UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
"JÚLIO DE MESQUITA FILHO"
Campus de Ilha Solteira

Bruno Rodrigues de Oliveira

Detecção de Complexos QRS em Eletrocardiogramas Baseada na Decomposição em Valores Singulares em Multirresolução

Ilha Solteira

2015

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
"JÚLIO DE MESQUITA FILHO"
Campus de Ilha Solteira

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA ELÉTRICA

Bruno Rodrigues de Oliveira

Detecção de Complexos QRS em Eletrocardiogramas Baseada na Decomposição em Valores Singulares em Multirresolução

Dissertação submetida ao Programa de Pós Graduação em Engenharia Elétrica - UNESP - Campus de Ilha Solteira, como requisito para obtenção do grau de Mestre em Engenharia Elétrica.

Área de Conhecimento: Automação.

Orientador: Prof. Dr. Jozué Vieira Filho

Ilha Solteira

2015

unesp

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
CAMPUS DE ILHA SOLTEIRA
FACULDADE DE ENGENHARIA DE ILHA SOLTEIRA

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: Detecção de Complexos QRS em Eletrocardiogramas Baseada na Decomposição em Valores Singulares em Multirresolução

AUTOR: BRUNO RODRIGUES DE OLIVEIRA
ORIENTADOR: Prof. Dr. JOZUE VIEIRA FILHO

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em Engenharia Elétrica , Área: AUTOMAÇÃO, pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. JOZUE VIEIRA FILHO
Coordenadoria Executiva - SJBV / Câmpus Experimental de São João Da Boa Vista

Prof. Dr. MARCO APARECIDO QUEIROZ DUARTE
Departamento de Matemática / Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul

Prof. Dr. ROBERTO KAWAKAMI HARROP GALVÃO
Divisão de Engenharia Eletrônica, Departamento de Sistemas e Controle / Instituto Tecnológico de Aeronáutica

Data da realização: 08 de outubro de 2015.

Dedico àqueles que acreditam na ciência para dar-lhes uma vida melhor.

Matemática é poder.

(Patrick Estrela, Desenho Bob Esponja - Nickelodeon)

AGRADECIMENTOS

- A Deus por me guiar pelo labirinto do conhecimento.
- A minha esposa Camila, por me ensinar a sonhar.
- Aos meus filhos Felipe e Maria Helena, pela alegria constante.
- Aos meus pais Mauro e Fátima e demais familiares por acreditarem.
- A todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica da UNESP campus de Ilha solteira, principalmente aos meus orientadores Prof. Jozué Vieira Filho e Prof. Marco Aparecido Queiroz Duarte, pela oportunidade e apoio para desenvolvimento deste trabalho.
- Aos MM. Juízes de Direito Silvio C. Prado e Anderson Royer, da Comarca de Chapadão do Sul-MS, pelo apoio.
- Aos meus colegas de trabalho: Ozair, Leniel, Flávio, Ângela, Cida, Jéssica, Leiliane, Joana, Emília, Lu, Sandra, Suélem.
- Aos colegas de estudos madrugada a fora na sala 24 horas.
- A todos os funcionários da UNESP campus de Ilha Solteira-SP, principalmente os da Seção da Pós-Graduação pelo bom atendimento.

RESUMO

O Eletrocardiograma (ECG) é um exame de extrema importância para avaliar a saúde do coração de um indivíduo. A análise de seu traçado possibilita diagnosticar uma série de doenças e anomalias. Para isso, sistemas computacionais precisam segmentar os sinais de ECG, cujo primeiro passo é a detecção dos complexos QRS (ondas Q, R e S). Muitos métodos têm sido propostos para tal finalidade. Os primeiros utilizavam técnicas de filtragem e diferenciação, mas recentemente alguns pesquisadores têm concebido metodologias baseadas na análise de multirresolução da transformada *Wavelet*. Seguindo caminho semelhante, neste trabalho é proposta uma metodologia baseada na decomposição em valores singulares em multirresolução (MRSVD), para solução do problema de detecção dos complexos QRS de um sinal de ECG, que pode ser dividida em quatro etapas essenciais: pré-processamento, inspeção, decisão e correção. Em quase todas elas há implementações inovadoras: na primeira utiliza-se, de forma inédita, a MRSVD; na segunda etapa exploram-se características fisiológicas do músculo cardíaco para certificar-se de que um determinado segmento compreende ou não uma onda R autêntica; na última, são corrigidas as detecções baseadas nas amplitudes das ondas R. A avaliação da qualidade de detecção, para os experimentos realizados, mostra que o algoritmo proposto atingiu taxa de previsibilidade de $99,20\%$, taxa de sensibilidade de $99,70\%$ e erro de apenas $1,10\%$, contra $97,10\%$, $99,00\%$ e $3,70\%$, respectivamente, obtidas por outro método.

Palavras-chaves: Detecção de complexos QRS. Eletrocardiograma. Decomposição em valores singulares em multirresolução.

ABSTRACT

The electrocardiogram (ECG) is a test of utmost importance to evaluate the heart health of a person. The analysis of its layout enables diagnose a number of diseases and abnormalities. For computer systems that need to segment the ECG signal, the first step the detection of QRS complexes. The earliest methods used filtering techniques and differentiation. Recently some researchers have designed methodologies based the multiresolution analysis the wavelet transform. Following similar path, this work proposes a methodology based on singular value decomposition in multiresolution (MRSVD), to solve the problem of detection of QRS complexes of an ECG signal, which can be divided in four key stages: preprocessing, inspection, decision and correction. In of all, there are innovative proposals: in the first, it is used, in an unprecedented manner, the MRSVD; the second stage explores the physiological characteristics of the heart muscle, to make sure that a particular segment comprises or not a genuine R wave and, the last, corrects detections based on the amplitudes of the R wave. The evaluation of quality of detection for the experiments shows that the proposed algorithm has reached a predictive and sensitivity rates of of 99.20% and 99.70%, respectively, and error of only 1.10%, in comparation to another method which obtained $97,10\%$, $99,00\%$ and $3,70\%$, respectively.

Keywords: Detection of QRS complex. Electrocardiogram. Singular value decomposition in multiresolution.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – O Coração 28
Figura 2 – Derivações do ECG 30
Figura 3 – Diferentes traçados do complexo QRS 31
Figura 4 – O traçado do ECG 33
Figura 5 – As 12 derivações de um ECG 34
Figura 6 – ECG normal do registro 1027085 (CHALLENGE2011, 2012) e com interferência de 60 Hz 35
Figura 7 – ECG normal (superior) e após os eletrodos terem reduzido o contato com a pele (inferior) 36
Figura 8 – ECG normal do registro 1027085 (CHALLENGE2011, 2012) e com mudança de linha de base artificial 37
Figura 9 – ECG normal do registro 1027085 (CHALLENGE2011, 2012) e com EMG artificial 39
Figura 10 – Disposição dos dados do vetor $\mathbf{x}$ 44
Figura 11 – Módulo e Orientação dos autovetores de $\mathbf{R_x}$ 44
Figura 12 – Projeção do vetor $\mathbf{x}$ 45
Figura 13 – Gráfico de Dispersão de $\mathbf{x}$ 52
Figura 14 – Gráfico de Dispersão de $\mathbf{Ax}$ 53
Figura 15 – Gráfico de Dispersão após $\mathbf{V}^T\mathbf{x}$ 54
Figura 16 – Gráfico de Dispersão após $\mathbf{\Gamma V}^T\mathbf{x}$ 54
Figura 17 – Gráfico de Dispersão após $\mathbf{U\Gamma V}^T\mathbf{x}$ 55
Figura 18 – Banco de filtros de dois canais 57
Figura 19 – Decomposição Polifásica 58
Figura 20 – Função de transferência em termos das componentes polifásicas 59
Figura 21 – Análise multirresolução de uma sequência 60
Figura 22 – Sinal ECG do registro 1028505 (CHALLENGE2011, 2012) 66
Figura 23 – Sinal ECG (registro 1028505 (CHALLENGE2011, 2012)) em 3 níveis de resolução utilizando MRSVD e *wavelet* de Haar 67
Figura 24 – Diagrama de blocos do algoritmo proposto 76

