

## CLASSIFICAÇÃO DE SONS PULMONARES BASEADA EM MÁQUINAS DE VETORES SUPORTE E ANÁLISE NO DOMÍNIO DA FREQUÊNCIA

FLÁVIO P. GOMES, BRUNO H. G. BARBOSA

*Departamento de Engenharia, Universidade Federal de Lavras*  
*Câmpus Universitário, Caixa Postal 3037, 37200-000, Lavras, MG, Brasil*  
E-mails: fpingas@engautomacao.ufla.br, brunohb@deg.ufla.br

**Abstract**— The analysis of lung sounds during medical diagnosis is a well-established practice in Medicine, that still barely makes use of available technology that could assist in this process. Motivated by this deficiency, researchers develop new systems and solutions aiming to improve this analysis. This paper presents the creation of a model to perform classification of lung sounds into 5 different classes, normal lung sounds, course crackles, fine crackles, monophonic wheezes and polyphonic wheezes. The model is based upon the use of support vector machines for classification and frequency components as features. Genetic algorithms are used for feature selection, choosing for most relevant frequency components. Results show that the method proposed achieves high accuracy when classifying lung sounds.

**Keywords**— Support Vector Machine, Lung Sounds, Pattern Recognition, Genetic Algorithm, Feature Extraction.

**Resumo**— A análise de sons pulmonares no diagnóstico médico é uma prática bem estabelecida, mas ainda pouco adaptada ao uso de sistemas inteligentes que auxiliem neste processo. Motivados por tal deficiência, pesquisadores desenvolvem novos sistemas e soluções visando aperfeiçoar esta análise. Este trabalho desenvolve a criação de um modelo para classificação de eventos em sons pulmonares em 5 classes, som normal de respiração, estertor grosso, estertor fino, sibilo monofônico e sibilo polifônico. O modelo se baseia no uso de máquinas de vetores suporte para classificação e de componentes de frequência como características. Algoritmos genéticos são utilizados para redução de dimensionalidade, selecionando as componentes de frequência que melhor descrevem os sinais. Resultados obtidos demonstram que a abordagem utilizada atinge alta acurácia na classificação de sons pulmonares.

**Palavras-chave**— Máquina de Vetores Suporte, Sons Pulmonares, Reconhecimento de Padrões, Algoritmo Genético, Extração de Características.

### 1 Introdução

Sons pulmonares, definidos como todos os sons relacionados a respiração ouvidos ou detectados sobre a parede torácica, são valiosos indicadores de anomalias no sistema respiratório. Estes sons pulmonares podem ser divididos em sons normais de respiração ou sons adventícios (anormais), cuja presença usualmente indica desordem pulmonar (Sovijarvi et al. 2000).

A análise de sons respiratórios no processo de diagnóstico médico é uma prática comum e a detecção e distinção adequada de sons adventícios se torna necessária para o diagnóstico correto (Reichert et al. 2008). A análise feita durante a ausculta convencional é altamente dependente da habilidade e experiência do examinador com o processo. Kiyokawa et al. (2001) discutem como a detecção de sons respiratórios anormais se torna difícil em condições não ideais, ao ponto que a superposição de sons torna os sinais de interesse inaudíveis.

Com o avanço tecnológico e desenvolvimento de métodos capazes de captar sons respiratórios com qualidade representativa, a análise desses sinais acústicos ganha espaço para desenvolvimento (Pasterkamp et al. 1997; Reichert et al. 2008), seja na busca por tornar sons pulmonares sinais suficientes para diagnóstico confiável ou no estudo da acústica do sistema respiratório.

Vários pesquisadores têm aplicado técnicas de reconhecimento de padrões visando detecção ou classificação objetiva de anomalias em sons respiratórios. Gurung et al. (2011) realizam uma pesquisa sobre estudos relevantes que implementam a classificação automática de sons respiratórios adventícios para auxílio em diagnóstico, detalhando a qualidade da metodologia aplicada e os resultados obtidos. Conforme discutido por Reichert et al. (2008), este campo de pesquisa sofre com a falta de um nível de padrão. Esforços coletivos são feitos para padronizar a qualidade de gravação de sons respiratórios ou para normalizar a nomenclatura de termos relevantes na área.

