

CLASSIFICADOR DE SONS PULMONARES: UMA ABORDAGEM BASEADA EM FFT E MÁQUINA DE VETOR DE SUPORTE

GUILHERME LOPES DIAS*, FREDERICO LUCAS DE OLIVEIRA MOTA*, BRUNO HENRIQUE GROENNER BARBOSA*, DANTON DIEGO FERREIRA*, ERNESTO LIPPI NETO†

**Universidade Federal de Lavras
Departamento de Engenharia
Lavras MG 37200-000, Brasil*

*†Hospital Vaz Monteiro
Lavras MG 37200-000, Brasil*

Emails: guilherme.dias@medicina.ufla.br, frederico.mota@outlook.com,
brunohb@deg.ufla.br, danton@deg.ufla.br, ernestolippi@outlook.com

Abstract— The diagnosis based on pulmonary auscultation is a routine activity in medical care. However, it is a highly dependent user technique and requires a quiet ambient. In this sense it is interesting that there are systems capable of assisting the medical diagnosis in relation to the auscultation sound. In this way several works using computational intelligence have been made for the processing of these pulmonary sounds and thus, together with the user experience, make possible a more reliable diagnosis. This work presents an approach to classify pulmonary sounds initially between vesicular and adventitious, and adventitious sounds are classified into six classes: monophonic and polyphonic wheeze, coarse and fine crackles, stridor and pleural rubs. The approach is based on Fast Fourier Transform (FFT) and Vector Support Machine (SVM). To extract the characteristics of the sounds, we used the FFTs which are then evaluated by means of a Genetic Algorithm that works in accordance with the best linear classification kernel SVM. It was possible to classify pulmonary sounds among the seven classes with results from $93,3 \pm 1,6\%$ to $100,0 \pm 0,0\%$.

Keywords— Pulmonary Sounds, Support Vector Machine, Computational Intelligence, Fast Fourier Transform

Resumo— O diagnóstico pautado na ausculta pulmonar é atividade corriqueira no atendimento médico. No entanto, é uma técnica altamente dependente do usuário, além de requerer um ambiente silencioso. Nesse sentido é interessante que hajam sistemas capazes de auxiliar o diagnóstico médico em relação ao som da ausculta. Dessa forma diversos trabalhos utilizando inteligência computacional têm sido feitos para o processamentos desses sons pulmonares e assim possibilitar, aliado a experiência do usuário, um diagnóstico mais confiável. Este trabalho apresenta uma abordagem de classificação dos sons pulmonares inicialmente entre vesicular e adventício, além disso os sons adventícios são classificados entre seis classes: sibilo monofônico e polifônico, estertor grosso e fino, estridor e atrito pleural. A abordagem é 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 as sete classes com resultados variando entre $93,3 \pm 1,6\%$ à $100,0 \pm 0,0\%$.

Palavras-chave— Sons Pulmonares, Máquina de Vetor de Suporte, Inteligência Computacional, Transformada Rápida de Fourier

1 Introdução

A investigação e estudo de doenças do trato respiratório tem como principal objeto de estudo os sons respiratórios. Estes são definidos como ruídos que decorrem da turbulência aérea da respiração juntamente com a vibração das estruturas pulmonares (DALMAY, F., 1995). A análise destes sons é de extrema importância para que seja viável prevenir e identificar patologias no sistema respiratório. Para esta análise é ordinariamente utilizada a técnica da ausculta pulmonar. A ausculta tem como suas principais características permitir um exame não invasivo, não necessitar de grandes recursos financeiros e de rápida coleta de dados para análise (SARKAR, M., 2015). Ela permite distinguir as duas classificações básicas dos sons pulmonares, normais e adventícios. A presença desta última classe indica, frequentemente, a existência de disfunções no sistema respiratório e desordens

pulmonares (e. g., asma, bronquite crônica, rinite, sarcoidose). Contudo, para que esta distinção e detecção seja feita é necessário que o executor da técnica possua experiência e habilidade elevadas. Outro revés é a dependência do ambiente para aplicação da ausculta, ao ponto de, se realizada em situações não ideais, a detecção de sons pulmonares adventícios tornar-se difícil, ou até mesmo, impossível (KIYOKAWA, H., 2001).

