

تحلیل سری زمانی فواصل ضربان قلب به روشهای آنتروپی چند مقیاسی (MSE) و پیچیدگی چند مؤلفه‌ای (MCC)

مهدی بوربور، فرهاد شهبازی و بهروز میرزا

دانشکده فیزیک، دانشگاه صنعتی اصفهان

(دریافت مقاله: ۸۶/۸/۲۴؛ دریافت نسخه نهایی: ۸۶/۵/۱۰)

چکیده

روش آنتروپی چند مقیاسی (MSE)^۱ یک راهکار بسیار سودمند جهت تعیین پیچیدگی سریهای زمانی تصادفی می‌باشد. ما در این مقاله با معرفی یک روش جدید بر پایه آنتروپی چند مقیاسی تحت عنوان " پیچیدگی چند مؤلفه‌ای " (MCC)^۲ به تحلیل سریهای زمانی فواصل ضربان قلب (RR)^۳ پرداخته و تمایز قابل توجهی را بین قلب سالم و قلب سخته کرده (CHF)^۴ نشان می‌دهیم.

واژه‌های کلیدی: آنتروپی نمونه، آنتروپی چند مقیاسی، پیچیدگی چند مؤلفه‌ای، دانه درشت کردن

۱. مقدمه

در عملکرد این سیستم می‌شود. به همین دلیل ضربان قلب سالم و مریض متفاوت است [۶ و ۷]. آنتروپی کلاسیک و پیچیدگی رابطه سراسری با هم ندارند [۸ و ۹]. آنتروپی بیان کننده میزان تصادفی بودن سری زمانی است و حداکثر آن مربوط به سریهای زمانی ناهمبسته می‌باشد. اما پیچیدگی به ساختار پایه سیستم و میزان اطلاعات ذخیره شده در سری زمانی مربوط است. یک افزایش در آنتروپی سری زمانی معمولاً و نه همیشه منطبق است با افزایش در پیچیدگی سیستم. قابل ذکر است سریهای زمانی مربوط به سیستم پیچیده معرف یک سیستم در حال تعادل نیستند ولی به هر حال می‌توان برای آنها آنتروپی تعیین کرد. همان طور که شانون^۸ در نظریه اطلاعات آنتروپی تعریف کرد.

در سالهای اخیر کمی کردن پیچیدگی سریهای زمانی فیزیولوژیکی مورد توجه دانشمندان قرار گرفته است. با تحلیل سریهای زمانی فیزیولوژیکی می‌توان به ساز و کار حاکم بر این گونه سیستمها پی برد. برای این کار روشهای متعددی وجود دارد [۱]. آنالیز چند فرکتالی [۲]، تحلیل موجک (WTMM)^۵ [۳]، حذف شیب (DFA)^۶ [۴]، حذف شیب چند فرکتالی (MF-DFA)^۷ [۵] از جمله این روشها هستند.

قلب انسان نمونه‌ای از یک سیستم پیچیده است. عملکرد متقابل سیستم سمپاتیک و پاراسمپاتیک دستگاه عصبی خودکار، فعالیت قلب را کنترل می‌کند. بیماری قلبی باعث اختلال

۱. MultiScale Entropy

۲. Multicomponent Complexity

۳. Cardiac interbeat interval time series

۴. Congestive heart failure

۵. Wavelet Transform Modulus Maxima

۶. Detrended Fluctuation Analysis

۷. Multi Fractal - Detrended Fluctuation Analysis

۸. Shannon

عبارت است از میانگین‌گیری روی یک سری داده به طول τ . بنابراین هر عنصر از سری زمانی دانه درشت شده بر طبق فرمول زیر محاسبه می‌شود (شکل ۱):

$$y_j^{(\tau)} = \frac{1}{\tau} \sum_{i=(j-1)\tau+1}^{j\tau} x_i \quad 1 \leq j \leq N/\tau. \quad (1)$$

۲.۳. محاسبه آنتروپی نمونه

فرض کنید N طول سری زمانی، m طول مؤلفه‌هایی که باید در سری زمانی با هم مقایسه شوند و r حدود تغییرات برای پذیرفتن یک عضو از سری زمانی باشد (معمولاً بین ۱۰ تا ۲۰ درصد انحراف معیار سری زمانی). در محاسبه آنتروپی نمونه پارامترهای N ، m و r باید ثابت شوند.