Neste trabalho será apresentado uma metodologia para criação de um modelo para classificação automática de eventos em sons pulmonares, e discutido a qualidade deste modelo. É utilizado máquinas de vetores suporte (*Support Vector Machine - SVM*) (Boser et al. 1992; Cortes et al. 1995) como classificador, coeficientes da Transformada Rápida de Fourier (*Fast Fourier Transform - FFT*) como características extraídas do sinal e Algoritmos Genéticos (Holland, 1975) para seleção de características visando redução de dimensionalidade.

Na próxima seção é realizada a contextualização do problema. A seção 3 descreve a implementação do método proposto. A seção 4 apresenta os resultados obtidos na implementação. A seção 5 apresenta as conclusões.

## 2 Descrição do Problema

A classificação realizada neste trabalho visa a identificação de 5 classes de sons definidos pela literatura: som normal de respiração, estertor grosso, estertor fino, sibilo monofônico e sibilo polifônico.

A Figura 1 ilustra eventos das classes de sons citadas, retirados do banco de dados que foi utilizado no trabalho.

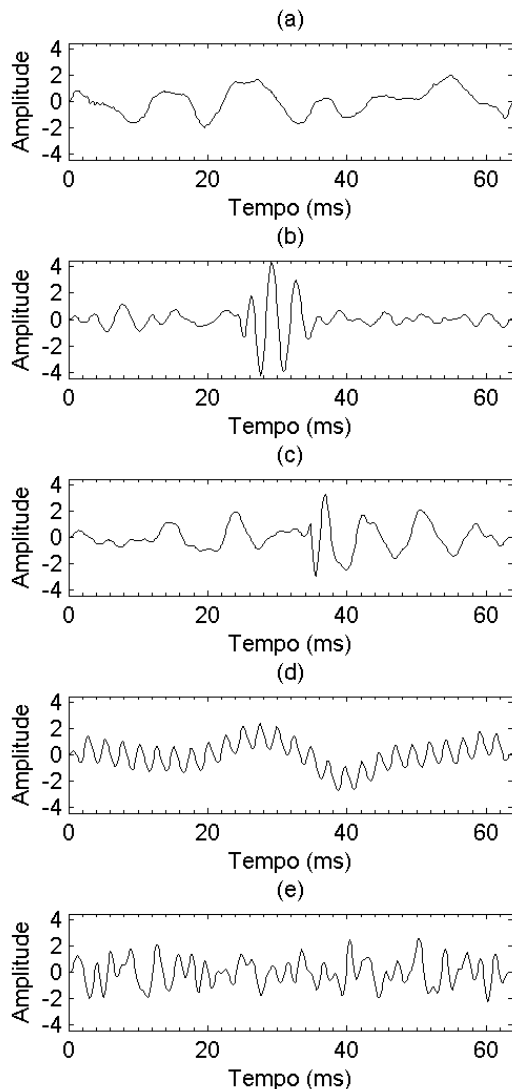


Figura 1. Eventos de sons pulmonares: (a) Normal, (b) Estertor Grosso, (c) Estertor Fino, (d) Sibilo Monofônico e (e) Sibilo Polifônico.

Um som normal de respiração, medido pela parede torácica, é caracterizado por um leve som ruidoso de baixa frequência durante a inspiração e é quase inaudível durante a expiração (Sovijarvi et al. 2000). O som normal de respiração tem frequência dominante abaixo dos 100 Hz (Gavriely et al. 1981), mas pode ser detectado até acima de 1000 Hz (Pasterkamp et al. 1996).

Entre diferentes tipos de sons adventícios estão os estertores e o sibilos.

O estertor é um som curto e explosivo, geralmente gerado pela abertura de vias aéreas respiratórias que se encontravam fechadas (por motivo anormal) durante a inspiração. Baseado em sua duração, o estertor pode ainda ser definido como estertor fino (menor duração) ou estertor grosso (maior duração) (Reichert et al. 2008). O sinal estertor é caracterizado em vários níveis de frequência e duração (Mori et al. 1980; Munakata et al. 1991; Piirila et al. 1995), o que torna difícil estabelecer um conceito definitivo.