Figura 25 – Decomposição do ECG da Figura 22 em 5 níveis de resolução 78
Figura 26 – O espectrograma de 4,5 segundos do ECG da derivação V3 do registro 1002867 80
Figura 27 – Decomposição do ECG da Figura 22 81
Figura 28 – Detecção das ondas R do sinal de ECG do registro 1066522 da derivação I 86
Figura 29 – Detecção das ondas R do sinal de ECG do registro 1066522 da derivação I, com amplificação da sexta onda R 87
Figura 30 – Derivação V4 do registro 1002867 (CHALLENGE2011, 2012) e seus respectivos espectro de frequências e espectrograma 88
Figura 31 – ECG da Figura 30 em 5 níveis de decomposição e seus respectivos espectros de frequências 89
Figura 32 – ECG da Figura 30 contaminado por ruído de 60 Hz, em 5 níveis de decomposição e seus respectivos espectros de frequências 89
Figura 33 – Derivação I do registro 1027085 (CHALLENGE2011, 2012) 90
Figura 34 – Decomposição do ECG da Figura 33 em 6 níveis 91
Figura 35 – Sensibilidade × Previsibilidade 94
Figura 36 – Sensibilidade × Erro 94
Figura 37 – Previsibilidade × Erro 95
Figura 38 – Espectrograma de um ECG 97
Figura 39 – Registro 2409959 do Conjunto A de dados de Treinamento da PhysioNet 99
Figura 40 – Derivações do registro 1365861 (CHALLENGE2011, 2012) 101
Figura 41 – Espectrogramas dos ECGs das derivações do registro 2975201 (CHALLENGE2011, 2012) 101
Figura 42 – Picos R detectados das derivações do registro 2975201 (CHALLENGE2011, 2012) 102
Figura 43 – Derivações do registro 1538846 (CHALLENGE2011, 2012) 103
Figura 44 – Espectrogramas dos ECGs das derivações do registro 1538846 (CHALLENGE2011, 2012) 104
Figura 45 – Picos R detectados das derivações do registro 1538846 (CHALLENGE2011, 2012) 104

Figura 46 – Derivações do registro 1603086 (CHALLENGE2011, 2012) 105
Figura 47 – Espectrogramas dos ECGs das derivações do registro 1603086 (CHALLENGE2011, 2012) 106
Figura 48 – Picos R detectados das derivações do registro 1603086 (CHALLENGE2011, 2012) 106
Figura 49 – Derivações do registro 2209843 (CHALLENGE2011, 2012) 107
Figura 50 – Espectrogramas dos ECGs das derivações do registro 2209843 (CHALLENGE2011, 2012) 108
Figura 51 – Picos R detectados das derivações do registro 2209843 (CHALLENGE2011, 2012) 108
Figura 52 – Gráficos para comparação da precisão da metodologia proposta pelo método de Pan e Tompkins (1985). 123
Figura 53 – Derivações do registro 1002867 (CHALLENGE2011, 2012) 140
Figura 54 – Picos R detectados das derivações do registro 1002867 (CHALLENGE2011, 2012) 140
Figura 55 – Derivações do registro 1027085 (CHALLENGE2011, 2012) 141
Figura 56 – Picos R detectados das derivações do registro 1027085 (CHALLENGE2011, 2012) 141
Figura 57 – Derivações do registro 2995146 (CHALLENGE2011, 2012) 142
Figura 58 – Picos R detectados das derivações do registro 2995146 (CHALLENGE2011, 2012) com 3 níveis de decomposição 142
Figura 59 – Derivações do registro 1186453 (CHALLENGE2011, 2012) 143
Figura 60 – Picos R detectados das derivações do registro 1186453 (CHALLENGE2011, 2012) 143
Figura 61 – Derivações do registro 1710636 (CHALLENGE2011, 2012) 144
Figura 62 – Picos R detectados das derivações do registro 1710636 (CHALLENGE2011, 2012) 144
Figura 63 – Derivações do registro 1959699 (CHALLENGE2011, 2012) 145
Figura 64 – Picos R detectados das derivações do registro 1959699 (CHALLENGE2011, 2012) 145

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Frequência máxima dependendo do nível de resolução 79
Tabela 2 – Resultados da detecção para o registro 1002867 pela metodologia proposta 109
Tabela 3 – Resultados da detecção para o registro 1002867 pelo algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985) 110
Tabela 4 – Resultados da detecção para o registro 1027085 pela metodologia proposta 110
Tabela 5 – Resultados da detecção para o registro 1027085 pelo algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985) 111
Tabela 6 – Resultados da detecção para o registro 1365861 pela metodologia proposta 111
Tabela 7 – Resultados da detecção para o registro 1365861 pelo algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985) 112
Tabela 8 – Resultados da detecção para o registro 2995146 pela metodologia proposta 113
Tabela 9 – Resultados da detecção para o registro 2995146 pelo algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985) 114
Tabela 10 – Resultados da detecção para o registro 1186453 pela metodologia proposta 114
Tabela 11 – Resultados da detecção para o registro 1186453 pelo algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985) 115
Tabela 12 – Resultados da detecção para o registro 1538846 pela metodologia proposta 116
Tabela 13 – Resultados da detecção para o registro 1538846 pelo algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985) 116
Tabela 14 – Resultados da detecção para o registro 1603086 pela metodologia proposta 117
Tabela 15 – Resultados da detecção para o registro 1603086 pelo algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985) 117

Tabela 16 – Resultados da detecção para o registro 1710636 pela metodologia proposta 118
Tabela 17 – Resultados da detecção para o registro 1710636 pelo algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985) 118
Tabela 18 – Resultados da detecção para o registro 1959699 pela metodologia proposta 119
Tabela 19 – Resultados da detecção para o registro 1959699 pelo algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985) 120
Tabela 20 – Resultados da detecção para o registro 2209843 pela metodologia proposta 120
Tabela 21 – Resultados da detecção para o registro 2209843 pelo algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985) 121
Tabela 22 – Resumo obtido pela soma da média das medidas de qualidade de detecção de cada registro, para metodologia proposta 122
Tabela 23 – Resultado final obtido pela soma da média das medidas de qualidade de detecção de cada registro, para o algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985) 122

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AMR	Análise Multirresolução
AV	Atrioventricular
bpm	Batimentos-por-minuto
beats	Batimentos cardíacos
CQF	*Conjugate Quadrature Mirror*
CWT	*Continuous Wavelet Transform*
DFT	*Discrete Fourier Transform*
DVS	Decomposição em Valores Singulares
DWT	*Discrete Wavelet Transform*
ECG	Eletrocardiograma
EMG	Eletromiograma
fdp	Função Densidade de Probabilidade
FA	Fibrilação Atrial
FT	*Fourier Transform*
FIR	*Finite Impulse Response*
GRQ	*Generalized Rayleigth Quotient*
HPF	*High-pass Filter*
HR	*Heart Rate*
IIR	*Infinite Impulse Response*
LPF	*Low-pass Filter*
LTI	*Linear Time Invariant*

MRSVD	Multiresolution Singular Value Decomposition
PCA	*Principal Component Analysis*
QMF	*Quadrature Mirror Filter*
SNR	*Signal-to-noise Ratio* (Relação Sinal Ruído)
VFC	Variabilidade da Frequência Cardíaca
SA	Sinoatrial

LISTA DE SÍMBOLOS

$\mathbf{X}(k, \cdot)$	k-ésima linha da matriz $\mathbf{X}$
$\mathbf{X}(\cdot, k)$	k-ésima coluna da matriz $\mathbf{X}$
$\mathcal{J}$	Transformação da PCA
$E\{\mathbf{x}\}$	Esperança matemática da variável $\mathbf{x}$
$\mathbf{R}_{\mathbf{x}}$	Matriz de covariância do vetor $\mathbf{x}$
σ^2	Variância
$\mathfrak{T}$	Operador Sistema
$\mathbf{T}$	Matriz de dispersão
$\mathbf{e}_n$	Vetor unitário de n elementos
$\mathbf{I}_n$	Matriz identidade de ordem n
$\mathbf{H}_n$	Matriz para remoção da média de outra matriz
$\mathbf{h}$	Resposta ao Impulso
$\mathbf{H}(z)$	Função sistema
$\mathbf{E}_k(z^p)$	k-ésima componente polifásica
$\mathcal{F}$	Operador Transformada de Fourier
$.^T$	Operação de Transposição para matrizes e vetores
$\downarrow n$	Subamostrador por um fator de n
$\uparrow n$	Sobreamostrador por um fator de n
$\hat{\mathbf{X}}_l$	l-ésima decomposição em sub-banda
$\psi(t)$	Componente de Detalhe
$\phi(t)$	Componente de Aproximação

