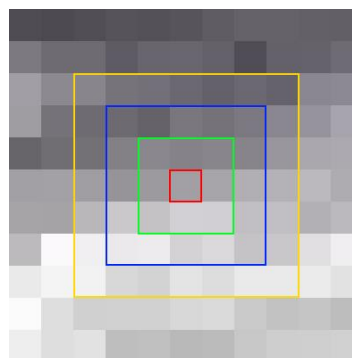


Рисунок 3: Вікна різної величини на одному зображенні

f_9 – медіана ядра 5×5 ;

f_{10} – коефіцієнт варіації ядра 5×5 ;

f_{11} – стандартне відхилення ядра 7×7 ;

f_{12} – середнє значення ядра 7×7 ;

f_{13} – медіана ядра 7×7 ;

f_{14} – коефіцієнт варіації ядра 7×7 .

У результаті замість зображень опрацьовується сукупність їх ознак, які слугують змінними для побудови моделі. Далі знаходиться оптимальна структура генетичним МГУА. Після отримання оптимальної структури моделі обчислюються значення коефіцієнтів для кожного зображення окремо – тобто рахується регресія для кожного зображення за заданою структурою моделі. Наостанок зображення необхідно класифікувати за знайденими коефіцієнтами регресії.

Для знаходження оптимальної структури використовувались гармонічні складові змінних вигляду $\sin w_i f_i + \cos w_i f_i$. У результаті виконання генетичного МГУА були знайдені наступні оптимальні структури для кожної позиції СТЕ. З прикладами подібних структур можна більш детально ознайомитись у роботі [21]. У табл. 1 наведено статистику щодо коефіцієнта детермінації (R^2 -score) по кожній оптимальній струк-

Таблиця 2: Розмірність вибірок для навчання моделей

Позиція ЕхоКГ	Загальна кількість об'єктів	Кількість об'єктів норми	Кількість об'єктів патології
Навчальна вибірка (60 %)			
4-cam	184	70	114
2-cam		78	106
long		55	129
Валідаційна вибірка (20 %)			
4-cam	62	23	39
2-cam		26	36
long		18	44
Тестова вибірка (20 %)			
4-cam	62	23	39
2-cam		26	36
long		19	43

турі моделі позиції СТЕ, знайденій за допомогою генетичного МГУА.

Для того щоб отримати вхідні дані для класифікації, для кожного зображення в кожній вибірці даних були порашовані моделі за знайденими оптимальними структурами. Коефіцієнти, отримані в цих моделях, і були використані як характеристики зображень для класифікації.

Результати

Задача класифікації в цьому дослідженні полягала в розпізнаванні проявів ішемічної хвороби серця за відеоданими СТЕ. Фактично, це є задачею бінарної класифікації [7] (у контексті розв’язуваної задачі маємо 2 класи: норма і патологія), де за “вихід” слугують дискретні значення: 0 або 1. Ці значення є “міткою” наших “об’єктів” (тобто відеоданих), які відомі заздалегідь. Маючи “вхід” (значення, що характеризують об’єкт), або як його ще називають – “предиктор”, на графіку це можна зобразити, як показано на рис. 4.

По осі x відкладено значення входу об’єктів, а по осі y – значення виходу об’єктів. У загальному випадку класифікації необхідно побудувати алгоритм, який за входом визначить правильний вихід об’єкта. Для цього існує чимала кількість способів, найбільш простим із яких є “порогова” функція (функція Гевісайда) [8, 9], що має вигляд як на рис. 5.

Фактично для значень певного входу знаходиться поріг (threshold), і об’єкти, значення яких менше порогу, помічаються як перший клас (в іншому випадку – як другий). Це дово-

лі зручний спосіб для класифікації, але не найбільш ефективний. Які ж саме методи використовуються в сучасному машинному навчанні для класифікації, розглянуто далі.

Для побудови моделей класифікації та оцінки їхньої ефективності були сформовані три основні вибірки: навчальна (60%), валідаційна (20%) і тестова (20%). Зазвичай для виділення оптимальних валідаційних і тестових вибірок використовують “ k fold” крос-валідацію, однак було прийнято рішення запропонувати в цьому дослідженні власний спосіб [15]. Суть його така:

1. Початкові дані діляться на 2 класи.
2. Відбувається нормалізація даних відносно груп класів.
3. Для кожної $x_{i,j}$ знаходиться її відхилення від середнього (в конкретному класі) значення $\overline{x_i^C}$ за формулою

$$x'_{i,j} = (x_{i,j} - \overline{x_i^C})^2,$$

де C – номер класу ($C \in [0, 1]$).

4. Для кожного об’єкта (рядка) дані відхилення сумуються і діляться на кількість x_i , таким чином знаходиться свого роду відстань d_j від центра в класі (чим менше значення, тим ближче об’єкт до центра).

5. У кожному класі об’єкти сортуються від найменшого до найбільшого, після чого відбувається відбір об’єктів у тестову (чи валідаційну) вибірку. Такий відбір відбувається за принципом, показаним на рис. 6.

У результаті використання подібної методики було отримано розмірність вибірок для кожної із позицій ЕхоКГ (табл. 2).