O sibilo é caracterizado por forma de onda periódica, com frequência fundamental acima de 100 Hz. Se um sibilo é definido por basicamente uma frequência, este é classificado como sibilo monofônico; caso o sibilo possua múltiplas frequências relevantes, este é classificado como sibilo polifônico (Sovijarvi et al. 2000).

## 3 Método Proposto

A metodologia para criação do modelo de classificação é dividida nas seguintes etapas: A criação de amostras a partir do banco de dados, a extração de características que serão entrada para o modelo, a separação de dados para treinamento e validação, criação do modelo com seleção de hiperparâmetros e seleção de características, treinamento e validação do modelo proposto.

Como o banco de dados utilizado é relativamente pequeno, a metodologia é desenvolvida com foco em assegurar que o modelo construído é capaz de generalizar, evitando sobre-ajuste (*Overfit*), que pode ocorrer quando dados de teste são utilizados em processos anteriores a validação do modelo final (Cawley et al. 2010; Rao et al. 2008; Varma et al. 2006).

### 3.1 Criação de Amostras

O banco de dados utilizado foi obtido de (Lehrer, 2004), onde sons respiratórios normais, estertores e sibilos estão disponíveis. Todas as faixas estão amostradas em 8000 Hz.

Amostras de 512 pontos, representando 64 ms, foram retiradas de faixas originais e manualmente classificadas de acordo com a presença, ou não, de um som adventício. Todos os sinais foram individualmente normalizados com média nula e variância unitária.

Foram obtidas 450 amostras de som normal de respiração, 148 amostras de estertor grosso, 71 amostras de estertor fino, 71 amostras de sibilo monofônico e 100 amostras de sibilo polifônico, totalizando 840 amostras.

Considerando o uso planejado da Transformada Rápida de Fourier (*Fast Fourier Transform - FFT*), foi aplicada uma função janela sobre amostras coletadas. O efeito de fuga espectral na FFT, a criação de componentes de frequência não presentes no sinal

original, pode ocorrer devido a existência de componentes de frequência que não encaixam corretamente na faixa de precisão da FFT aplicada, ou com a descontinuidade do ponto inicial com o ponto final do sinal após o janelamento. O uso de uma função janela adequada tende a atenuar o efeito da fuga espectral (Harris, 1978). Neste trabalho foi utilizado a janela Tukey, que apresenta um compromisso adequado entre resolução e resposta dinâmica para a aplicação.

A Figura 2 exemplifica a aplicação de uma janela Tukey sobre um sinal síbilo monofônico em comparação ao sinal original sob uma janela retangular. Nota-se como a atenuação do sinal no domínio do tempo resulta em um espectro de amplitude suavizado. A redução da fuga espectral facilita a classificação, removendo parte dos ruídos que afetam os dados de interesse.

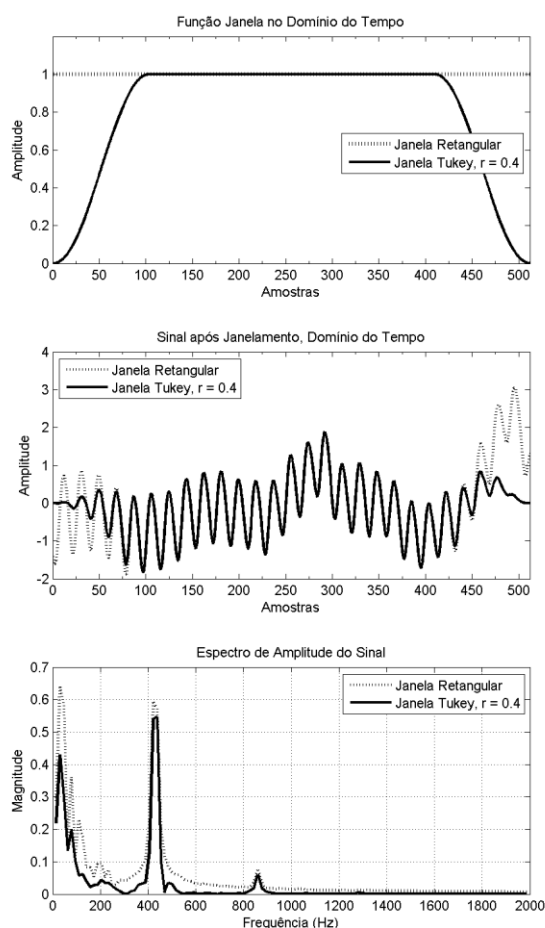


Figura 2. Aplicação de duas janelas em uma amostra de síbilo monofônico e sua representação no domínio da frequência.