$\|\cdot\|$	Norma Euclidiana padrão
$\arg\max_{\mathbf{x}}\{f(\cdot)\}$	Retorna o valor máximo da função $f(\cdot)$ para o argumento $\mathbf{x}$
$var(\cdot)$	Variância
γ_i	i-ésimo valor singular
$\mathbf{\Gamma}$	Matriz de valores singulares
$\mathcal{N}(\mathbf{A})$	Espaço nulo de $\mathbf{A}$
$\mathcal{R}(\mathbf{A})$	Espaço coluna de $\mathbf{A}$
$O(\cdot)$	Notação "O grande" sobre complexidade algorítmica
ψ_{sum}	Sinal utilizado para detecção dos complexos QRS
$\mathbf{r}(t)$	Vetor que é nulo onde não houver pico R e tem a amplitude dos picos R em sua localização no sinal de ECG
$R_{\triangle}$	Série de picos R
$RR_{_}$	Série de intervalos RR
$\mu_{RR_{_}}$	Comprimento médio dos intervalos RR
$c_{R_{\triangle}}$	Coeficiente de Variação da série $R_{\triangle}$

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO 20
1.1 Estado da Arte 22
1.2 Organização do Trabalho.....24

2 CONCEITOS ESSENCIAIS: CORAÇÃO E ELETROCARDIOGRAMA.....26
2.1 O coração 26
2.2 Eletrocardiograma - ECG 28
2.2.1 Derivações 28
2.2.2 O Traçado do ECG 30
2.2.2.1 O ECG em Cada Derivação 33
2.3 Artefatos e ruídos 34
2.3.1 Interferências de 60 Hz 35
2.3.2 Mal contato dos eletrodos com a pele 35
2.3.3 Movimento corporal 36
2.3.4 Contrações Musculares 38

3 MÉTODOS PARA ANÁLISE DE ECG 40
3.1 Análise de Componentes Principais 40
3.1.1 Exemplo da PCA na Redução da Dimensionalidade 43
3.2 Decomposição em Valores Singulares 45
3.2.1 Decomposição Espectral e em Valores Singulares 50
3.2.2 Uma Interpretação Geométrica 51
3.2.3 PCA através da SVD 55
3.2.4 SVD na Forma de Multirresolução.....56
3.2.4.1 Banco de Filtros 56
3.2.4.2 Decomposição Polifásica.....58
3.2.4.3 MRSVD 60
3.2.4.4 Interpretação 65
3.2.4.5 Exemplo de Aplicação da MRSVD 66
3.2.4.6 Complexidade Algorítmica 68
3.2.5 Um método clássico para detecção dos complexos QRS 69

4 ALGORITMO PROPOSTO 74
4.1 Detecção dos Complexos QRS 74
4.1.1 Componentes 77
4.1.2 Nível de Decomposição 77
4.1.3 Cálculo do Limiar e Localização das ondas R 81
4.1.4 Etapa de Decisão 83
4.1.5 Exemplos de detecção do complexo QRS 86
4.2 Estudos de Caso 87
4.2.1 ECGs com artefatos e ruídos 87
4.2.2 ECGs com mudança de linha de base 89
4.3 Avaliação de Algoritmos de Detecção 91
4.4 Medidas para Comparação das Detecções em Diferentes Variações 94
4.4.1 Nível de Ruído 96

5 EXPERIMENTOS E RESULTADOS 98
5.1 Base de Dados de Estudo 98
5.1.1 Utilização 100
5.2 Experimentos 100
5.2.1 Experimento III 100
5.2.2 Experimento VI 102
5.2.3 Experimento VII 105
5.2.4 Experimento X 107
5.3 Resultados 109
5.3.1 Experimento I 109
5.3.2 Experimento II 110
5.3.3 Experimento III 111
5.3.4 Experimento IV 113
5.3.5 Experimento V 114
5.3.6 Experimento VI 115
5.3.7 Experimento VII 116
5.3.8 Experimento VIII 117
5.3.9 Experimento IX 119
5.3.10 Experimento X 120
5.4 Resultado Final 121

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS 124

REFERÊNCIAS 126

APÊNDICE A – SCRIPTS PYTHON 131

A.1 Decomposição em Valores Singulares em Multirresolução 131

A. 2Detector do complexo QRS 132

APÊNDICE B – ALGORITMO 136

APÊNDICE C – EXPERIMENTOS REALIZADOS 140

C.1 Experimento I 140

C.2 Experimento II 141

C.3 Experimento IV 142

C.4 Experimento V 143

C.5 Experimento VIII 144

C.6 Experimento IX 145

1 INTRODUÇÃO

Dentre os vários exames utilizados pela cardiologia, o Eletrocardiograma (ECG) continua sendo uma alternativa de baixo custo e sua análise permite aos médicos coletarem informações importantes sobre a saúde do paciente. O sinal de ECG representa o registro da atividade elétrica do coração que é captada por eletrodos dispostos em localizações específicas do corpo. A forma de onda deste sinal pode ser representada basicamente por três deflexões: ondas P, ondas T e complexo QRS formado pelas ondas Q, R e S. Cada um desses traçados representa momentos específicos do músculo cardíaco na tarefa de bombear sangue pelo corpo, enquanto a atividade elétrica contrai ou expande os átrios e ventrículos.

A análise do ECG permite descobrir uma série de cardiopatias, distúrbios e/ou alterações no coração ou na saúde do indivíduo. Por exemplo: a hipotermia pode ser visualizada no ECG com o aparecimento da onda J, não comum, após o complexo QRS (HAMPTON, 2014); o infarto agudo do miocárdio é caracterizado pela elevação do segmento ST, novas ondas Q e ondas T com maior amplitude (HESS, 2002); a taquicardia auricular ou atrial é vista no ECG por ondas P distintas entre si, ou não visíveis (GONÇALVES, 2010).

O complexo QRS também permite obter informações importantes sobre a saúde do paciente. Quando ele é deformado ou alargado, por exemplo, é uma indicação de marcapasso ventricular ao invés do normal que é atrial (GONÇALVES, 2010). Um complexo QRS em formato de "orelha de coelho" indica problemas de condução intraventricular (HESS, 2002). A hipertrofia ventricular esquerda pode ser diagnosticada por ondas R com amplitudes muito altas (HAMPTON, 2014). Por outro lado, se observadas ondas de baixas amplitudes, tal evento é um indicador de obesidade, enfisema pulmonar, miocardite ou derrame pericárdico (AGUIAR; CARVALHO; REGIS, 2014). Além do mais, a segmentação do sinal de ECG, que permite a análise das deflexões características separadamente por sistemas computacionais de apoio ao diagnóstico médico, passa primeiro pela detecção dos complexos QRS (MEHTA; LINGAYAT, 2007).

Devido a importância clínica do ECG e considerando: dificuldade de locomoção encontrada nas grandes cidades, países com grande extensão territorial e a falta de pessoal

especializado na área, no caso dos países mais carentes financeiramente, várias tecnologias têm sido desenvolvidas com o objetivo de monitorar a atividade cardíaca à distância. Como exemplo, para solução do problema da distância, a empresa DevPartner criou, para o Instituto Dante Pazzanese, um dispositivo que permite a medição e envio do ECG para um especialista, em qualquer lugar em que o paciente esteja (DEVPARTNER, 2015). Um outro exemplo é a parceria entre a Physionet e SANA (grupo de telemedicina do MIT), cujo objetivo é proporcionar às localidades com pouca infraestrutura médica uma alternativa, utilizando dispositivos móveis, para medição e análise de ECG (CHALLENGE2011, 2012).

Neste trabalho é proposta uma metodologia para detecção dos complexos QRS de sinais ECG que foram obtidos por meio de dispositivos móveis. A técnica da Decomposição em Valores Singulares em Multirresolução (MRSVD) é utilizada para tal finalidade. Ela foi proposta por Kakarala e Ogunbona (2001) e permite analisar um sinal em diferentes níveis de resolução assim como a transformada *Wavelet* (STRANG; NGUYEN, 1997). A utilização desta técnica para tal finalidade é inédita, pois, nas pesquisas realizadas no desenvolvimento desse trabalho, não foi encontrado nenhum trabalho que mencione sua utilização para análise de ECG.