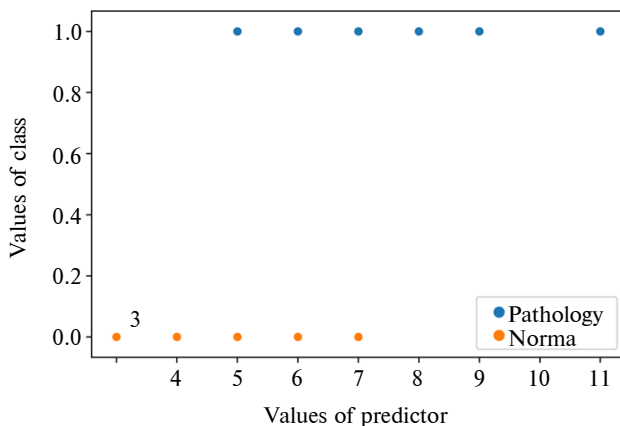


Рисунок 4: Об’єкти класифікації у двовимірному просторі

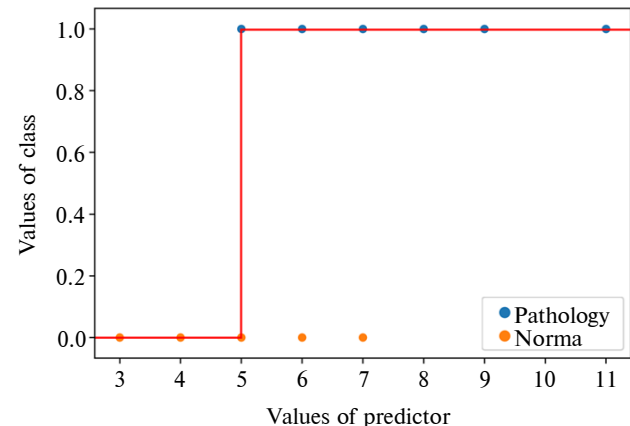


Рисунок 5: Класифікація об’єктів за функцією Гевісайда

1	11	21
2	12	22
3	13	23
4	14	24
5	15	25
6	16	26
7	17	
8	18	
9	19	
10	20	

Рисунок 6: Відбір об'єктів для тестової вибірки

Із табл. 2 видно, що є дисбаланс між класами (об'єктів патології більше, ніж об'єктів норми в кожній із вибірок). Ця проблема буде врахована під час розробки моделей класифікації за кожним із алгоритмів.

Метриками [22], за якими оцінювались отримані моделі класифікації, були:

1. Ассурасу (точність) – частка правильно класифікованих об'єктів:

$$\frac{TP + TN}{TP + FP + FN + TN}$$

2. F-score (F-оцінка) – середнє значення середніх гармонічних влучностей і повнот двох класів:

$$\frac{1}{2} \left(\frac{2TP}{(TP + FP) + (TP + FN)} + \frac{2TN}{(TN + FN) + (TN + FP)} \right)$$

MCC (коефіцієнт кореляції Метьюза):

$$\frac{TP \times TN - FP \times FN}{\sqrt{(TP + FP)(TP + FN)(TN + FP)(TN + FN)}}$$

Щодо MCC [22], то ця метрика є маловідомою, однак останнім часом її все більше використовують для оцінки бінарної класифікації. Універсальна формула дає змогу отримати об'єктивний результат навіть при дисбалансі між класами. Також цю метрику називають кореляцією між реальними класами і спрогнозованими, оскільки вона варіюється від -1 (повна невідповідність) до 1 (повна відповідність).

Також був застосований ROC-аналіз для порівняння результатів на тестових вибірках за величиною AUC. ROC-аналіз є корисним інструментом для оцінки ефективності діагностичних тестів і для оцінки точності моделей бінарної класифікації в цілому.

Як алгоритми класифікації було використано:

1. МГУА [23, 24].

МГУА є індуктивним алгоритмом навчання моделі, який використовується для вибору груп оптимальних вхідних змінних (предикторів) із набору характеристик на постійно зростаючих рівнях складності, який задає користувач. Вибрані групи є найкращими предикторами. Потім процес повторюється для ранжування об'єктів у окремих групах. Отримане повне ранжування ознак використовується для визначення оптимальної підмножини ознак – починається з верхньої частини списку, і поступово додаються більше ознак, поки частота помилок класифікації в наборі оцінок поза вибіркою не почне зростати через перенавчання.

Для побудови моделей МГУА було використано програмне забезпечення GMDH Shell DS версії 3.8.9. У цій програмі є можливість вибрати опцію “балансування класів”, що дає змогу вирішити проблему дисбалансу. Результати продемонстровані в табл. 3.

Таблиця 2: Розмірність вибірок для навчання моделей

Позиція EchoКГ	Загальна кількість об'єктів	Кількість об'єктів норми	Кількість об'єктів патології
Навчальна вибірка (60 %)			
4-cam		70	114
2-cam	184	78	106
long		55	129
Валідаційна вибірка (20 %)			
4-cam		23	39
2-cam	62	26	36
long		18	44
Тестова вибірка (20 %)			
4-cam		23	39
2-cam	62	26	36
long		19	43

Таблиця 3: Отримані моделі методу групового урахування аргументів

Позиція ЕхоКГ	Метрика оцінки		
	Ассурасу	F-score	MCC
Навчальна вибірка (60 %)			
4-cam	0,641	0,638	0,291
2-cam	0,766	0,764	0,532
long	0,739	0,71	0,437
Валідаційна вибірка (20 %)			
4-cam	0,774	0,765	0,575
2-cam	0,774	0,768	0,538
long	0,742	0,696	0,393
Тестова вибірка (20 %)			
4-cam	0,661	0,657	0,343
2-cam	0,726	0,722	0,448
long	0,694	0,654	0,311