### 3.2 Extração de Características

Baseado no trabalho de Biau et al. (2005), que demonstra a validade de utilizar coeficientes da série de Fourier de um sinal para sua classificação, foi utilizado os módulos da FFT do som respiratório como características para classificação. Para cada

amostra é obtido então um vetor com 512 características, reduzido a 256 após remover a simetria conjugada.

Sobre as características extraídas, a única manipulação realizada foi o escalonamento linear para a faixa  $[-1,1]$ , com o objetivo de facilitar manipulações matemáticas e evitar que valores de diferentes escalas perdessem representação (Hsu et al. 2003).

### 3.3 Separação do Banco de Dados

Neste ponto os dados para treinamento e validação estão disponíveis. Para diminuir possibilidades de *overfit*, o banco de dados é separado em dados que serão utilizados na criação do modelo (dados de treinamento), e em dados que serão utilizados na validação (dados de teste).

É utilizado um método de validação cruzada aninhada (*Nested Cross Validation*) para lidar adequadamente com o banco de dados.

Uma validação cruzada *k-fold* externa aplicada sobre toda a extensão do banco de dados separa dados de treinamento de dados de teste. Nota-se que esta validação cruzada implica que *k* diferentes modelos finais serão treinados. A análise da performance de múltiplos modelos finais criados pelo mesmo método auxilia na avaliação da eficácia do método proposto.

A validação cruzada *k-fold* interna, aplicada sobre os dados de treinamento, auxilia na seleção de hiperparâmetros e subsequente criação do modelo final.

### 3.4 Seleção do Classificador

Nesta etapa o banco de dados foi dividido com uma validação cruzada externa. Apenas dados classificados como para treinamento são utilizados. É realizada a seleção de hiperparâmetros do classificador selecionado.

No processo de seleção de modelo tratamos da otimização de hiperparâmetros em dois modos, a seleção de características relevantes e a seleção de hiperparâmetros do classificador selecionado.

O classificador utilizado, a máquina de vetores suporte (SVM), busca construir um conjunto de hiperplanos em um espaço dimensional superior que delimita com máxima margem os dados de entrada de treinamento de acordo com suas classes. Este conjunto de hiperplanos se torna a referência para a classificação de novos dados. Os hiperplanos são marcados por dados de treinamento que formam suas margens, chamados *vetores suporte* (Cortes et al. 1995).

Para a implementação do classificador, foi utilizado a biblioteca LIBSVM (Chang et al. 2011).

A função de kernel utilizada na SVM foi a função de base radial (*Radial Basis Function – RBF*), baseado nos trabalhos de Keerthi et al. (2003) e Lin et al. (2003).

O classificador estabelecido possui dois hiperparâmetros para otimização,  $C$ , um parâmetro de penalização, e  $\gamma$ , a largura do kernel. Esta otimização é realizada conforme indicado pela documentação do LIBSVM, com validação cruzada sobre os dados de treinamento, dando prioridade a maior taxa de acertos e menor número total de vetores suporte. O par  $[C_f, \gamma_f]$  selecionado é utilizado como parâmetro para o modelo final.

### 3.5 Seleção de Características

Consideramos agora a redução de dimensionalidade do vetor de características. Originalmente este possui 256 pontos, descrevendo 256 componentes de frequência. A seleção de características tem como objetivo diminuir o custo computacional da classificação sem comprometer a qualidade desta, idealmente atingindo até melhores níveis de precisão na classificação caso alguma característica frequentemente carregue algum tipo de informação problemática (Guyon et al. 2003; Saeys et al. 2007).