Com o progresso e desenvolvimento das pesquisas na área de reconhecimento de padrões, uma grande gama de trabalhos, a fim de superar as dificuldades do procedimento de ausculta e detectar doenças pulmonares, têm implementado sistemas para o processamento de sons respiratórios e detecção de eventos, sons adventícios, com a finalidade de proporcionar diagnósticos mais precisos e confiáveis que, por sua vez, podem auxiliar os médicos a diagnosticar patologias, evitar óbitos e contribuir no tratamento de doenças.

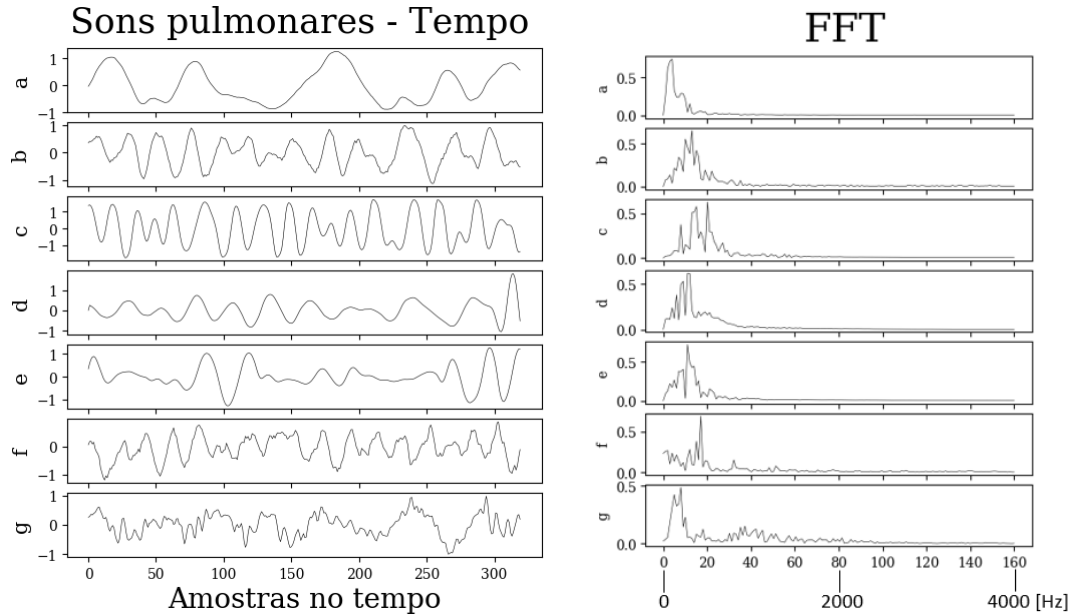


Figura 1: Sons pulmonares. a - Vesicular, b - Sibilo Monofônico, c - Sibilo Polifônico, d - Estertor Grosso, e - Estertor Fino, f - Estridor, g - Atrito Pleural

Um método de detecção de estertores, sub-classe dos sons adventícios é proposto por (SERBES, G., 2013). Neste estudo foram extraídas características por meio da Transformada de Fourier e Transformada Wavelet. Foram testadas diferentes janelas e wavelets e posteriormente feita uma comparação dentre vários métodos de classificação, entre eles a Máquina de Vetores de Suporte (SVM). Esta abordagem de aliar a extração de características de sons pulmonares no domínio da frequência com técnicas de reconhecimento de padrões, como a SVM, também foi implementada com sucesso por (JIN, F., 2014). Em (NAVES, R., 2016) estatísticas de ordem superior são empregadas em uma abordagem dividir para conquistar para classificação de sibilos e estertores tipos de sons pulmonares.

No presente trabalho será apresentado o procedimento necessário para implementação de um sistema de classificação de sons pulmonares e, por fim, uma discussão sobre a qualidade e eficiência do mesmo. É utilizada para extração de características dos sons a Transformada Rápida de Fourier (*Fast Fourier Transform* - FFT) (BIAU, G., 2005), para redução de dimensionalidade e seleção das melhores características, o Algoritmo Genético (Genetic Algorithm – GA (HOLLAND, 1992; HUANG, 2006), por fim, para classificação dos sons respiratórios a máquina de vetores suporte (*Support Vector Machine* - SVM) (VAPNIK, 1995) é implementada.