در شکل ۲ سری زمانی $\{u[1], u[2], \dots, u[N]\}$ برای محاسبه آنتروپی نمونه به ازای $m=2$ نشان داده شده است. نقطه چینهایی که حول $u[1], u[2]$ و u ... می‌باشد نشان دهنده $u[1] \pm r, u[2] \pm r$ و ... هستند. دو داده را با هم جور گوئیم هرگاه قدر مطلق اختلاف بین آنها کمتر یا مساوی r باشد. مثلاً $u[1], u[13]$ و $u[43]$ در نوار نشان داده شده با هم جور هستند. همچنین دو بردار را با هم جور گوئیم هرگاه مؤلفه‌های آنها نظیر به نظیر با هم جور باشند. حال بردار $(u[1], u[2])$ را به عنوان بردار دو مؤلفه‌ای نمونه در نظر می‌گیریم. دو بردار $(u[13], u[14])$ و $(u[43], u[44])$ با بردار دو مؤلفه‌ای نمونه $(u[1], u[2])$ جور هستند. همچنین بردار $(u[1], u[2], u[3])$ را به عنوان بردار سه مؤلفه‌ای نمونه فرض می‌کنیم. فقط یک بردار یعنی $(u[43], u[44], u[45])$ با بردار سه مؤلفه‌ای نمونه $(u[1], u[2], u[3])$ جور است. بنابراین در این مورد تعداد بردارهای دو مؤلفه‌ای جور شده با بردار دو مؤلفه‌ای نمونه عدد ۲ و تعداد بردارهای سه مؤلفه‌ای جور شده با بردار سه مؤلفه‌ای نمونه عدد ۱ می‌باشد. در ادامه نقطه شروع را $u[2]$ در نظر گرفته و محاسبه ذکر شده را برای بردار دو مؤلفه‌ای و سه مؤلفه‌ای یعنی $(u[2], u[3])$ و $(u[2], u[3], u[4])$ انجام داده و تعداد بردارهای دو مؤلفه‌ای

امروزه مدل‌های گوناگونی برای محاسبه آنتروپی طراحی شده‌اند. این مدل‌ها توانسته‌اند تمایزهای زیادی را بین سری‌های زمانی با درجات همبستگی مختلف نشان دهند. هر چند گاهی، نتایج گمراه کننده‌ای در اختیار ما گذاشته‌اند. مثلاً میزان آنتروپی قلبی که به بیماری انقباض شریانها (AF) مبتلا است از آنتروپی قلب سالم بیشتر است، حال آن که پیچیدگی قلب سالم از مریض بیشتر است [۱۰].

در سال ۱۹۹۱ ژانگ یک روش جدید بر پایه میزان آنتروپی سیستم در مقیاسهای مختلف ارائه کرد و نشان داد که مقدار پیچیدگی سیستمهای همبسته بیشتر از سیستمهای ناهمبسته است [۱۰ و ۱۱]. البته چون محاسبات ژانگ بر پایه آنتروپی شانون می‌باشد در نتیجه نیاز به سری زمانی با طول بسیار زیاد دارد و به همین دلیل کاربرد عملی بسیار محدودی دارد.

در مقابل روش ارائه شده در این مقاله یعنی آنتروپی چند مقیاسی بر پایه آنتروپی نمونه بوده [۱۲ و ۱۳] و احتیاجی به سری زمانی با طول بلند نداشته و به همین دلیل کاربردهای فراوانی در آنالیز انواع سری‌های زمانی دارد. باید توجه داشت که آنتروپی نمونه معرف یک آنتروپی ترمودینامیکی نیست بلکه میزانی برای تعیین پیچیدگی سیستم به حساب می‌آید.