Приклади отриманих моделей наведені нижче:

$$y_{(4-cam)} = 0,368 - 165,99 \cdot a_{17} \cdot a_{27} - 13,896 \cdot a_{22} \cdot a_{28} - 6262,56 \cdot a_{18}^2 - 269,456 \cdot a_8 \cdot a_{10} + 1,222 \cdot a_8 \cdot a_{23} - 5,381 \cdot a_5 \cdot a_{24} + 19155,1 \cdot a_{18} \cdot a_{19} + 550,368 \cdot a_{10} \cdot a_{22} - 22339,4 \cdot a_{18} \cdot a_{27} - 4,009 \cdot a_{16} \cdot a_{28};$$

$$y_{(2-cam)} = 0,008 + 1,627 \cdot a_9 - 1,02 \cdot a_9 \cdot a_{20} - 0,294 \cdot a_9 \cdot a_{23} + 0,106 \cdot a_{20} - 0,171 \cdot a_{20} \cdot a_{23} - 366,662 \cdot a_{20} \cdot a_{27} + 0,444 \cdot a_{20}^2 + 0,396 \cdot a_{21} - 0,154 \cdot a_{21} \cdot a_{23} + 0,069 \cdot a_{23}^2 + 347,451 \cdot a_{27} + 72491,8 \cdot a_{27}^2;$$

$$y_{(long)} = 2,645 + 0,665 \cdot a_{24} - 206,09 \cdot a_0 + 1,426 \cdot a_{18} - 2,172 \cdot a_2 - 1,789 \cdot a_6 + 94,637 \cdot a_{22} + 0,27 \cdot a_{21} + 1,715 \cdot a_{12}.$$

Суть отриманих вище моделей полягає в тому, що, підставляючи значення предикторів у формули, отримуємо значення від 0 до 1. Якщо результуюче значення менше 0,5, то це свідчить про перший клас (норму). В іншому випадку – другий (патологію).

2. Логістична регресія [25, 26].

Перевагами моделей логістичної регресії (ЛР), особливо при використанні суто медичних діагностичних показників, є покроковий відбір інформативних даних для побудови моделей. Такі моделі широко застосовуються, зокрема, для прогнозування результатів кардіохірургічного лікування хворих: EUROSCORE, EUROSCOREII [27–29] тощо. Аналіз структури включених до ЛР моделі показників дає мож-

ливість порівняльного аналізу декількох методів лікування та оптимізації технології лікувального процесу в цілому.

Замість того щоб підганяти пряму чи гіперплощину, модель ЛР використовує логістичну функцію для стиснення вихідних даних лінійного рівняння між 0 та 1. Логістична функція визначається за формулою

$$\text{logistic}(\eta) = \frac{1}{1 + \exp(-\eta)}.$$

Щоб перейти з лінійної регресії до ЛР необхідно виконати такі дії:

1. Побудувати модель лінійної регресії, в якій відображається взаємозв'язок між результатом (“таргетом”) і предикторами за допомогою лінійного рівняння

$$y^{(i)} = \beta_0 + \beta_1 x_1^{(i)} + \dots + \beta_p x_p^{(i)}. \quad (1)$$

2. Для класифікації використовують ймовірності від 0 до 1, тому праву частину рівняння (1) заключають у логістичну функцію

$$P(y^{(i)} = 1) = \frac{1}{1 + \exp(-(\beta_0 + \beta_1 x_1^{(i)} + \dots + \beta_p x_p^{(i)}))}.$$

Це змушує вихід набувати значення лише від 0 до 1 (значення менше 0,5 означає перший клас, в іншому випадку – другий).

Моделі ЛР були побудовані за допомогою мови програмування Python версії 3.7.6 із використанням бібліотеки *scikit-learn*. Результати моделювання наведені в табл. 4.

Як предиктори були використані оптимальні піднабори предикторів, отриманих у моделях МГУА. Приклади отриманих моделей наведені нижче:

$$y_{(4\text{-cam})} = -0,343 + 0,007 \cdot a_{17} \cdot a_{27} - 0,262 \cdot a_{22} \cdot a_{28} - 0,0003 \cdot a_{18}^2 - 0,012 \cdot a_8 \cdot a_{10} + 1,488 \cdot a_8 \cdot a_{23} - 0,033 \cdot a_5 \cdot a_{24} + 0,0003 \cdot a_{18} \cdot a_{19} + 0,0008 \cdot a_{10} \cdot a_{22} + 0,00005 \cdot a_{18} \cdot a_{27} - 0,11 \cdot a_{16} \cdot a_{28};$$

$$y_{(2\text{-cam})} = -2,023 + 0,37 \cdot a_9 - 0,066 \cdot a_9 \cdot a_{20} - 0,29 \cdot a_9 \cdot a_{23} + 0,477 \cdot a_{20} + 0,173 \cdot a_{20} \cdot a_{23} + 0,011 \cdot a_{20} \cdot a_{27} + 1,065 \cdot a_{20}^2 + 0,336 \cdot a_{21} + 0,004 \cdot a_{21} \cdot a_{23} + 0,073 \cdot a_{23}^2 + 0,013 \cdot a_{27} + 0,00003 \cdot a_{27}^2;$$

$$y_{(long)} = 0,607 + 0,934 \cdot a_{24} - 0,0008 \cdot a_0 + 0,164 \cdot a_{18} - 0,617 \cdot a_2 + 0,188 \cdot a_6 + 0,015 \cdot a_{22} + 0,362 \cdot a_{21} - 0,368 \cdot a_{12}.$$

3. Випадковий ліс [30, 31].

Відома побудова окремих дерев класифікації. Випадкові ліси (ВЛ) своєю чергою “вирушують” багато дерев класифікації, формую-

чи з них ансамбль. Кожне з дерев будується таким чином: спочатку вибирається найкращий предиктор, із використанням певної метрики (ентропії або індекса Джині), для розділення даних; цей предиктор робиться вузлом розв'язку, і вибірка даних ділиться на підмножини; починається побудова дерева з рекурсивним повторенням перших 2-х процесів для кожного дочірнього елемента, поки одна з умов (1 – усі дані належать одному і тому ж значенню предиктора, 2 – не залишиться більше предикторів, 3 – не залишиться даних для класифікації) не буде виконана.