Na próxima Seção é explicado o método utilizado, detalhando-se o banco de dados, a extração de características, a redução da dimensionalidade 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

2.1 Dados de entrada

Para geração das amostras foi utilizado o banco de dados adquirido de (LEHRER, 2004), composto por sons pulmonares normais e anormais amostrados a taxa de 8kHz. Os sinais são tratados pela normalização com média nula e variância unitária previamente. No total têm-se 450 sinais compostos por 320 amostras, obtidos a partir do janelamento do banco de dados de áudio disponível. Na figura 1 é possível ver as classes de sons utilizados no domínio do tempo e da frequência.

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

2.2 Extração das características

O algoritmo utilizado para extrair características foi desenvolvido por (COOLEY, 1965) e nomeado Transformada Rápida de Fourier. Para calcular todos os valores espectrais de X , são necessárias N^2 multiplicações complexas, ao passo que a FFT processa apenas $2N \log_2 N$ multiplicações complexas. Esta etapa implementada em MATLAB, é o que torna a transformada de Fourier acessível para processamento digital de sinais (LATHI, 2005). Os módulos da FFT dos sinais são utilizados no método proposto para classificação dos sons respiratórios. Como existe a simetria conjugada do sinal

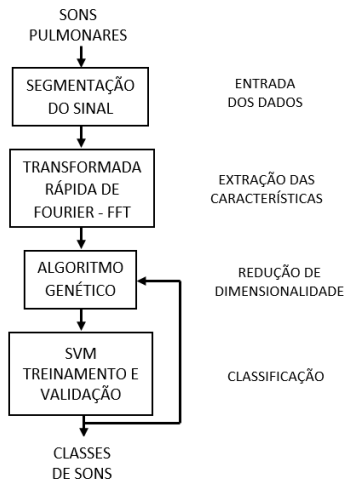


Figura 2: Esquema do método proposto

resultante, ela é excluída, obtendo ao final um vetor de 160 características do sinal. E a próxima etapa passa a ser a redução da dimensionalidade deste vetor.

Tabela 1: Dados para treino

Classe	Nº Amostras
Vesicular	120
Sib. Polifônico	30
Sib. Monofônico	30
Est. Fino	30
Est. Grosso	30
Estridor	30
Atrito Pleural	30
Total	300

Tabela 2: Dados para teste

Classe	Nº Amostras
Vesicular	60
Sib. Polifônico.	15
Sib. Monofônico.	15
Est. Fino	15
Est. Grosso	15
Estridor	15
Atrito Pleural	15
Total	150

2.3 Redução da dimensionalidade

O Algoritmo Genético (HOLLAND, 1992) é uma técnica que possibilita a busca por soluções ótimas inspirado na evolução biológica. A implementação deste algoritmo leva à seleção do melhor indivíduo, o qual possui as melhores características, dentre toda a população. Esta evolução depende então, dos parâmetros: probabilidades de mutação e de cruzamento de indivíduos (*crossing over*), tamanho da população e número de gerações. Neste

trabalho, esta abordagem foi utilizada visando a redução do custo computacional a partir da redução do número de características a serem utilizadas pelo classificador final. 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 máquinas de vetores suporte com os n índices definidos pelo indivíduo, nos seguintes problemas de classificação: *i.* vesicular *versus* adventício, *ii.* sibilos e estertores *versus* atrito pleural e estridor, *iii.* sibilos *versus* estertores, *iv.* atrito pleural *versus* estridor, *v.* sibilos monofônicos *versus* polifônicos e *vi.* estertores grossos *versus* finos. A fim de aumentar a generalização do método, os indivíduos são avaliados a partir do desempenho da SVM construída com seus índices em validação cruzada do tipo *k-fold*, com k igual a cinco. Dessa forma, o conjunto de dados de treinamento formado pelas n características definidas pelo indivíduo (sendo esse número variável de acordo com o problema de classificação) é enviado a uma SVM e o resultado de acerto da classificação obtida em porcentagem é a função objetivo a ser maximizada, correspondendo à função de avaliação do indivíduo. Logo, se forem utilizados S sons para classificação e obtidos N erros, a função objetivo será $100(S - N)/S$.