۲. آنتروپی چند مقیاسی

آنتروپی چند مقیاسی یکی از روشهای جدید اندازه‌گیری پیچیدگی در سری‌های زمانی با طول محدود و کوتاه است. این روش محاسباتی هم برای سری‌های زمانی فیزیکی و هم فیزیولوژیکی به کار می‌رود. مدل آنتروپی استفاده شده در روش آنتروپی چند مقیاسی، آنتروپی نمونه است. آنتروپی نمونه در واقع تصحیح آنتروپی تقریبی (ApEn)^۲ است [۱۳ و ۱۴].

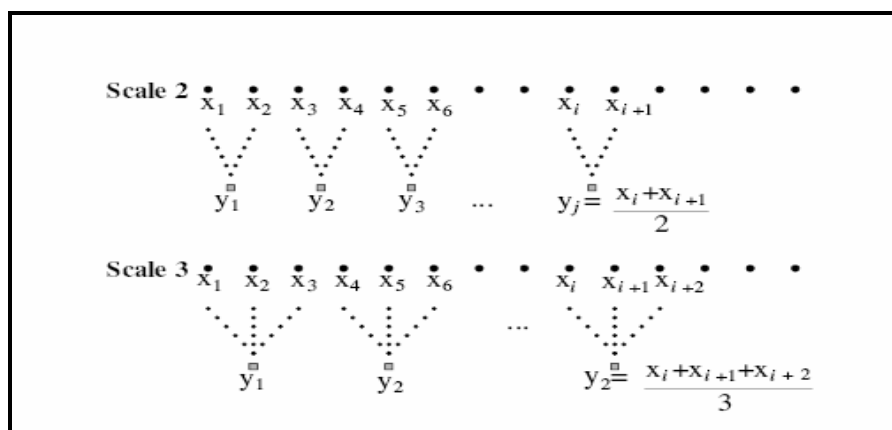
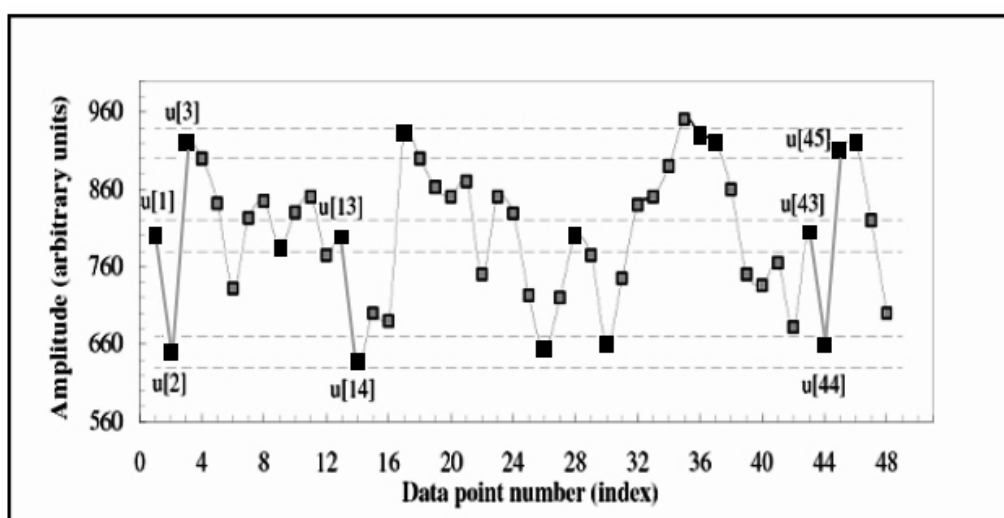
۳. آنتروپی چند مقیاسی، ترکیبی از دو فرآیند مهم است

۳.۱. دانه درشت کردن (coarse-graining)

برای یک سری زمانی مفروض، دانه درشت کردن در مقیاس τ

۱. Atrial Fibrillation

۲. Approximate Entropy

شکل ۱. نمایش سری دانه درشت شده y_j در مقیاسهای ۲ و ۳.

شکل ۲. انتخاب مؤلفه‌های جور شده در محاسبه آنتروپی نمونه.