Щоб класифікувати новий об'єкт за вхідним вектором, необхідно цей вектор поставити до всіх дерев у лісі. Кожне дерево дає свою класифікацію, віддаючи свій “голос” за цей клас. ВЛ вибирає класифікацію, яка має найбільшу кількість голосів (за всі дерева в лісі).

Для побудови моделей ВЛ також використовувалась мова програмування Python. Результати моделювання подано в табл. 5.

Таблиця 4: Отримані моделі логістичної регресії

Позиція ЕхоКГ	Метрика оцінки		
	Аскураcy	F-score	MCC
Навчальна вибірка (60 %)			
4-cam	0,777	0,77	0,545
2-cam	0,783	0,781	0,569
long	0,766	0,741	0,498
Валідаційна вибірка (20 %)			
4-cam	0,613	0,598	0,201
2-cam	0,661	0,659	0,327
long	0,613	0,577	0,177
Тестова вибірка (20 %)			
4-cam	0,79	0,784	0,578
2-cam	0,694	0,687	0,374
long	0,694	0,662	0,334

Таблиця 5: Отримані моделі випадкового лісу

Позиція ЕхоКГ	Метрика оцінки		
	Аскураcy	F-score	MCC
Навчальна вибірка (60 %)			
4-cam	1	1	1
2-cam	1	1	1
long	1	1	1
Валідаційна вибірка (20 %)			
4-cam	0,79	0,769	0,541
2-cam	0,806	0,803	0,608
long	0,742	0,676	0,354
Тестова вибірка (20 %)			
4-cam	0,903	0,894	0,791
2-cam	0,742	0,741	0,496
long	0,774	0,726	0,454

Таблиця 6: Отримані моделі AdaBoost

Позиція ЕхоКГ	Метрика оцінки		
	Accuracy	F-score	MCC
Навчальна вибірка (60 %)			
4-cam	0,989	0,988	0,977
2-cam	1	1	1
long	1	1	1
Валідаційна вибірка (20 %)			
4-cam	0,742	0,712	0,431
2-cam	0,774	0,772	0,551
long	0,677	0,621	0,243
Тестова вибірка (20 %)			
4-cam	0,855	0,843	0,687
2-cam	0,661	0,66	0,338
long	0,742	0,696	0,393

4. AdaBoost [32, 33].

Підсилення (бустинг) – це клас алгоритмів машинного навчання ансамблю, що передбачає поєднання прогнозів багатьох слабких “учнів”. Слабкий учень – це дуже проста модель, хоча вона має певні навички щодо набору даних. Підсилення було теоретичною концепцією задовго до того, як можна було розробити практичний алгоритм, і алгоритм AdaBoost (адаптивне підсилення) став першим успішним підходом до ідеї.

Алгоритм AdaBoost передбачає використання дуже коротких (однорівневих) дерев рішень як слабких учнів, які послідовно додаються до ансамблю. Кожна наступна модель намагається виправити передбачення, зроблені моделлю в послідовності перед нею. Це досягається зважуванням набору навчальних даних, щоб більше зосередитись на прикладах навчання, на яких попередні моделі допускали помилки прогнозування. Результати отриманих моделей AdaBoost показані в табл. 6.

У мові програмування Python, на кшталт GMDH Shell DS, реалізована функція балансування класів, через що отримані результати в табл. 4–6 виявились однорідними.

Також викликають сумніви результати, які наведені в табл. 5, 6. Для отримання кожної з моделей класифікації використовувався підхід “тюнінгу гіперпараметрів”, головна задача якого полягає в підборі таких параметрів алгоритму класифікації, що дадуть максимум точності на валідаційній вибірці (тестова вибірка при цьому є незалежною і використовується для об’єктивної оцінки моделей). Тому, хоч і результати на валідаційній і тестовій вибірках вагомо менші, ніж на навчальній (у табл. 5, 6), кращих отримати не вдалося.

Обговорення

Як ми відзначали, мета нашого дослідження полягає в оцінці ефективності прогностичних моделей різних алгоритмів класифікації. Результати, які наведені в табл. 2–5, демонструють, що найбільш ефективним серед наявних алгоритмів для класифікації медичних зображень є ВЛ. Для підтвердження цього тезису нижче наведено порівняльний аналіз характеристик моделей за тестовими вибірками, який було здійснено за допомогою ROC-аналізу [34] із обчисленням площі під кривою (AUC) [22]. ROC-криві зображені на рис. 7–9.

Для діагностичної позиції СТЕ “4-cam” найвищі значення AUC були отримані за моделями ЛР (AUC = 0,83) і ВЛ (AUC = 0,89).

Для діагностичної позиції СТЕ “2-cam” найвищі значення AUC були отримані також за моделями ЛР (AUC = 0,79) і ВЛ (AUC = 0,82).

Для діагностичної позиції СТЕ “long” найвищі значення AUC були отримані за моделями ВЛ (AUC = 0,75) і AdaBoost (AUC = 0,73). Моделі, отримані для цієї позиції, мали найгірші, але прийнятні діагностичні характеристики.

Найкращі та найгірші AUC-характеристики моделей відрізнялись між собою у межах від 0,61 до 0,89 (15–17 %), хоча найкращі характеристики були цілком прийнятними для практичного застосування моделей.

Таким чином, був підтверджений тезис про те, що ВЛ є найкращим і найефективнішим методом класифікації (з урахуванням результатів роботи [3] це було передбачувано). Найменш ефективним алгоритмом класифікації виявився МГУА, який, незважаючи на свої особливості, не є доцільним варіантом для розпізнавання ішемічної хвороби серця через СТЕ.