Após a etapa de avaliação, o algoritmo seleciona os indivíduos mais aptos por meio da roleta viciada, 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. Assim, o conjunto de características é evoluído ao longo das gerações e, no final, o melhor conjunto é retornado pelo AG. O algoritmo genético foi rodado várias vezes e desempenhos muito próximos foram encontrados, sendo escolhido o melhor dentre eles.

Apesar da criação do banco de dados ter sido realizada no *software* Matlab, a implementação do algoritmo de redução de dimensionalidade (Algoritmo Genético) foi realizada em Python versão 2.7.14. 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.

2.4 Classificação

Como alternativa às redes neurais artificiais o uso de máquina de vetores suporte tem sido conside-

Tabela 3: Parâmetros do Algoritmo Genético

Taxa de cruzamento	0,65
Taxa de mutação	0,3
Número de gerações	200
População	100

rado em problemas de classificação. Sua teoria foram desenvolvidas por (VAPNIK, 1995) e se trata de uma técnica supervisionada de aprendizado de máquina. Seu treinamento baseia-se 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 (LORENA, A. C. e DE CARVALHO, 2003). 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:

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

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

Sendo $u = (\mathbf{w}^* \cdot \mathbf{x}_i)$. 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 obtidos 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 é realizada em Python. Utiliza-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 figura 2 temos um esquema resumindo todo o método proposto enfatizando o trabalho da SVM junto ao algoritmo genético.

3 Resultados e Discussão

Inicialmente destaca-se o papel do detector de sons pulmonares adventícios, ou seja, aquele som com alguma possível patologia associada. É interessante perceber que para a validação do modelo utilizou-se o método *k-fold cross validation* perfazendo 5 *folds* para cada conjunto de indivíduos. O método de divisão e conquista bem como os nós de separação da árvore representada na figura 3 foram escolhidos devido ao melhor resultado fornecido quando a comparação das classes foi feita com os pares demonstrados, a SVM é usada após o treinamento concomitante com o algoritmo genético em cada nó da árvore. O método proposto foi capaz de inferir se o som é vesicular ou adventício com $100,0 \pm 0,0\%$ de precisão utilizando-se apenas 8 características, que são [1, 2, 3, 12, 124, 140, 158, 159]. O que é de grande importância na aplicação de setores de triagem, quando a caracterização do som entre normal ou patológico pode ser de grande importância clínica.

Na classificação das classes percebeu-se que o método de divisão e conquista foi mais eficaz para a resolução do problema, pois inicialmente foi feita uma abordagem de classificação de todas as classes uma única vez utilizando apenas uma SVM, no entanto, constatou-se baseado no trabalho de NAVES et al (2016) que a abordagem confrontando dois conjuntos de dados por vez de forma a dividir em subproblemas, por exemplo,