A metodologia proposta inicia-se com uma etapa de pré-processamento, na qual o sinal ECG é decomposto em até três níveis de resolução. Para o sinal, obtido após a decomposição, um limiar é calculado como uma porcentagem do valor máximo da amplitude dos complexos QRS. Aqueles pontos que superam esse limiar marcam o início de cada complexo QRS. Esse sinal é então subamostrado, para que após a obtenção do intervalo das ondas R, seu valor máximo seja calculado, no sinal original, e consequentemente determinado um pico R. Algumas verificações são realizadas para evitar que outros pontos de máximo do sinal ECG sejam confundidos com picos R, levando em consideração as características de deslocamento do impulso elétrico originado no nódulo sinusal do átrio direito do coração. A localização desses pontos forma, enfim, um vetor que é utilizado posteriormente para exibir o resultado das detecções. Algumas métricas são sugeridas para comparação das detecções em diferentes derivações, porque devido às localizações distintas dos eletrodos alguns complexos QRS podem estar defasados.

1.1 Estado da Arte

Há uma imensa quantidade de métodos na área de processamento de sinais biomédicos para análise de ECG com objetivos diversos, tais como: verificação de anomalias e patologias, remoção de ruído e artefatos, transmissão e captação, detecção da frequência cardíaca e do complexo QRS, etc (ALPTEKIN; AKAN, 2010; VEHKAOJA; VERHO; LEKKALA, 2006; CHANDRAKAR; YADAV; CHANDRA, 2013; AGUIAR; CARVALHO; REGIS, 2014).

Dentre os algoritmos propostos para detecção do complexo QRS, destacam-se aqueles baseados em filtragem e diferenciação. A diferenciação tem sido destaque em algoritmos de detecção porque funciona basicamente como um filtro passa-alta, ou seja, o sinal derivado ressalta as altas frequências, caso dos complexos QRS, e atenua as baixas, como as ondas T e P (AFONSO, 1993; MUKHOPADHYAY et al., 2012).

O procedimento para implementar o método da diferenciação, segundo Afonso (1993), toma inicialmente os valores absolutos da primeira e segunda derivadas. Esses valores são somados e escalonados, sendo que o resultado da primeira derivada é multiplicado por 1,3 e o da segunda por 1,1. No vetor resultante cada valor é comparado com um limiar igual a 1. Quando certo valor excede esse limiar, é verificado se para os próximos oito pontos, pelo menos, seis deles são maiores ou iguais ao limiar. Caso sejam maiores, estes pontos são parte do complexo QRS.

Um método que utiliza, em parte, as técnicas acima mencionadas é aquele proposto por Pan e Tompkins (1985), que será aqui utilizado para comparação dos resultados com a metodologia proposta e está detalhado na seção 3.2.5 no capítulo 3.

Com uma abordagem diferenciada, Zidelmal et al. (2012) propõe um método que se assemelha aquele aqui abordado, baseado na análise multirresolução da transformada *Wavelet*. Os autores sugerem decompor o sinal de ECG em 5 níveis utilizando a *wavelet* de Haar. Os coeficientes *wavelets* do 4º ao 5º nível de decomposição são multiplicados e o valor absoluto do sinal resultante é utilizado para calcular o limiar e consequentemente estimar a localização dos complexos QRS. Se a amplitude do sinal estiver acima desse limiar, então aquele ponto é candidato a pertencer ao complexo QRS. Quando há a localização de dois pontos de um complexo QRS, o módulo da sua diferença é calculado e, caso o valor obtido seja menor do que $100/Fs$, onde Fs é a taxa de amostragem, então

tais pontos pertencem à mesma deflexão QRS; caso contrário, os pontos são de ondas R distintas e são então armazenados. Quando nenhum complexo QRS é encontrado por um certo período, uma busca inversa é realizada, tomando um limiar 50% menor que o limiar anteriormente encontrado.

Outro método também baseado na transforma *wavelet*, mas que utiliza as técnicas de filtragem e diferenciação anteriormente mencionadas, foi proposto em (MUKHOPADHYAY et al., 2012). Eles utilizam um sinal resultante da soma dos coeficientes de detalhes do 3º ao 4º nível. Em ambos os métodos, a justificativa na utilização destes níveis de resolução é sua concentração de energia, pois os complexos QRS detém a maior parte da energia de um sinal de ECG.

Saraiva (2012) utiliza a ideia de morfologia matemática que busca uma estrutura em imagens desconhecidas através de uma máscara pré-definida, denominada de elemento estruturante, que tem forma conhecida e percorre toda a imagem aplicando as operações básicas de abertura e fechamento, dilatação e erosão e as transformações *top-hat* e *bottom-hat*, que podem ser entendidas como processos de filtragem. O sinal de ECG é analisado como uma imagem em escala de cinza e o trabalho mais árduo nessa abordagem, com o objetivo de detectar os complexos QRS, se concentra no projeto do elemento estruturante. Após a filtragem morfológica, ao sinal resultante é aplicado um filtro de diferenciação que retorna a diferença entre o sinal filtrado e esse mesmo sinal atrasado em uma amostra, o que ressalta a linha de base. Após, é aplicada a "operação de convolução do módulo da derivada com um grupo de amostras, para aumentar a largura do pulso detectado para o tamanho máximo que o QRS pode ter" (SARAIVA, 2012). Por fim um limiar baseado na maior amplitude dos complexos QRS é estipulado e uma função de decisão é utilizada.

Na tese apresentada por Madeiro (2013) é proposta, para segmentação de sinais de ECG, a utilização das transformadas *Wavelet* e de Hilbert. O autor propõe a divisão da etapa de detecção do QRS em dois estágios: no primeiro, um segmento de 10 segundos do sinal de ECG é utilizado para obtenção de algumas métricas como: limiar, média e desvio padrão dos intervalos RR; duração média dos complexos QRS; e média e desvio padrão dos seus pontos extremos, denominados de fiduciais. Antes, na etapa de pré-processamento, o sinal é filtrado pela transformada *Wavelet* utilizando um fator de escala $2^{\lambda}, 0 \leqslant \lambda \leqslant 5$, e na sequência, como no método proposto por Pan e Tompkins (1985), o sinal filtrado passa por um processo de diferenciação. A transformada de Hilbert é então calculada para

esse sinal, quando necessário, para obter outro sinal cujas ondas R são mapeadas como picos. O sinal resultante do filtro de diferenciação é elevado ao quadrado, assim como o sinal obtido após a transformada de Hilbert, sendo ambos somados. O autor compara ambas abordagens, utilizando as transformadas de *Wavelet* e Hilbert em série ou apenas a transformada *Wavelet*. No segundo estágio, o de análise, um limiar adaptativo é calculado para detecção dos demais complexos QRS do sinal, baseado na média e no desvio padrão dos intervalos RR. Quando um pico R é detectado, uma métrica, que também utiliza a média dos intervalos RR e seu desvio padrão além da informação do último ponto fiducial encontrado, é utilizada para medir a confiabilidade da detecção em relação a este ponto, sendo que o valor desta métrica deve estar compreendido entre dois limites, um positivo e outro negativo. Nesse momento algumas situações podem ocorrer dependendo do valor da métrica de avaliação da confiabilidade, o que influencia na escolha das janelas e em como a busca pelos próximos batimentos é realizada.

1.2 Organização do Trabalho

Neste trabalho descreve-se no capítulo 2 um levantamento dos conceitos e teorias relativos a fisiologia do coração e seu funcionamento básico, além de proporcionar um entendimento do registro do ECG e sua análise. Também são feitas algumas considerações sobre certas interferências comuns a estes sinais.

No capítulo 3 uma abordagem estritamente matemática é realizada sobre as técnicas de Análise de Componentes Principais e Decomposição em Valores Singulares. Para cada método a análise de um exemplo é feita para melhor compreensão de seus resultados. Todas as equações são resolvidas para que haja clareza quanto a sua finalidade.

A descrição do método proposto está no capítulo 4. Ele é o principal deste trabalho, porque para si convergem todas as teorias e conceitos enunciados e formulados.