عبارت $C_i^m(r) = \frac{A_i(r)}{(N-m+1)}$ نشان دهنده احتمال دیدن

بردار $m=2$ مؤلفه‌های i ام و عبارت $C_i^{m+1}(r) = \frac{B_i(r)}{(N-m)}$

نشان دهنده احتمال دیدن بردار $m+1=3$ مؤلفه‌های i ام در سری زمانی است، که $A_i(r)$ تعداد بردارهای m مؤلفه‌ای جور شده و $B_i(r)$ تعداد بردارهای $m+1$ مؤلفه‌ای جور شده در طول فرایند i ام محاسبه است. میانگین کل $C_i^m(r)$ ها

یعنی $C^m(r) = \frac{1}{(N-m+1)} \sum_{i=1}^{(N-m+1)} C_i^m(r)$ نشان دهنده

احتمال آن است که هر دو بردار m مؤلفه‌ای درون حدود تغییرات r دیده شوند. به این ترتیب آنتروپی نمونه به صورت

(A_i) و سه مؤلفه‌ای (B_i) که با هم جور هستند را به مقادیر قبل اضافه می‌کنیم. این فرآیند برای کل سری زمانی انجام شده تا تعداد کل بردارهای دو مؤلفه‌ای و سه مؤلفه‌ای جور شده محاسبه شود. قابل ذکر است در شمارش بردارها فقط داده‌های جلوتر یعنی سمت راست بردار دو مؤلفه‌ای و سه مؤلفه‌ای نمونه مورد شمارش قرار می‌گیرد. همچنین خود بردار نمونه به عنوان بردار جور شده با خود (self matching) در نظر گرفته نمی‌شود. اگر این خود جورشدگی را هم در نظر بگیریم آنتروپی محاسبه شده آنتروپی تقریبی خواهد بود.

زیر تعریف می‌شود:

زمانی پیوسته پیچیدگی برابر است با:

$$K = \int_1^T S(\tau) d\tau \quad (T \rightarrow \infty) \quad (5)$$

و برای یک سری زمانی گسسته:

$$K = \sum_{i=1}^T S(i) \quad (T \rightarrow \infty) \quad (6)$$

اولین سریهای زمانی که در اینجا بررسی می‌شود نوفه‌های تصادفی می‌باشد. شکل ۳ نتایج به دست آمده از کاربرد روش MSE بر روی نوفه $1/f$ ($\beta=1$) و نوفه سفید ($\beta=0$) را نشان می‌دهد. طول سری زمانی استفاده شده 3×10^4 داده، مقدار r ، 10 درصد انحراف معیار سری زمانی و $m=2$ است. همان طور که مشاهده می‌شود برای مقیاس $\tau=1$ آنتروپی نمونه نوفه سفید از نوفه $1/f$ بیشتر است. اما از مقیاس $\tau=4$ به بعد آنتروپی نوفه سفید در زیر نوفه $1/f$ قرار می‌گیرد. در نتیجه مساحت زیر نمودار نوفه $1/f$ بیشتر از نوفه سفید است. یعنی پیچیدگی نوفه $1/f$ بیشتر از نوفه سفید است.

وقتی نوفه سفید را تغییر مقیاس می‌دهیم در واقع سری را هموار می‌کنیم در نتیجه آنتروپی آن کم می‌شود ولی چون نوفه $1/f$ مقیاس ناورداست با تغییر مقیاس آنتروپی آن تغییر نمی‌کند.

سری زمانی بعدی که در اینجا بررسی می‌شود سری فواصل ضربان قلب (RR) است که در طی ۲۴ ساعت الکتروکاردیوگرافی ثبت شده است (شکل ۴). طول سری زمانی به کار گرفته شده در اینجا 2×10^4 داده، مقدار r ، 15 درصد انحراف معیار سری زمانی و $m=2$ است. نمونه‌های قلبی آنالیز شده عبارت‌اند از: قلب سالم و قلب سکتی کرده (Chf).

همان طور که از شکل ۴ پیداست مساحت زیر نمودار قلب سالم بیشتر از قلب Chf است، یعنی قلب سالم پیچیده‌تر می‌باشد [۱۲].