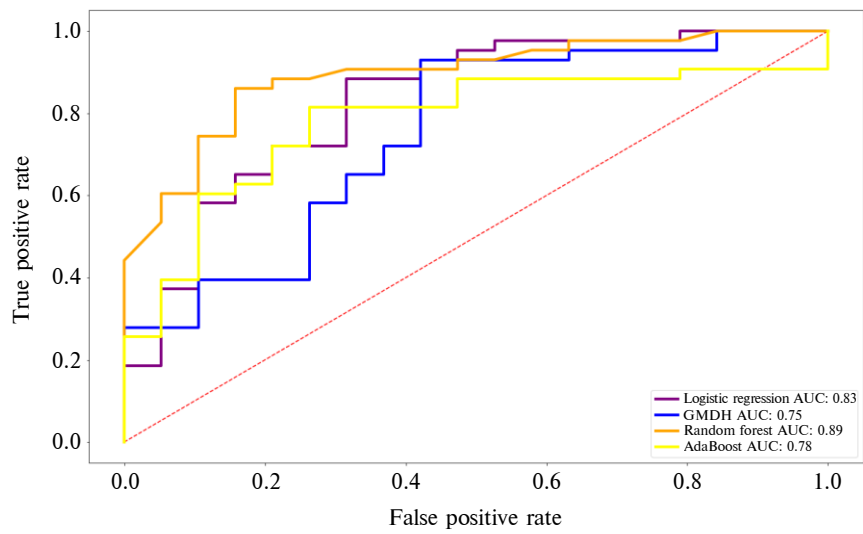


Рисунок 7: ROC-крива моделей позиції 4-сам

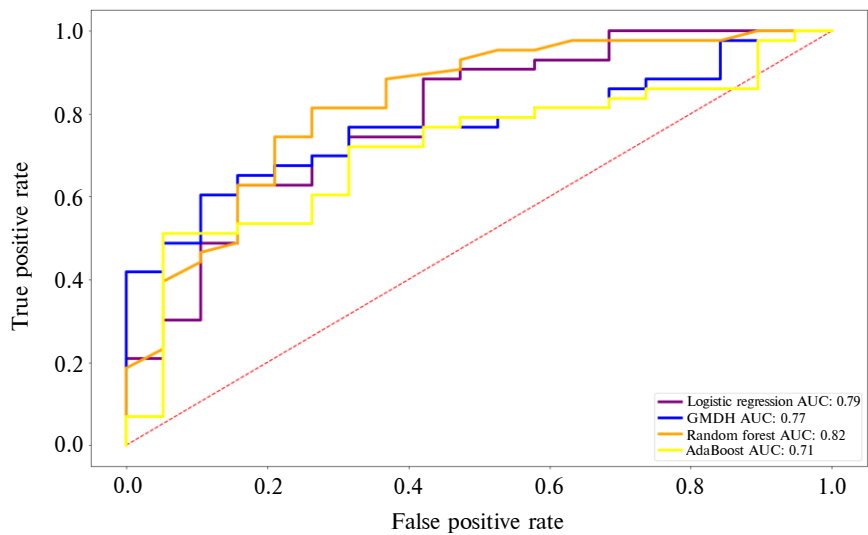


Рисунок 8: ROC-крива моделей позиції 2-сам

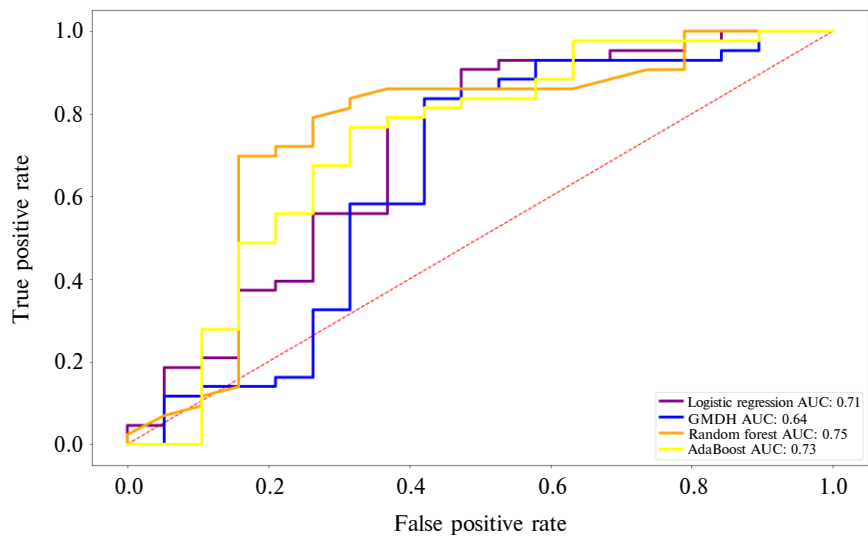


Рисунок 9: ROC-крива моделей позиції long

Слід відзначити відмінність дійсної роботи від наших попередніх досліджень [3, 4]:

1) для отримання моделей використовувались кадри лише систоли та діастоли відеоданих СТЕ (308 об'єктів), через що отримані результати виявились нижчими;

2) крім ВЛ [3] і МГУА [4], використовувались такі алгоритми класифікації, як ЛР та AdaBoost; усі ці алгоритми було вибрано для порівняння, оскільки вони є найбільш потужними та відомими для подібних задач;

3) на відміну від наших попередніх робіт [3–6], це дослідження як текстурні ознаки для класифікації використовувало гармонічні моделі зображень, отримані за допомогою підходу генетичного МГУА; вибір пав на них, оскільки вони є більш простими для обчислення (основний ресурс витрачається під час визначення оптимальної структури гармонічних моделей), а також є кращими для інтерпретації лікарям, на відміну від класичних ознак текстурного аналізу.

Таким чином, дійсна робота є підбиттям проміжних підсумків щодо виконання задачі класифікації зображень, отриманих із відеоданих СТЕ.