O capítulo 5 foi reservado para exibição dos resultados utilizando o algoritmo proposto e o algoritmo de Pan e Tompkins (1985). Ele é dividido em duas partes principais. Na primeira os experimentos são realizados e uma análise visual dos resultados é disponibilizada. Na segunda, apenas as medidas de qualidade da detecção formam uma tabela de dados para comparação. Gráficos que possibilitam uma análise visual dos resultados gerais também são dispostos nesta última parte.

Finalmente, no capítulo 6, as considerações finais são apresentadas, onde se conclui sobre a performance do método proposto, bem como sobre todas as análises e contribuições realizadas no decorrer do trabalho e ainda faz-se algumas considerações sobre trabalhos futuros.

2 CONCEITOS ESSENCIAIS: CORAÇÃO E ELETROCARDIOGRAMA

Este capítulo tem por finalidade dar uma ideia geral do funcionamento do coração e como são realizadas as medições de sua atividade elétrica, destacando aquelas características que são relevantes para a implementação do algoritmo para detecção dos complexos QRS.

2.1 O coração

O coração é formado por três camadas de tecido cardíaco, sendo a mais externa denominada de pericárdio, e a mais interna de endocárdio. O coração "age como uma bomba, impulsionando o sangue para as artérias e recebendo o que chega pelas veias" (ZORZI; STARLING, 2010). Pode ser dividido em "coração direito" (em azul na Figura 1), responsável pelo bombeamento de sangue para os pulmões, e "coração esquerdo" (em vermelho na Figura 1), responsável pela irrigação sanguínea dos órgãos periféricos. O miocárdio, a terceira camada do coração, disposta entre o endocárdio e o pericárdio, é aquela responsável pela função de bombeamento (GONÇALVES, 2010).

No interior do coração há quatro cavidades principais, sendo dois átrios, as câmaras na parte superior, e dois ventrículos, aquelas na parte inferior. O átrio direito tem por finalidade receber o sangue rico em dióxido de carbono proveniente do sistema circulatório através das veias cavas superior e inferior e enviá-lo para o ventrículo direito, que por sua vez bombeia-o para o pulmão pela artéria pulmonar. O átrio esquerdo recebe o sangue oxigenado dos pulmões por meio de quatro veias pulmonares bombeando-o para o restante do corpo por meio da artéria aorta (ZORZI; STARLING, 2010; CROTI et al., 2008; GONÇALVES, 2010).

Esse movimento de bombear o sangue, pode ser dividido em dois momentos principais: o primeiro, quando o coração se contraí e ejeta o sangue, é denominado de sístole, e o segundo, quando este relaxa voltando ao estado de repouso se enchendo novamente, é conhecido como diástole. Essas contrações cardíacas que ocasionam o bombeamento do sangue são geradas por um estímulo elétrico, o marcapasso natural, que tem origem no nódulo sinoatrial (nódulo SA), que se localiza na parede do átrio direito. Esse estímulo se

propaga através das células especializadas até o átrio esquerdo, pelas fibras de condução atrial, e para os ventrículos, por meio do feixe de His[1].

Para que essa corrente elétrica possa se propagar é preciso que as células do miocárdio estejam carregadas positivamente e negativamente, bem como é necessária a existência de uma carga inicial denominada de potencial de ação, resultante "da diferença entre as concentrações de íons nos dois lados da membrana celular" (GONÇALVES, 2010).

As células musculares cardíacas responsáveis pela contração e relaxamento sincronizadas são chamadas de cardiomiócitos. Para que o coração funcione corretamente milhares dessas células devem se contrair coordenadamente. Essas contrações ocorrem quando o potencial de ação despolariza suas membranas (RAFF; LEVITZKI, 2011).

O período correspondente, da contração inicial até o relaxamento do músculo cardíaco voltando ao estado de repouso, constitui o ciclo cardíaco, que pode ser dividido basicamente, nos seguintes estágios (STEIN, 2001; APPLEGATE, 2012):

1. O nódulo SA é estimulado ritmicamente pelo impulso elétrico involuntário;

2. a propagação desse impulso ocasiona a contração dos átrios esquerdo e direito (sístole atrial), causando a despolarização atrial;

3. o mesmo impulso elétrico alcança o nódulo atrioventricular (nódulo AV), cujas células são mais lentas para a condução do impulso, permitindo assim que o átrio termine sua contração (diástole atrial) antes de iniciar a do ventrículo.

4. partindo do nódulo AV o impulso se propaga pelo feixe de His, para os ramos dos fascículos direito e esquerdo que formam as fibras de Purkinje[2], visualizados na Figura 1, responsáveis pela retransmissão do impulso ao miocárdio;

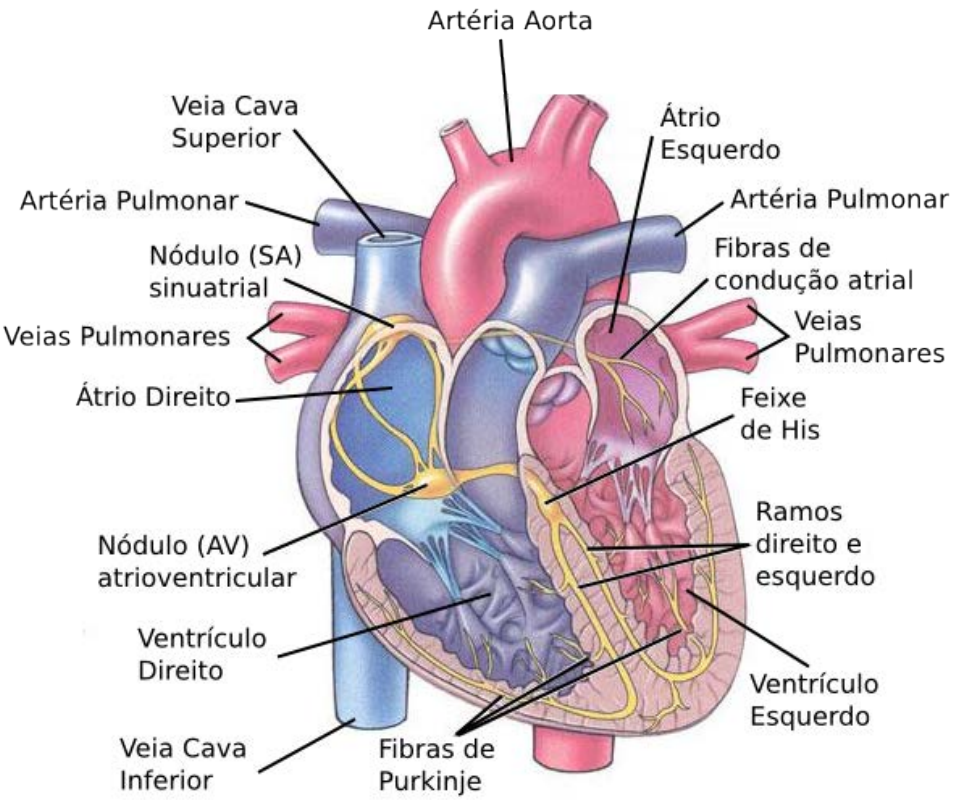
5. agora, o impulso despolariza as células dos ventrículos, que se contraem (sístole ventricular), expelindo o sangue para a artéria aorta. Quando encerrada essa fase de contração (diástole ventricular) tem fim o ciclo cardíaco.

As durações da sístole atrial, diástole atrial, sístole ventricular e diástole ventricular são, $0,1$, $0,7$, $0,3$ e $0,5$ segundos, respectivamente (APPLEGATE, 2012). Portanto, cada ciclo cardíaco ocorre em $0,8$ segundos aproximadamente.

[1] Células cardíacas responsáveis pela condução elétrica para os ventrículos.
[2] Fibras musculares cardíacas responsáveis pela contração sincronizada dos ventrículos.

Para melhor compreensão do que foi dito anteriormente, a Figura 1 ilustra o coração e suas principais partes com as respectivas denominações.

Figura 1 – O Coração



Fonte: Adaptado de Misodor (2015)

2.2 Eletrocardiograma - ECG

2.2.1 Derivações

As derivações do ECG constituem o registro da atividade elétrica do coração por meio de eletrodos metálicos, em diferentes localizações do corpo. Elas podem ser subdivididas em derivações periféricas e precordiais sendo que cada grupo é constituído de seis derivações.

> O sinal elétrico do coração é detectado na superfície corporal pelos eletrodos, os quais são ligados ao aparelho de ECG por meio de cabos.