۴. تحلیل داده‌ها به روش پیچیدگی چند مؤلفه‌ای (MCC)
از جنبه‌های مهم در تحلیل سریهای زمانی کمی کردن پیچیدگی

$$SampEn(m, r, N) = -Ln \left[\frac{C^{m+1}(r)}{C^m(r)} \right], \quad (2)$$

که عبارت داخل Ln همان احتمال شرطی دیدن یک بردار $m+1$ مؤلفه‌ای به شرط دیدن یک بردار m مؤلفه‌ای است. می‌توان آنتروپی نمونه را به صورت زیر تقریب زد:

$$SampEn(m, r, N) \cong -Ln \left[\frac{\sum_{i=1}^{N-m} C_i^{m+1}(r)}{\sum_{i=1}^{N-m+1} C_i^m(r)} \right] \cong -Ln \left[\frac{\sum_{i=1}^{N-m} B_i(r)}{\sum_{i=1}^{N-m+1} A_i(r)} \right], \quad (3)$$

که $A_i^m(r)$ تعداد کل بردارهای m مؤلفه‌ای و $B_i^m(r)$ تعداد کل بردارهای $m+1$ مؤلفه‌ای است.

اگر $A_i^m(r)$ یا $B_i^m(r)$ برابر صفر بود آنگاه آنتروپی نمونه برابر خواهد بود با:

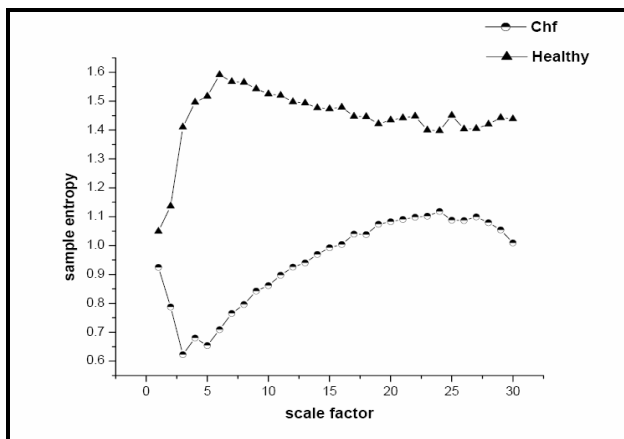
$$SampEn(m, r, N) = -Ln \left[\frac{1}{(N-m)(N-m-1)} \right]. \quad (4)$$

در نهایت آنتروپی نمونه برای هر یک از سریهای درشت دانه شده محاسبه شده و به صورت تابعی از مقیاس τ ترسیم می‌شود. این فرایند محاسبه، آنتروپی چند مقیاسی نامیده می‌شود.

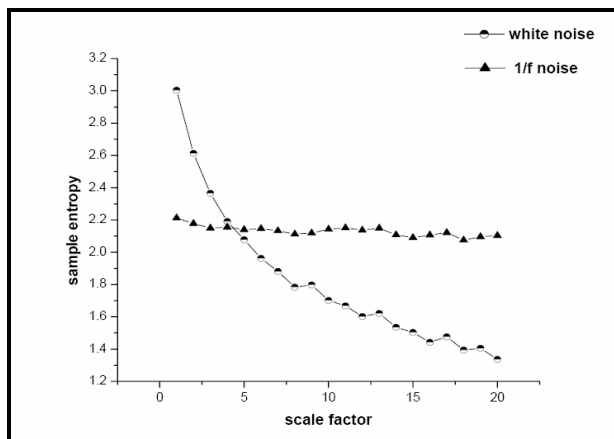
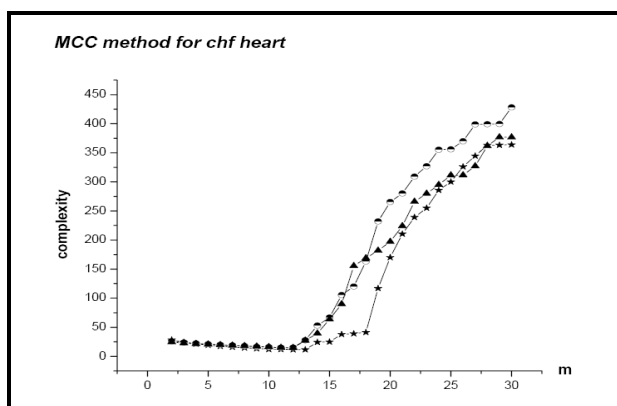
۴.۳. نتایج به دست آمده از روش آنتروپی چند مقیاسی