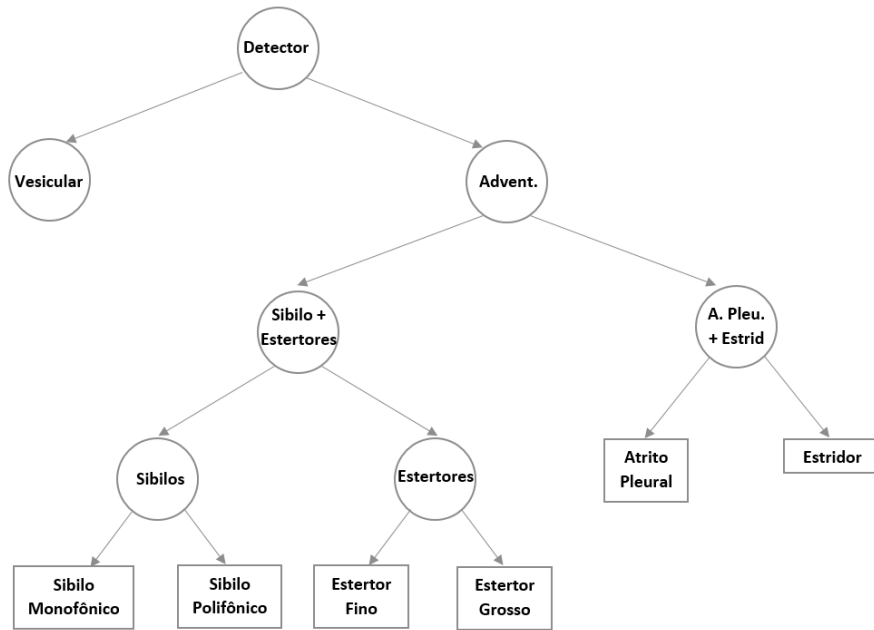


Figura 3: Resumo esquemático do método proposto

Tabela 4: Matriz de confusão para dados de teste. Entre parênteses encontra-se o número de dados utilizados. VES - Vesicular, SM - Sibilo Monofônico, SP - Sibilo Polifônico, EG - Estertor Grosso, EF - Estertor Fino, ES - Estridor, AP - Atrito Pleural

	<i>VES</i>	<i>SM</i>	<i>SP</i>	<i>EG</i>	<i>EF</i>	<i>ES</i>	<i>AP</i>
<i>VES</i>	1,00(60)	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>SM</i>	0,00	0,86(13)	0,13(2)	0,00	0,00	0,00	0,00
<i>SP</i>	0,00	0,00	0,93(14)	0,06(1)	0,00	0,00	0,00
<i>EG</i>	0,00	0,00	0,06(1)	0,93(14)	0,00	0,00	0,00
<i>EF</i>	0,00	0,06(1)	0,00	0,06(1)	0,86(13)	0,00	0,00
<i>ES</i>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,93(14)	0,06(1)
<i>AP</i>	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,00(15)

classificar inicialmente entre normal e anormal ou sibilo monofônico e polifônico, utilizando portanto a divisão e conquista, retornava melhores resultados na classificação. Após a definição de que o som é adventício ele então é separado em um conjunto composto de sibilos mais estertores e outro por estridores e atrito pleural como mostrado no esquema da Figura 3, e a separação destes dois conjuntos de dados foi de $100,0 \pm 0,0\%$ utilizando 5 características que são [10, 11, 13, 19, 29].

Na próxima etapa ocorre a separação entre estridor e atrito pleural com 5 características que são [29, 31, 34, 35, 59] com o porcentagem de acerto de $93,3 \pm 1,6\%$. E então, de forma similar, ocorre a separação dos dados entre sibilos e estertores com 15 características a citar [2, 3, 11, 13, 15, 22, 48, 65, 75, 88, 118, 122, 136, 157, 159] com porcentagem de acerto de $93,3 \pm 1,6\%$. Finalmente os dados são separados entre sibilos monofônicos e polifônicos com $100,0 \pm 0,0\%$ utilizando 17 características [2, 3, 7, 8, 10, 11, 12, 13, 19, 40, 52, 65, 111, 129, 136, 158, 159] e também entre es-

tertore grossos e finos com 17 características que são [2, 3, 11, 12, 13, 14, 22, 48, 65, 70, 84, 88, 118, 133, 144, 158, 159] obtendo $93,3 \pm 1,6\%$ de acerto. É interessante perceber que os dados da Tabela 4 referem-se ao teste de todo o sistema e não a separação entre classes semelhantes par a par, como sibilos monofônico e polifônico por exemplo. Para isso foi escolhida a melhor SVM para cada nó da árvore de classificação e assim foi testado apenas uma vez para o melhor caso. Pode se perceber que, ocorrem erros como a confusão entre sibilo monofônico e estertor fino que não foi previsto no método *k-fold cross validation* que analisava as classes par a par. A abordagem pela SVM multiclass, ou seja, a classificação das classes de uma vez teve desempenho de $92,0 \pm 0,1\%$ com 79 características. Para 160 características a classificação entre vesicular e adventício e também entre sibilos com estertores versus atrito pleural e estridor foi $100,0 \pm 0,0\%$, e para sibilos versus estertores $81,7 \pm 0,2\%$, atrito pleural versus estridor $90,0 \pm 1,6\%$, sibilos monofônicos versus polifôni-

cos $90,0 \pm 1,6\%$ e finalmente estertor grosso versus fino $86,7 \pm 0,2\%$, justificando portanto uma abordagem por divisão e conquista e o uso do algoritmo genético.