A seleção foi realizada com Algoritmo Genético (AG), um algoritmo de otimização que busca minimizar uma função manipulando uma população de soluções candidatas (Holland, 1975). Para esta finalidade, os indivíduos do AG são vetores binários que indicam se a característica é utilizada ou não.

A avaliação de cada indivíduo é dada por:

$$Avaliação = MCll + 0.0004 * RgPar \quad (1)$$

Onde  $MCll$  é a média do *Multi-Class Logarithmic Loss* mais seu desvio padrão, calculado sobre a performance do indivíduo em uma validação cruzada com um SVM com parâmetros  $[C_f, \gamma_f]$  como classificador.  $RgPar$  é o número de características utilizadas. Deste modo, a função de avaliação (1) é a função a ser minimizada pelo AG, e contém um termo para minimizar o erro de classificação e um termo pesado para favorecer indivíduos que utilizam menos características.

### 3.6 Treinamento e Validação do Modelo

Um modelo com os parâmetros  $[C_f, \gamma_f]$  é treinado com as características indicadas pelo melhor indivíduo encontrado pelo algoritmo genético, com todos os dados para treinamento. Finalmente, este modelo final é testado com os dados separados para teste na etapa inicial da validação cruzada.

Todo o processo de seleção de modelo e esta etapa final de treinamento e validação é repetida conforme o número de vezes configurada na validação cruzada externa.

## 4 Resultados

Os procedimentos descritos anteriormente são aplicados e seus resultados apresentados.

A validação cruzada externa foi aplicada com 5 *folds*. A divisão foi refeita 2 vezes, totalizando 15 modelos validados. A criação de múltiplos modelos é feita com o intuito de demonstrar que os resultados obtidos não representam *overfit* do modelo, já que cada um é criado e validado com conjuntos de dados distintos.

Na validação observamos a eficácia do classificador sobre dados de teste e do algoritmo genético como método para seleção de características. É comparado então a complexidade e a qualidade dos modelos encontrados e posto em perspectiva o efeito da seleção de características.

Como medida de acurácia será utilizada a média harmônica entre precisão e sensibilidade de cada classe, ou *F1 Score*. Nota-se que no banco de dados utilizado as classes não estão igualmente distribuídas. Para diminuir o efeito desta distribuição na medida de performance, a medida geral é tomada pela média das medidas individuais sem ponderação.

A Tabela 1 mostra a matriz de confusão resultante da validação dos 15 modelos treinados, e a sensibilidade da classificação de cada tipo de som pulmonar.

Tabela 1. Matriz de confusão para os 15 modelos obtidos; SRN: Som respiratório normal; EG: Estertor Grosso; EF: Estertor Fino; SM: Sibilos Monofônicos; SP: Sibilos Polifônicos.

|               | SRN                 | EG                  | EF                  | SM                  | SP                  |
|---------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|
| SRN           | 89.73<br>±<br>0.59  | 0.00<br>±<br>0.00   | 0.27<br>±<br>0.59   | 0.00<br>±<br>0.00   | 0.00<br>±<br>0.00   |
| EG            | 0.00<br>±<br>0.00   | 29.27<br>±<br>0.70  | 0.00<br>±<br>0.00   | 0.00<br>±<br>0.00   | 0.33<br>±<br>0.49   |
| EF            | 0.40<br>±<br>0.63   | 0.00<br>±<br>0.00   | 13.67<br>±<br>0.82  | 0.13<br>±<br>0.35   | 0.00<br>±<br>0.00   |
| SM            | 0.00<br>±<br>0.00   | 0.00<br>±<br>0.00   | 0.07<br>±<br>0.26   | 13.93<br>±<br>0.88  | 0.20<br>±<br>0.56   |
| SP            | 0.00<br>±<br>0.00   | 0.27<br>±<br>0.46   | 0.00<br>±<br>0.00   | 0.00<br>±<br>0.00   | 19.73<br>±<br>0.46  |
| Sensibilidade | 0.997<br>±<br>0.007 | 0.989<br>±<br>0.016 | 0.962<br>±<br>0.046 | 0.981<br>±<br>0.057 | 0.987<br>±<br>0.023 |

O *F1 Score* para estes dados é de  $0.9841 \pm 0.0134$ . O número médio de características utilizadas foi de  $94.33 \pm 6.48$ . O número médio de vetores suporte utilizado pelos modelos foi de  $133.87 \pm 10.54$ .