> Um eletrodo fica aderido a cada um dos quatro membros, e outros seis na frente do tórax. O aparelho de ECG compara a atividade elétrica detectada em cada um dos diferentes eletrodos, e a imagem elétrica registrada é denominada "derivação". As diferentes derivações "observam" o coração de pontos ou perspectivas diferentes (HAMPTON, 2014).

As três primeiras derivações - I, II e III, foram concebidas por Willen Einthoven (1860-1927) por volta de 1901, e formam o que é conhecido por triângulo de Einthoven (BRAUNWALD; ZIPES; LIBBY, 2003). Elas também pertencem ao grupo das derivações bipolares dos membros, pois registram a diferença de potencial entre o braço esquerdo e o direito, o braço direito e o pé (perna) esquerdo e entre o braço esquerdo e o pé (perna) esquerdo, sendo que um membro serve como polo positivo e o outro negativo. O pé (perna) direito não está implicitamente incluso, no entanto ele serve como conexão terra, embora algumas derivações possam incluir eletrodos também nesse membro. Uma fórmula simples, denominada de Lei de Einthoven, que associa os potenciais elétricos de cada uma dessas derivações, é dada em (BRAUNWALD; ZIPES; LIBBY, 2003):

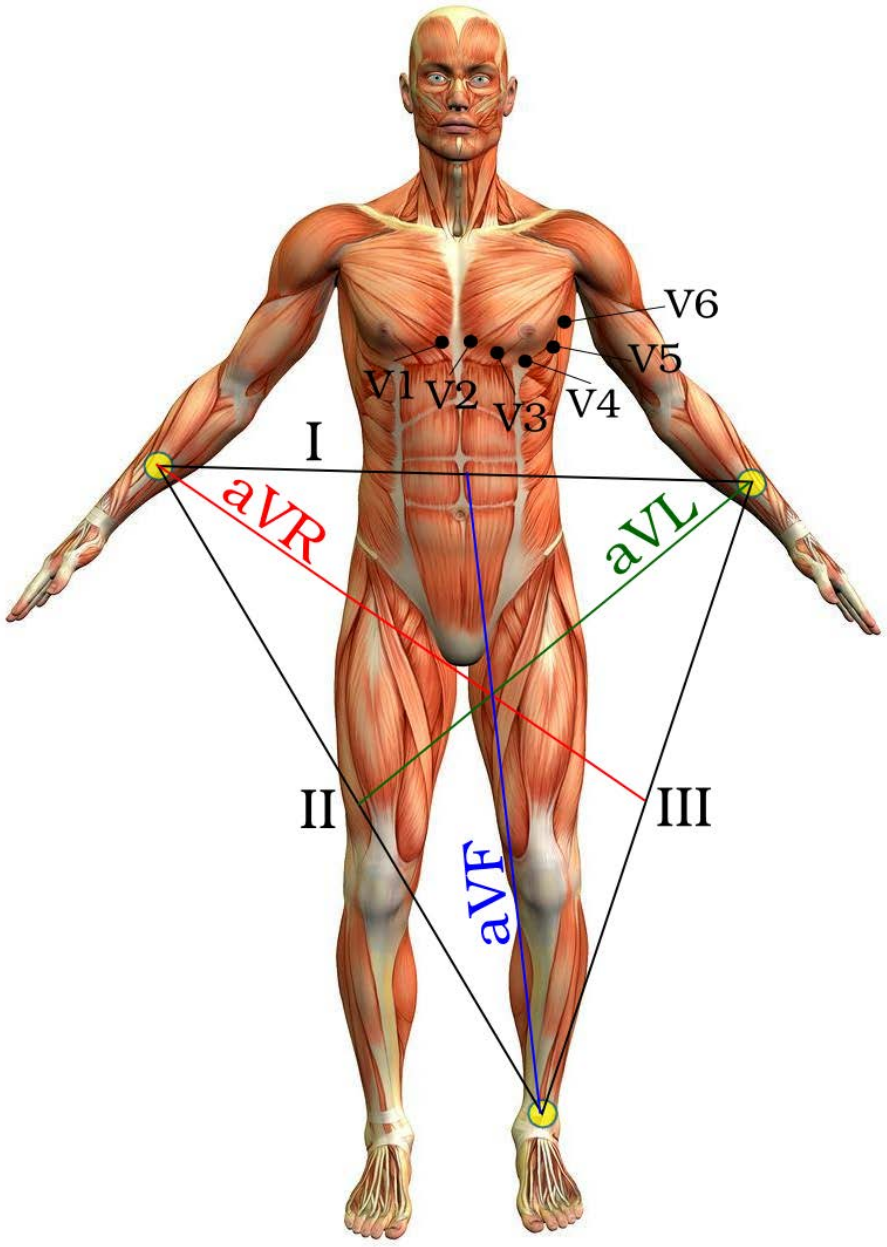
$$I + III = II$$

Essa simples relação implica que a soma dos potenciais bipolares é zero. Esse potencial nulo, localizado no centro do triângulo de Einthoven, é utilizado como conexão terra pelas demais derivações que passam a ser denominadas de unipolares (WOODS; FROELICHER; MOTZER, 2005). Dentre essas derivações estão aquelas que utilizam os mesmos eletrodos das bipolares, porém com a tensão amplificada, sendo denominadas de aVR, aVL e aVF, relativas aos potenciais direito (*Rigth*), esquerdo (*left*) e dos pés (*foot*), respectivamente, propostas por Frank Wilson (GONÇALVES, 2010).

As demais derivações unipolares são nomeadas de V1 a V6, e recebem a denominação de precordial, sendo que seus eletrodos localizam-se no tórax próximo ao coração, dispostos da direita para a esquerda (MOHRMAN, 2011). É verdade que existem outras configurações para essas mesmas derivações, mas estão fora do escopo deste trabalho, sem prejuízo às análises.

A Figura 2 mostra a localização dos eletrodos e como são arranjadas as derivações em relação ao coração.

Figura 2 – Derivações do ECG



Fonte: Adaptado de HumanAnatomyPics (2015)

2.2.2 O Traçado do ECG

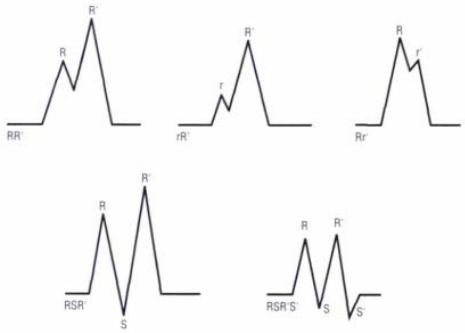
O ECG é o registro da atividade elétrica do coração. A despolarização e repolarização dos átrios e ventrículos são registradas como ondas (deflexões) no ECG. Essas recebem as denominações de P, Q, R, S, T, U.

A despolarização dos átrios, que é iniciada no nódulo SA, é registrada como uma ondulação, quase simétrica, denominada de onda P (GUYTON; HALL, 2006). Sua ampli-

tude deve ser aproximadamente de 2,5 mm e sua duração no máximo 0,10 segundos. Ela é importante na identificação do ritmo sinusal e ectópico, indicando se o impulso elétrico se iniciou no nódulo SA ou em focos ectópicos, fora do nódulo SA (GONÇALVES, 2010).

As ondas Q, R e S aparecem juntas no ECG, e são comumente chamadas de complexo QRS, cuja duração normal deve estar entre 0,06 e 0,12 segundos. "Elas registram o percurso elétrico desde o nódulo AV até as células miocárdicas, através do feixe de *His* e das fibras de *Purkinje*" (GONÇALVES, 2010), e representam a despolarização ventricular. No entanto, é possível que, no traçado do ECG apareçam duas ondas R e duas S, sendo as segundas denominadas de R' e S'. Para simplificar a ideia basta considerar, no complexo QRS, a primeira deflexão negativa como onda Q. Após, há a onda R, ascendente, e a próxima deflexão será a onda S, que é descendente. Se após a onda S houver uma nova deflexão que ultrapassa a linha de base não aparecendo o segmento ST, então haverá uma nova onda R, rotulada de R' e uma nova onda S'. É possível que as ondas S e S' não apareçam e que a onda ascendente tenha baixa amplitude - neste caso seria rotulada como r. (GARCIA; HOLTZ, 2000). A Figura 3 ilustra essas características.