Tabela 5: Resumo dos resultados pela comparação pareada usando *k-fold cross validation*

Par	Carac.	Acerto
Ves. e Adventícios	8	$100,0 \pm 0,0\%$
Sib.+Est. e AP+ES	5	$100,0 \pm 0,0\%$
Sib. e Estertores	15	$93,3 \pm 1,6\%$
Sib. Monof. e Polif.	17	$100,0 \pm 0,0\%$
Est. Grosso e Fino	17	$93,3 \pm 1,6\%$
Estridor e At. Pleral	5	$93,3 \pm 1,6\%$

4 Conclusão

Apresentou-se uma abordagem para classificação de sons pulmonares em sete classes distintas com precisão considerável. O método é baseado em máquina de vetor suporte que faz a classificação através do módulo de frequências obtidas da transformada rápida de Fourier que trabalha na fase de treinamento em conjunto com o algoritmo genético a fim de obter o menor conjunto de características com melhor resultado possível na classificação. A classificação dos sons entre vesiculares e adventícios foi de $100,0 \pm 0,0\%$ usando 8 características. Os resultados da comparação pareada entre as classes de sons pulmonares usando *k-fold cross validation* foram satisfatórios alcançando índices superiores a 93% de acerto utilizando apenas 17 características. 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. Já foi iniciada a construção de um conjunto de dados próprio, mais extenso para que o método proposto tenha sua generalização avaliada. Pretende-se ampliar a busca por outros métodos para extração de características que podem favorecer a diminuição do custo computacional.

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

BIAU, G., BUNEA, F. e WEGKAMP, M. H. (2005). *Functional classification in Hilbert*

spaces., Vol. 51, nº 6, IEEE Transactions on Information Theory.

COOLEY, J. W. e TUKEY, J. W. (1965). *An algorithm for the machine calculation of complex Fourier series.*, Vol. 19, nº 90, Mathematics of computation.

DALMAY, F., ANTONINI, M. T. e MARQUET, P. (1995). *Acoustic properties of normal chest.*, Vol. 8, European Respiratory Journal.

HOLLAND, J. H. (1992). *Adaptation in natural and artificial systems: an introductory analysis with applications to biology, control, and artificial intelligence.*, MIT press.

HUANG, C. e WANG, C. (2006). A ga-based feature selection and parameters optimization for support vector machines, *Expert Systems with applications* **31**, nº 2: 231–240.

JIN, F., SATTAR, F. e GOH, D. Y. (2014). New approaches for spectro-temporal feature extraction with applications to respiratory sound classification, *Neurocomputing* **123**: 362–371.

KIYOKAWA, H., GREENBERG, M. e SHIROTA, K. (2001). *Auditory detection of simulated crackles in breath sounds.*, Vol. 119, nº 6, CHEST Journal.

LATHI, B. P. (2005). *Linear systems and signals. A systematic review and meta-analysis.*, Vol. 2, Oxford University Press, New York.

LEHRER, S. (2004). *Entendendo os sons pulmonares.*, 3ª edn, Editora Roca Ltda, São Paulo - SP.

LORENA, A. C. e DE CARVALHO, A. C. P. L. F. (2003). *Introdução às Máquinas de Vetores Suporte (Support Vector Machines).*, Relatórios Técnicos do ICMC., São Carlos.

NAVES, R., BARBOSA, B. H. G. e FERREIRA, D. D. (2016). *Classification of lung sounds using higher-order statistics: A divide-and-conquer approach.*, Vol. 129, Computer Methods and Programs in Biomedicine.

SARKAR, M., MADABHAVI, I. e NIRANJAN, N. (2015). *Auscultation of the respiratory system.*, Vol. 10, nº 3, Annals of thoracic medicine.

SERBES, G., SAKAR, C. O. e KAHYA, Y. P. (2013). *Pulmonary crackle detection using time-frequency and time-scale analysis.*, Vol. 23, nº 3, Digital Signal Processing.

VAPNIK, V. (1995). *The Nature of Statistical Learning Theory.*, Springer-Verlag, New York.