سیستمی را پیچیده گویند که اجزای تشکیل دهنده آن دارای قابلیت دگرگونی و تغییر پذیری زیاد در هر لحظه از زمان باشند. مثلاً ارگانیزم زنده‌ای مثل بدن انسان یک سیستم پیچیده است. زیرا از اجزاء مختلف با عملکرد متنوع تشکیل شده است. در نظریه اطلاعات، پیچیدگی یک سیستم عبارت است از مقدار اطلاعاتی که در یک سری زمانی ذخیره می‌شود.

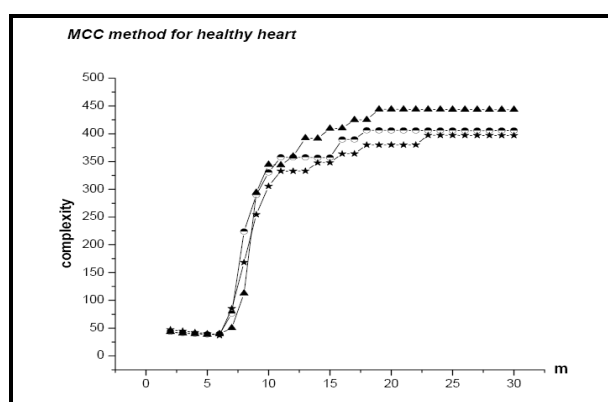
ژانگ پیچیدگی یک سیستم را به صورت "انتگرال آنتروپی بر حسب مقیاس" تعریف می‌کند. در نتیجه برای یک سری



شکل ۴. آنالیز قلب سالم و CHF.

شکل ۳. تمایز نوفه سفید و نوفه $1/f$ توسط روش آنتروپی چند مقیاسی.

شکل ۶. تغییرات پیچیدگی ۳ نمونه قلب CHF.



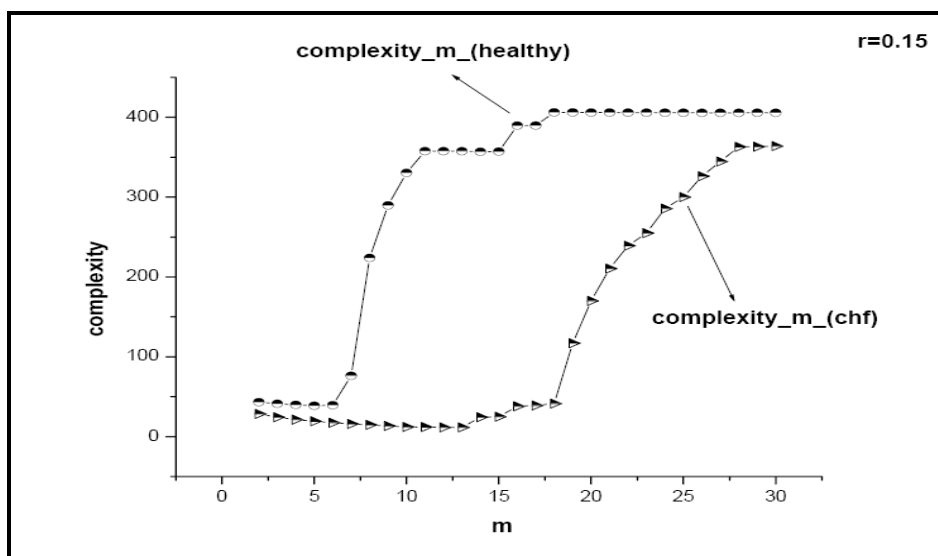
شکل ۵. تغییرات پیچیدگی ۳ نمونه قلب سالم.

نمونه در مقیاسهای $\tau = 1$ تا $\tau = 30$ به دست آمده و سپس طبق فرمول ژانگ، پیچیدگی سیستم به ازای آن m ثابت محاسبه می‌شود. آنگاه m را تغییر داده ($m=2$ تا $m=30$) و فرایند بالا را دوباره تکرار می‌کنیم.