Figura 3 – Diferentes traçados do complexo QRS



Fonte: Garcia e Holtz (2000)

Quando há a repolarização dos ventrículos, aparece no ECG a onda T que é assimétrica sendo a parte descendente mais curta que a ascendente. Já a repolarização dos átrios, por ter amplitude baixa, não é registrada no ECG, exceto se o paciente sofrer de certas enfermidades como infarto atrial ou pericardite aguda (LOSCALZO, 2013).

A onda U tem a mesma deflexão da T e sucede esta, mas tem amplitude menor. "Ondas U muito proeminentes são sugestivas da suscetibilidade a um tipo de taquicardia ventricular"(LOSCALZO, 2013). Em muitos ECGs essas ondas sequer são perceptíveis, que é o caso dos vários sinais analisados neste trabalho.

Além dessas ondas, destaca-se no registro do ECG o segmento ST, que representa o período em que o ventrículo está despolarizado, e compreende desde o final do complexo QRS até o início da onda T (WOODS; FROELICHER; MOTZER, 2005).

Há também alguns intervalos importantes entre as ondas do ECG, que são:

- intervalo PR: determina o tempo gasto pelo impulso elétrico para atingir os ventrículos partindo do nódulo SA, variando de 0,12 a 0,20 segundos. Compreende o intervalo do início da onda P até o início da onda R, ou final da onda Q (GONÇALVES, 2010).

- intervalo QT: abrange a despolarização e repolarização do ventrículo (LANTIERI; BERTOLETTI, 2007), limitado pelo início da onda Q e pelo final da onda T. Sua duração máxima é de aproximadamente 0,47 segundos para mulheres e 0,44 segundos para homens, considerando o intervalo QT corrigido, QTc, que é obtido dividindo o intervalo QT pela raiz quadrada do último intervalo RR (WOODS; FROELICHER; MOTZER, 2005).

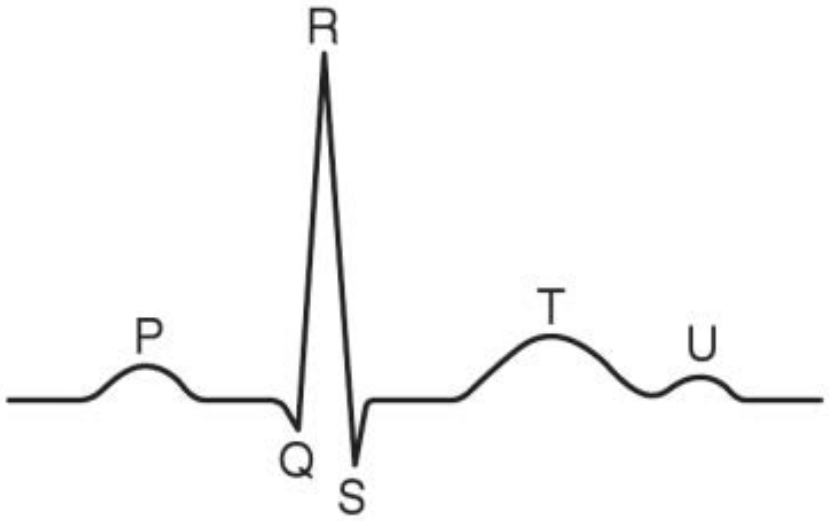
- intervalo RR: distância entre dois pontos de máximo de ondas R consecutivas.

A linha isoelétrica, ou linha de base, é uma reta que representa a tensão zero, ou seja, é o eixo t no gráfico do ECG. As deflexões (ondas) no ECG são positivas ou negativas, quando estão, respectivamente, acima ou abaixo dessa linha. Essa divisão é importante porque as inclinações de certas ondas permitem um diagnóstico sobre infarto, aneurisma ventricular, doença pulmonar, pela análise do segmento ST. (WOODS; FROELICHER; MOTZER, 2005).

Uma deflexão positiva significa que a atividade elétrica se movimenta na direção da derivação positiva. Já uma deflexão negativa, significa que essa atividade elétrica se afasta dessa derivação. Se a direção é perpendicular à derivação, então, ou o registro não apresenta atividade ou aparece uma deflexão difásica (WOODS; FROELICHER; MOTZER, 2005).

O traçado do ECG normal pode ser visualizado na Figura 4, com as respectivas nomenclaturas das ondas características. Dependendo da derivação este traçado pode apresentar as deflexões negativas, conforme será visto na próxima seção.

Figura 4 – O traçado do ECG



Fonte: (HAMPTON, 2014)

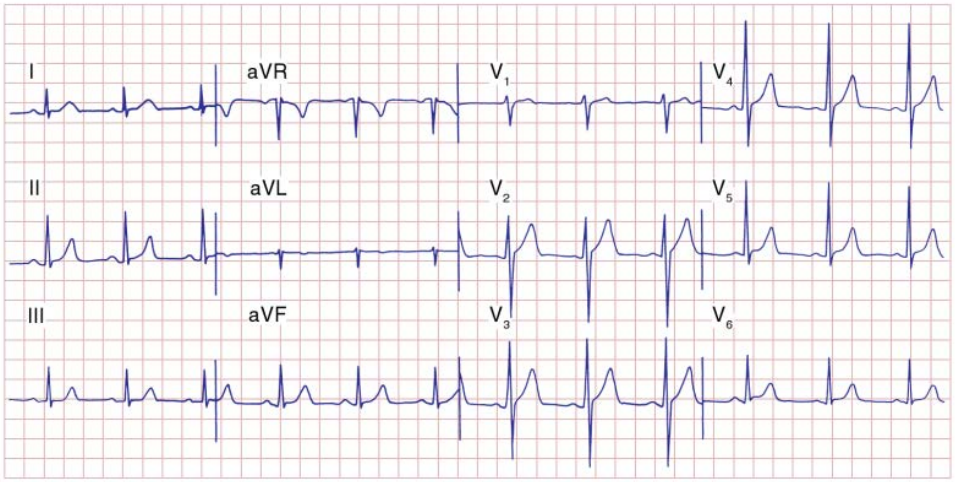
2.2.2.1 O ECG em Cada Derivação

O ECG é registrado de diferentes formas em cada derivação. Por exemplo, em um indivíduo normal, no ECG registrado na aVR e aVL as deflexões das ondas P e T são todas negativas e o complexo QRS predominantemente negativo, o que implica que a onda R tem amplitude negativa também, parecendo uma versão invertida do ECG registrado na derivação II, para a derivação aVR, enquanto para aVL a onda R tem fase positiva mas sua amplitude é baixa. Isso é devido a direção de propagação do impulso elétrico gerado, normalmente, no nódulo SA. Quando essa é a direção da derivação II, polo positivo, as deflexões são positivas, mas quando a direção de propagação aponta para aVR, polo negativo, então as deflexões são também negativas (LOSCALZO, 2013).

Na derivação I, o braço esquerdo é considerado o polo positivo e o direito o negativo. Dessa forma, a propagação da atividade elétrica em direção à derivação I representa deflexões positivas, registradas através das ondas P, R e T. No caso de uma propagação na direção oposta, têm-se deflexões negativas, registradas através das ondas S. Para a derivação II, a perna esquerda é o polo positivo e o braço direito o negativo. E na derivação III, a perna esquerda passa a ser o polo positivo e o braço esquerdo o negativo. Por esse motivo, essas três derivações apresentam traçados semelhantes no que diz respeito a positividade e/ou negatividade das deflexões.

As características do ECG em cada derivação podem ser vistas na Figura 5, que retrata o ECG de um indivíduo saudável, com frequência cardíaca de 75 bmp (batimentos-por-minuto).

Figura 5 – As 12 derivações de um ECG



Fonte: Loscalzo (2013)

Na Figura 5 pode-se observar que os complexos QRS nas derivações V4 a V6 têm amplitudes bem maiores que nas demais variações. Já, a onda S é quase indistinguível. Deve-se notar também que as ondas T têm amplitudes elevadas em V2, V3 e V4, e também em II e aVF. Isso precisará ser considerado na implementação do algoritmo proposto porque as amplitudes dos complexos QRS podem ser confundidas com aquelas ondas T que possuem amplitudes mais elevadas.