Висновки

Проведений аналіз показав, що застосування текстурного аналізу до даних СТЕ, а та-

кож використання алгоритму ВЛ дає змогу будувати ефективні алгоритми підтримки прийняття медичних рішень щодо діагностики ішемічної хвороби серця. Бегінг, який закладений в алгоритм ВЛ, дає можливість будувати величезну кількість дерев класифікації, які в сукупності дають краще прогнозування, що, безперечно, є корисним при класифікації медичних зображень. Також непогані результати показала логістична регресія, що наводить на думку про доцільність спільного використання декількох алгоритмів класифікації під час виконання подібних задач.

Перспективою подальших досліджень є побудова діагностичних алгоритмів, здатних безпосередньо виявляти зони порушення кінематики лівого шлуночка серця із застосуванням В-режиму ехокардіографії.

Подяки

Автори роботи висловлюють вдячність фахівцям ДУ “Національний інститут серцево-судинної кардіохірургії імені М.М. Амосова”, які надали доступ до відеоданих СТЕ. Їхня безцінна допомога у задачі класифікації стану серця пацієнтів дала змогу досягти значних наукових результатів, що було відображено у нашій роботі.

References

- [1] Voigt JU, Pedrizzetti G, Lysyansky P, Marwick TH, Houle H, Baumann R, et al. Definitions for a common standard for 2D speckle tracking echocardiography: consensus document of the EACVI/ASE/Industry Task Force to standardize deformation imaging. *Eur Heart J Cardiovasc Imaging*. 2015;16(1):1-11. DOI: 10.1093/ehjci/jeu184
- [2] Lazoryshynets VV, Kovalenko VM, Rudenko AV, Ivaniv YA, Beshlyaga VM, Potashev SV, et al. Definition for a common standard for 2D speckle-tracking echocardiography (The Association of Cardiovascular Surgeons of Ukraine and the Ukrainian Society of Cardiology Working Group Draft Consensus). *Cardiol Cardiac Surg Contin Profes Develop*. 2019;2(2):105-29. DOI: 10.30702/ccs.201905.02.2dst105129
- [3] Nastenko Ie, Maksymenko V, Potashev S, Pavlov V, Babenko V, Rysin S, et al. Random forest algorithm construction for the diagnosis of coronary heart disease based on echocardiography video data streams. *Innov Biosyst Bioen*. 2021;5(1):61-9. DOI: 10.20535/ibb.2021.5.1.225794
- [4] Nastenko Ie, Maksymenko V, Potashev S, Pavlov V, Babenko V, Rysin S, et al. Group method of data handling application in constructing of coronary heart disease diagnosing algorithms. *Biomedichna Injeneriya Technologiya*. 2021;5:1-9. DOI: 10.20535/2617-8974.2021.5.227141
- [5] Nastenko Ie, Maksymenko V, Galkin A, Pavlov V, Nosovets O, Dykan I, et al. Liver pathological states identification with self-organization models based on ultrasound images texture features. In: Shakhovska N, Medykovskyy MO, editors. *Advances in intelligent systems and computing V*. Cham: Springer International Publishing; 2021. p. 401-18. DOI: 10.1007/978-3-030-63270-0_26
- [6] Nastenko Ie, Pavlov V, Nosovets O, Kruhlyi V, Honcharuk M, Karliuk A, et al. Texture analysis application in medical images classification task solving. *Biomedichna Injeneriya Technologiya*. 2020;4:69-82. DOI: 10.20535/2617-8974.2020.4.221876
- [7] Kumari R, Srivastava KS. Machine learning: a review on binary classification. *Int J Comp Appl*. 2017;160(7):11-5. DOI: 10.5120/ijca2017913083