در آنالیزی که بر روی ۱۰ نمونه سری RR قلب سالم و ۱۰ نمونه سری RR قلب CHF انجام دادیم طول سریهای استفاده شده 2×10^4 داده و مقدار r ، ۱۵ درصد انحراف معیار سری زمانی انتخاب شد. سه نمونه از نتایج به دست آمده، در شکل‌های ۵ و ۶ نشان داده شده است. این شکلها نشان می‌دهند که مقدار پیچیدگی در قلبهای سالم از $m=6$ تا $m=10$ با شیب زیاد افزایش می‌یابد ولی در قلبهای CHF پیچیدگی از $m=18$ به بعد شروع به افزایش می‌کند. در شکل ۷ تغییرات پیچیدگی قلب سالم و CHF در یک نمودار با هم مقایسه شده‌اند.

و به دست آوردن پارامترهای مستقل در اندازه‌گیری آن است. در سالهای اخیر مطالعات قابل توجهی پیرامون این مسئله صورت گرفته است. ما در این جا توانسته‌ایم با استفاده از روش آنتروپی چند مقیاسی و به کمک فرمول ژانگ یکی از پارامترهای مستقل در پیچیدگی سیستم را تعیین کرده و توسط آن تمایز قابل توجهی را بین سریهای زمانی قلب سالم و مریض نشان دهیم.

همان طور که گفته شد یکی از پارامترهای مستقل در محاسبه آنتروپی نمونه تعداد مؤلفه‌های مورد نظر یعنی m می‌باشد که می‌تواند تغییر کند. در روشی که ما آن را "پیچیدگی چند مؤلفه‌ای" (MCC) نامیده‌ایم، به ازای یک m ثابت (طبق آنچه که در روش آنتروپی چند مقیاسی گفته شد)، آنتروپی



شکل ۷. مقایسه پیچیدگی قلب سالم و Chf.

تحلیل این نوع سری می‌باشد. تلفیق این روش همراه با فرمول ژانگ نشان داد که قلب سالم پیچیده‌تر از قلب Chf است. همچنین توانستیم به کمک یکی از پارامترهای مستقل در محاسبه آنتروپی سیستم، روش پیچیدگی چند مؤلفه‌ای را معرفی کرده و توسط آن تمایز قابل توجهی را بین رفتار پیچیدگی قلب سالم و مریض نشان دهیم.

در پایان قابل ذکر است روش پیچیدگی چند مؤلفه‌ای (MCC) این قابلیت را داراست که در آنالیز انواع سریهای فیزیکی و فیزیولوژیکی استفاده شود.

۵. نتیجه‌گیری

سری زمانی فواصل ضربان قلب (RR) دارای رفتار کاملاً پیچیده‌ای است. روش آنتروپی چند مقیاسی به دلیل نیاز به سری زمانی با طول محدود از جمله روشهای کاربردی در

مراجع

1. S Akselrod, et al., *Science* **213** (1981) 220-222.
2. Canessa, *J. Phys. A; Mathematical and general* (2002).
3. Ivonov et al., *Nature* **399** (1999).
4. Ivonov et al., *cond-matt/0409545*(2004).
5. Jan W kandelhart et al., *Physica A* **32688** (2002) 114.
6. A Bunde, J Kropp, H J Schellnhuber, *The Science of Disasters*, (Springer-Verlag, Berlin Heidelberg, 2002).
7. L A N Amaral and A L Goldberger, P Ch Ivanov, H E Stanley, *Computer Physics Communications* **121-122** (1999) 126-128.
8. P Grassberger, *Information Dynamics*. (New York, Plenum press, 1991).
9. Y Bar-Yam, *Dynamics of complex systems*, (Addison Wesley, 1992).
10. Y C Zhang, *J. Phys. I France* **1** (1991) 971.
11. H Fogedby, *J. Statistical Physics* **69** (1992) 411.
12. M Costa , A L Goldberger and C K Peng *Phys Rev. E* **71** (2005) 021906.
13. Joshua S, Richman, J Randall Moorman, *Am. J. Physiol. Heart Circ. Physiol.* **278** (2000) H2039-H2049.
14. M Pincus. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* **88** March (1991) 2297-2301.