Para comparação, são treinados outros 15 modelos em mesmas condições, exceto que estes não passam pela etapa de seleção de características. O *F1*

Score obtido foi de  $0.9896 \pm 0.0147$ . O número médio de vetores suporte utilizado foi de  $181.80 \pm 18.56$ .

Observa-se que os modelos escolhidos obtiveram resultados estáveis mesmo durante um processo de validação cruzado, um indicador de boa capacidade de generalização. Os modelos que utilizam de características selecionadas são consideravelmente mais simples com nenhuma deficiência em performance, validando o uso do algoritmo genético.

Os resultados encontrados são satisfatórios e em linha com outros da literatura, como discutidos por Gurung et al. (2011), Serbes et al. (2013) e Naves (2015). A classificação de pequenas janelas de som com base em componentes de frequência tem como vantagem a simplicidade do método de extração de características como também discutido por Oweis et al. (2015).

## 5 Conclusão

Neste trabalho foi apresentado uma metodologia para criação de um modelo para classificação de sons pulmonares em 5 classes distintas, baseado em componentes de frequência e máquinas de vetores suporte. A metodologia inclui a utilização de um algoritmo genético para selecionar características pertinentes.

O trabalho propõe diferencialmente a combinação particular dos métodos descritos como uma solução altamente eficiente e simples para o problema descrito.

O uso de coeficientes resultantes da FFT como características tem a vantagem de utilizar de um algoritmo computacionalmente eficiente.

A máquina de vetores suporte como classificador não é afetada pela dificuldade de treinamento com bancos de dados pequenos, como é o caso com redes neurais artificiais.

Para futuro desenvolvimento é notável a possibilidade de utilizar diferentes classificadores e diferentes métodos para seleção de características, seja em busca de melhor performance ou menor custo computacional para a implementação do software em um sistema embarcado.

A utilização da mesma metodologia para criar um modelo a partir de um banco de dados mais extenso é um ponto tentativo. O escopo do modelo proposto é servir como solução adequada para uma situação de uso real, sendo necessário então um banco de dados representativo.

## Agradecimentos

Agradecimento à FAPEMIG (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais) pela bolsa de pesquisa e auxílio concedido.

## Referências Bibliográficas

- Biau, G., Bunea, F. and Wegkamp, M.H., 2005. Functional classification in Hilbert spaces. *Information Theory, IEEE Transactions on*, 51(6), pp.2163-2172.
- Boser, B.E., Guyon, I.M. and Vapnik, V.N., 1992, July. A training algorithm for optimal margin classifiers. In *Proceedings of the fifth annual workshop on Computational learning theory* (pp. 144-152). ACM.
- Cawley, G.C. and Talbot, N.L., 2010. On over-fitting in model selection and subsequent selection bias in performance evaluation. *The Journal of Machine Learning Research*, 11, pp.2079-2107.
- Chang, C.C. and Lin, C.J., 2011. LIBSVM: a library for support vector machines. *ACM Transactions on Intelligent Systems and Technology (TIST)*, 2(3), p.27.
- Cortes, C. and Vapnik, V., 1995. Support-vector networks. *Machine learning*, 20(3), pp.273-297.
- Gavriely, N., Palti, Y. and Alroy, G., 1981. Spectral characteristics of normal breath sounds. *Journal of Applied Physiology*, 50(2), pp.307-314.
- Gurung, A., Scrafford, C.G., Tielsch, J.M., Levine, O.S. and Checkley, W., 2011. Computerized lung sound analysis as diagnostic aid for the detection of abnormal lung sounds: a systematic review and meta-analysis. *Respiratory medicine*, 105(9), pp.1396-1403.
- Guyon, I. and Elisseeff, A., 2003. An introduction to variable and feature selection. *The Journal of Machine Learning Research*, 3, pp.1157-1182.
- Harris, F.J., 1978. On the use of windows for harmonic analysis with the discrete Fourier transform. *Proceedings of the IEEE*, 66(1), pp.51-83.
- Holland, J.H., 1975. *Adaptation in natural and artificial systems: an introductory analysis with applications to biology, control, and artificial intelligence*. U Michigan Press.
- Hsu, C.W., Chang, C.C. and Lin, C.J., 2003. A practical guide to support vector classification. Technical Report, Department of Computer Science and Information Engineering, National Taiwan University. Available at <http://www.csie.ntu.edu.tw/~cjlin/papers/guide/guide.pdf> [Accessed Sept. 3, 2016].