- [8] Legua MP, Morales I, Sánchez Ruiz LM. The Heaviside step function and MATLAB. In: Proceedings of Computational Science and Its Applications – ICCSA 2008. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg; 2008. p. 1212-21. Available from: DOI: 10.1007/978-3-540-69839-5_93
- [9] Venetis J. An analytic exact form of heaviside step function. *Adv Appl Discrete Math.* 2019 Nov 15;22(2):153-9. DOI: 10.17654/DM022020153
- [10] Ramola A, Shakya AK, Van Pham D. Study of statistical methods for texture analysis and their modern evolutions. *Eng Rep.* 2020;2(4):1-24. DOI: 10.1002/eng2.12149
- [11] Osapoetra LO, Chan W, Tran W, Kolios MC, Czarnota GJ. Comparison of methods for texture analysis of QUS parametric images in the characterization of breast lesions. *PLoS One.* 2020;15(12):e0244965. DOI: 10.1371/journal.pone.0244965
- [12] Ramola A, Shakya AK, Vidyarthi A. Applications and approaches for texture analysis and their modern evolution. In: *Lecture Notes in Electrical Engineering.* Singapore: Springer; 2020. p. 273-81. DOI: 10.1007/978-981-15-4932-8_30
- [13] Benco M, Hudec R, Kamencay P, Zachariasova M, Matuska S. An advanced approach to extraction of colour texture features based on GLCM. *Int J Adv Robotic Syst.* 2014;11(7):104. DOI: 10.5772/58692
- [14] Sohail ASM, Bhattacharya P, Mudur SP, Krishnamurthy S. Local relative GLRLM-based texture feature extraction for classifying ultrasound medical images. In: *Proceedings of 2011 24th Canadian Conference on Electrical and Computer Engineering. IEEE;* 2011. p. 001092–5. DOI: 10.1109/CCECE.2011.6030630
- [15] Babenko V. Ultrasound images classification by the genetic forest of optimal complexity trees [master's thesis]. Kyiv: Igor Sikorsky Kyiv Polytechnic Institute; 2021.
- [16] Jiřina M, Jiřina M jr. GMDH Method with Genetic Selection Algorithm and Cloning. *Neural Network World.* 2013;23(5):451-64. DOI: 10.14311/NNW.2013.23.028
- [17] Madala HR, Ivakhnenko AG. Inductive learning algorithms for complex systems modeling. *Inductive Learning Algorithms for Complex Systems Modeling.* CRC Press; 2019. 380 p. DOI: 10.1201/9781351073493-2
- [18] Katoch S, Chauhan SS, Kumar V. A review on genetic algorithm: past, present, and future. *Multimedia Tools Applications.* 2021;80(5):8091-126. DOI: 10.1007/s11042-020-10139-6
- [19] Glumov NI, Kolomiyetz EI, Sergeyev VV. Detection of objects on the image using a sliding window mode. *Optics Laser Technol.* 1995;27(4):241-9. DOI: 10.1016/0030-3992(95)93752-D
- [20] Lian R, Huang L. DeepWindow: Sliding window based on deep learning for road extraction from remote sensing images. *IEEE J Select Topics Appl Earth Observ Remote Sens.* 2020;13:1905-16. DOI: 10.1109/JSTARS.2020.2983788
- [21] Klymenko D, Nastenko Ie, Pavlov V. USI images classification by surface modeling method with genetic GMDH. In: *Proceedings of XXII International Scientific and Practical Conference Theoretical Foundations for the Implementation and Adaptation of Scientific Achievements in Practice.* Helsinki: International Science Group; 2020. p. 188-93. Available from: <https://isg-konf.com/wp-content/uploads/2020/06/XXII-Conference-22-23-Helsinki-Finland-book.pdf>
- [22] Luque A, Carrasco A, Martín A, Lama JR. Exploring symmetry of binary classification performance metrics. *Symmetry (Basel).* 2019;11(1):47. DOI: 10.3390/sym11010047
- [23] Dag O, Karabulut E, Alpar R. GMDH2: Binary classification via GMDH-type neural network algorithms—R package and web-based tool. *Int J Comput Intell Syst.* 2019;12(2):649. DOI: 10.2991/ijcis.d.190618.001
- [24] Xie L, Jia Y, Xiao J, Gu X, Huang J. GMDH-based outlier detection model in classification problems. *J Syst Sci Complex.* 2020 ;33(5):1516-32. DOI: 10.1007/s11424-020-9002-6
- [25] Sperandei S. Understanding logistic regression analysis. *Biochem Medica.* 2014;24(1):12-8. DOI: 10.11613/BM.2014.003
- [26] Liu H, Li T, Chen L, Zhan S, Pan M, Ma Z, et al. To set up a logistic regression prediction model for hepatotoxicity of Chinese herbal medicines based on traditional chinese medicine theory. *Evid Based Complement Alternat Med.* 2016;2016:1-9. DOI: 10.1155/2016/7273940
- [27] Poullis M, Pullan M, Chalmers J, Mediratta N. The validity of the original EuroSCORE and EuroSCORE II in patients over the age of seventy. *Interact Cardiovasc Thorac Surg.* 2015;20(2):172-7. DOI: 10.1093/icvts/ivu345
- [28] Fernández-Hidalgo N, Ferreria-González I, Marsal JR, Ribera A, Aznar ML, de Alarcón A, et al. A pragmatic approach for mortality prediction after surgery in infective endocarditis: optimizing and refining EuroSCORE. *Clin Microbiol Infect.* 2018;24(10):1102.e7-e15. DOI: 10.1016/j.cmi.2018.01.019
- [29] Nashef SAM, Roques F, Sharples LD, Nilsson J, Smith C, Goldstone AR, et al. EuroSCORE II. *Eur J Cardiothorac Surg.* 2012;41(4):734-44. DOI: 10.1093/ejcts/ezs043
- [30] Wang R. Symptoms selection using random forest based on Chinese medicine diagnostic cases of stomachache. *J Phys Conf Ser.* 2019;1168(6):062025. DOI: 10.1088/1742-6596/1168/6/062025
- [31] Cafri G, Li L, Paxton EW, Fan J. Predicting risk for adverse health events using random forest. *J Appl Stat.* 2018;45(12):2279-94. DOI: 10.1080/02664763.2017.1414166

- [32] Thongkam J, Xu G, Zhang Y, Huang F. Breast cancer survivability via AdaBoost algorithms. In: Proceedings of the second Australasian workshop on Health data and knowledge management. Wollongong: Australian Computer Society; 2008. p. 55-64. Available from: <http://dl.acm.org/citation.cfm?id=1385098>
- [33] Zhong L, Wang JTL, Wen D, Aris V, Soteropoulos P, Shapiro BA. Effective classification of MicroRNA precursors using feature mining and AdaBoost algorithms. OMICS. 2013;17(9):486-93. DOI: 10.1089/omi.2013.0011
- [34] Hoo ZH, Candlish J, Teare D. What is an ROC curve? Emerg Med J. 2017;34(6):357-9. DOI: 10.1136/emmermed-2017-206735

Е.А. Петрунина¹, Д.А. Шевара¹, В.О. Бабенко¹, В.А. Павлов¹, С.В. Рысин^{1,2}, Е.А. Настенко^{1,2}

¹КПИ им. Игоря Сикорского, Киев, Украина

²Национальный институт сердечно-сосудистой хирургии им. Н.М. Амосова, Киев, Украина

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ АЛГОРИТМОВ КЛАССИФИКАЦИИ ПРИ АНАЛИЗЕ МЕДИЦИНСКИХ ИЗОБРАЖЕНИЙ ПО ВИДЕОДАННЫМ СПЕКЛ-ТРЕКИНГ ЭХОКАРДИОГРАФИИ

Проблематика. Машинное обучение позволяет применить различные интеллектуальные алгоритмы для получения диагностических и (или) прогностических моделей. Подобные модели могут быть использованы для определения функционального состояния сердца, которое диагностируется с помощью спекл-трекинг эхокардиографии. Для того чтобы детально определить состояние сердца пациента, в машинном обучении используется подход классификации. Каждый из алгоритмов классификации имеет разную эффективность при применении в определенных ситуациях. Поэтому актуальной задачей является определение наиболее эффективного алгоритма для решения конкретной задачи классификации состояния сердца пациента при применении одинакового массива данных спекл-трекинг эхокардиографии.