- Keerthi, S.S. and Lin, C.J., 2003. Asymptotic behaviors of support vector machines with Gaussian kernel. *Neural computation*, 15(7), pp.1667-1689.
- Kiyokawa, H., Greenberg, M., Shirota, K. and Pasterkamp, H., 2001. Auditory detection of simulated crackles in breath sounds. *CHEST Journal*, 119(6), pp.1886-1892.
- Lehrer, S., 2004. Entendendo os sons pulmonares. 3ª edição. São Paulo: Editora Roca Ltda.
- Lin, H.T. and Lin, C.J., 2003. A study on sigmoid kernels for SVM and the training of non-PSD kernels by SMO-type methods. *submitted to Neural Computation*, pp.1-32.
- Mori, M., Kinoshita, K., Morinari, H., Shiraishi, T., Koike, S. and Murao, S., 1980. Waveform and spectral analysis of crackles. *Thorax*, 35(11), pp.843-850.
- Munakata, M., Ukita, H., Doi, I., Ohtsuka, Y., Masaki, Y., Homma, Y. and Kawakami, Y., 1991. Spectral and waveform characteristics of fine and coarse crackles. *Thorax*, 46(9), pp.651-657.
- Naves, R., 2015. Um estudo de reconhecimento de sons pulmonares baseado em técnicas de inteligência computacional. Universidade Federal de Lavras. Available at <http://repositorio.ufla.br/jspui/handle/1/10496> [Accessed Sept. 3, 2016]
- Oweis, R.J., Abdulhay, E.W., Khayal, A. and Awad, A., 2015. An alternative respiratory sounds classification system utilizing artificial neural networks. *Biomedical journal*, 38(2), p.153.
- Pasterkamp, H., Powell, R.E. and Sanchez, I., 1996. Lung sound spectra at standardized air flow in normal infants, children, and adults. *American journal of respiratory and critical care medicine*, 154(2), pp.424-430.
- Pasterkamp, H., Kraman, S.S. and Wodicka, G.R., 1997. Respiratory sounds: advances beyond the stethoscope. *American journal of respiratory and critical care medicine*, 156(3), pp.974-987.
- Piirila, P. and Sovijarvi, A.R., 1995. Crackles: recording, analysis and clinical significance. *European Respiratory Journal*, 8(12), pp.2139-2148.
- Rao, R.B., Fung, G. and Rosales, R., 2008, April. On the Dangers of Cross-Validation. An Experimental Evaluation. In *SDM* (pp. 588-596).
- Reichert, S., Gass, R., Brandt, C. and Andrès, E., 2008. Analysis of respiratory sounds: state of the art. *Clinical Medicine Insights. Circulatory, Respiratory and Pulmonary Medicine*, 2, p.45.
- Saeys, Y., Inza, I. and Larrañaga, P., 2007. A review of feature selection techniques in bioinformatics. *bioinformatics*, 23(19), pp.2507-2517.
- Serbes, G., Sakar, C.O., Kahya, Y.P. and Aydin, N., 2013. Pulmonary crackle detection using time-frequency and time-scale analysis. *Digital Signal Processing*, 23(3), pp.1012-1021.
- Sovijarvi, A.R.A., Dalmasso, F., Vanderschoot, J., Malmberg, L.P., Righini, G. and Stoneman, S.A.T., 2000. Definition of terms for applications of respiratory sounds. *European Respiratory Review*, 10(77), pp.597-610.
- Varma, S. and Simon, R., 2006. Bias in error estimation when using cross-validation for model selection. *BMC bioinformatics*, 7(1), p.91.