Цель. Оценить эффективность применения прогностических моделей логистической регрессии, метода группового учета аргументов (МГУА), случайного леса и адаптивного бустинга (AdaBoost) при построении алгоритмов поддержки принятия медицинских решений по диагностике ишемической болезни сердца.

Методика реализации. Для выполнения исследования были использованы видеоданные спекл-трекинг эхокардиографии 40 пациентов с наличием ишемической болезни сердца и 16, у которых патология сердца обнаружена не была. Эхокардиография регистрировалась в В-режиме в трех позициях: по длинной оси, в 4-камерной и 2-камерной позициях. В качестве объектов для классификации были взяты кадры эхокардиографии, которые отражают систолу и диастолу сердца (таких всего оказалось 308 образцов). Для получения информативных признаков выбранных объектов был применен подход генетического МГУА для выявления наилучшей структуры гармоничных текстурных признаков. Сравнивалась эффективность таких алгоритмов классификации: метод логистической регрессии, классификатор МГУА, метод случайного леса и метод AdaBoost.

Результаты. Построены 4 модели классификации для каждой из трех позиций В-режима эхокардиографии. Для этого выборки данных были разбиты на 3: обучающую (60 %), валидационную (20 %) и тестовую (20 %). Объективное оценивание моделей на тестовой выборке показало, что лучшим методом классификации является случайный лес (90,3 % точности на 4-камерной позиции эхокардиографии, 74,2 % на 2-камерной, и 77,4 % на длинной оси). Это также было подтверждено с помощью ROC-анализа, где во всех случаях случайный лес оказался наиболее эффективным в классификации состояния сердца.

Выводы. Определен лучший алгоритм классификации в диагностике состояния сердца по спекл-трекинг эхокардиографии. Им оказался случайный лес, что можно объяснить ансамблевым подходом бегинга, который заложен в данном методе классификации. Именно он и будет опорой при проведении дальнейших исследований, которые планируется выполнять для разработки полноценной системы поддержки принятия решений при диагностике сердца.

Ключевые слова: алгоритмы классификации; анализ медицинских изображений; спекл-трекинг эхокардиография; состояние сердца; ишемическая болезнь сердца; гармоничные структуры; логистическая регрессия; метод группового учета аргументов; случайный лес; адаптивный бустинг.

О.О. Petrunina¹, D.O. Shevaga¹, V.O. Babenko¹, V.A. Pavlov¹, S.V. Rysin^{1,2}, Ie.A. Nastenko^{1,2}

¹Igor Sikorsky Kyiv Polytechnic Institute, Kyiv, Ukraine

²Amosov National Institute of Cardiovascular Surgery, Kyiv, Ukraine

COMPARATIVE ANALYSIS OF CLASSIFICATION ALGORITHMS IN THE ANALYSIS OF MEDICAL IMAGES FROM SPECKLE TRACKING ECHOCARDIOGRAPHY VIDEO DATA

Background. Machine learning allows applying various intelligent algorithms to produce diagnostic and/or prognostic models. Such models can be used to determine the functional state of the heart, which is diagnosed by speckle-tracking echocardiography. To determine the patient's heart condition in detail, a classification approach is used in machine learning. Each of the classification algorithms has a different performance when applied to certain situations. Therefore, the actual task is to determine the most efficient algorithm for solving a specific task of classifying the patient's heart condition when applying the same speckle-tracking echocardiography data set.

Objective. We are aimed to evaluate the effectiveness of the application of prognostic models of logistic regression, the group method of data handling (GMDH), random forest, and adaptive boosting (AdaBoost) in the construction of algorithms to support medical decision-making on the diagnosis of coronary heart disease.

Methods. Video data from speckle-tracking echocardiography of 40 patients with coronary heart disease and 16 patients without cardiac pathology were used for the study. Echocardiography was recorded in B-mode in three positions: long axis, 4-chamber, and 2-chamber. Echocardiography frames that reflect the systole and diastole of the heart (308 samples in total) were taken as objects for classification. To obtain informative features of the selected objects, the genetic GMDH approach was applied to identify the best structure of harmonic textural features. We compared the efficiency of the following classification algorithms: logistic regression method, GMDH classifier, random forest method, and AdaBoost method.

Results. Four classification models were constructed for each of the three B-mode echocardiography positions. For this purpose, the data samples were divided into 3: training sample (60%), validation sample (20%), and test sample (20%). Objective evaluation of the models on the test sample showed that the best classification method was random forest (90.3% accuracy on the 4-chamber echocardiography position, 74.2% on the 2-chamber, and 77.4% on the long axis). This was also confirmed by ROC analysis, wherein in all cases, the random forest was the most effective in classifying cardiac conditions.

Conclusions. The best classification algorithm for cardiac diagnostics by speckle-tracking echocardiography was determined. It turned out to be a random forest, which can be explained by the ensemble approach of bagging, which is inherent in this classification method. It will be the mainstay of further research, which is planned to be performed to develop a full-fledged decision support system for cardiac diagnostics.

Keywords: classification algorithms; medical image analysis; speckle-tracking echocardiography; heart condition; coronary heart disease; harmonic structures; logistic regression; group method of data handling; random forest; adaptive boosting.