2.3 Artefatos e ruídos

Assim como qualquer sinal, o ECG não está livre de interferências durante suas medições ou transmissão. Tais interferências podem ser agrupadas nas categorias ruído ou artefato (HE; CLIFFORD; TARASSENKO, 2006). O ruído é visto como parte integrante do sinal enquanto os artefatos são aqueles sinais indesejados provenientes dos potenciais elétricos de outras células do corpo que não seja o coração (CRAWFORD; DOHERTY, 2012), por exemplo.

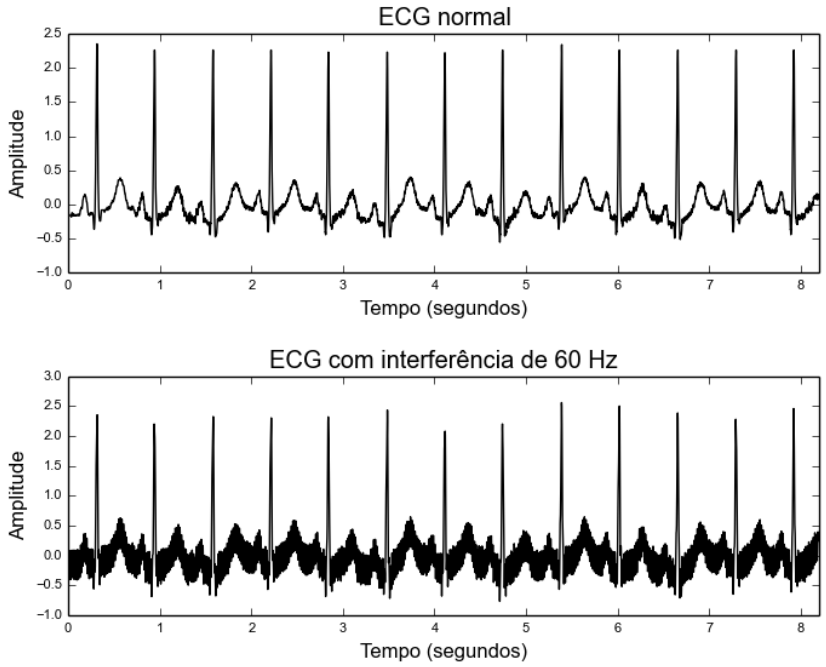
Os principais tipos de ruídos identificados são: interferência de 60 Hz e/ou mal contatos dos eletrodos com a pele. Já os artefatos são gerados normalmente por movi-

mento corporal e/ou contrações musculares durante a obtenção do ECG (OH, 2004; HE; CLIFFORD; TARASSENKO, 2006).

2.3.1 Interferências de 60 Hz

Este ruído está associado a vários fatores, dentre eles, defeitos nos cabos que conectam os eletrodos aos pacientes e interferências da rede elétrica. Pode ser modelado como uma senoide de 50 a 60 Hz tendo uma SNR (*Signal-to-noise Ratio*) na ordem de 3 dB (OH, 2004). Na Figura 6 tem-se um exemplo de ECG com ruído que, geralmente, é filtrado pelos próprios aparelhos de medição. No entanto, para certos registros da base de dados aqui utilizados, alguns ruídos com frequências próximas estão presentes nos sinais de ECG e, portanto, deverão ser considerados na implementação do algorítimo de detecção proposto.

Figura 6 – ECG normal do registro 1027085 (CHALLENGE2011, 2012) e com interferência de 60 Hz



Fonte: Próprio Autor

2.3.2 Mal contato dos eletrodos com a pele

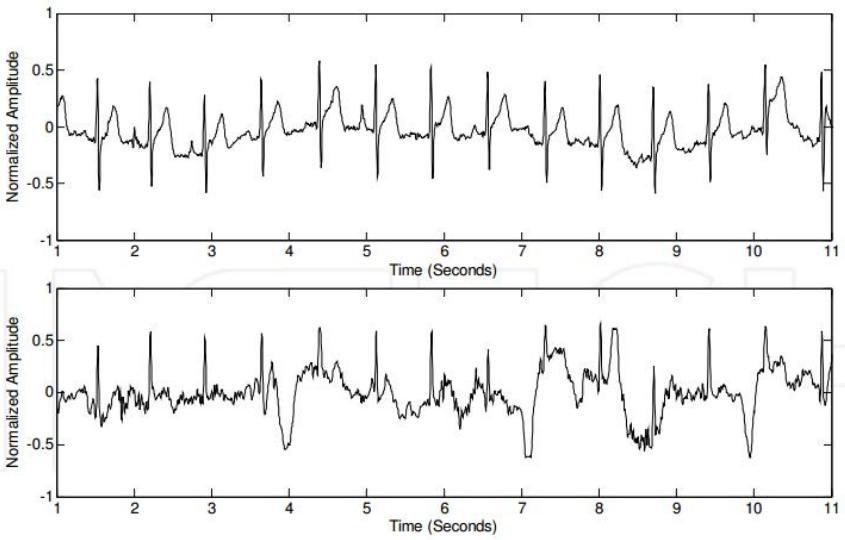
A alta impedância da pele é um problema comum nos sinais de ECG e pode ter origem no excesso de pelos ou mesmo por fatores fisiológicos dos pacientes. Em qualquer

caso, uma preparação adequada dos eletrodos pode minimizar os efeitos na degradação das curvas do ECG. Segundo a opinião de Crawford e Doherty (2012), esta constitui a fonte de sinais indesejáveis mais difícil de amenizar sem deterioração do sinal de ECG.

Na Figura 7, que exibe dois sinais de ECG do mesmo indivíduo antes e após ocorrer a redução de contato dos eletrodos com a pele, pode-se notar nos instantes em torno de 4, 6, 7 e 10 segundos (Figura da base), que as ondas T apresentam fase invertida e amplitudes elevadas, se comparadas com as ondas obtidas em um ECG normal (Figura do topo).

Outra característica observada é a mudança drástica na linha de base, que provocou a atenuação da amplitude do complexo QRS antes dos 9 segundos, e sua amplificação após 7 e 8 segundos.

Figura 7 – ECG normal (superior) e após os eletrodos terem reduzido o contato com a pele (inferior)



Fonte: Gargiulo et al. (2010)

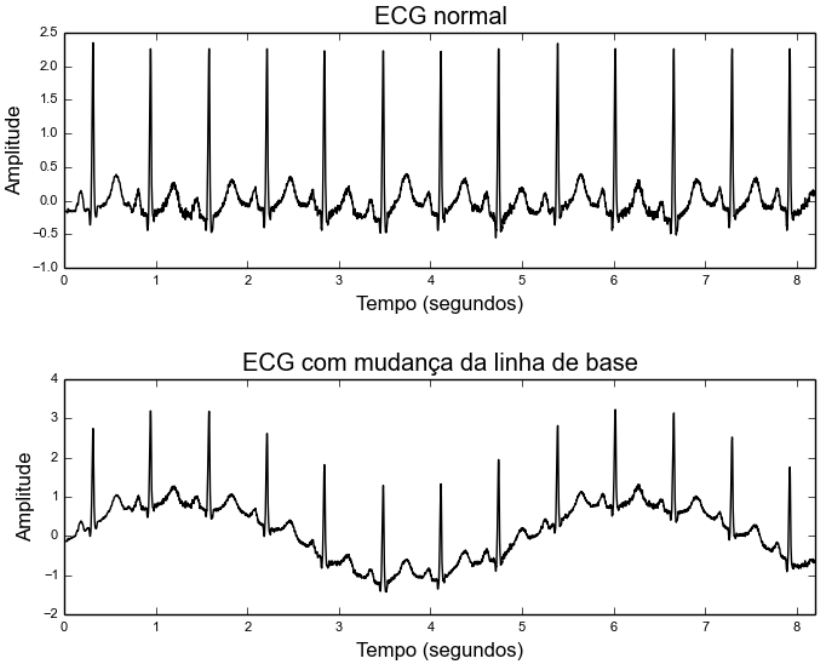
2.3.3 Movimento corporal

Este artefato, por vezes, causa uma mudança suave da linha de base do ECG, consequência do movimento dos eletrodos em relação ao coração. Podem ser devidos a respiração ou outro movimento durante o registro do ECG.

Quando o artefato é devido à respiração, o resultado na medição é aproximadamente a soma do ECG com uma senoide de baixa frequência, geralmente proporcional à respiração do paciente.

Para entender melhor seu efeito no registro final, a Figura 8 ilustra uma mudança de linha de base tipicamente devida ao movimento do tórax durante a respiração, neste caso simulada como uma senoide de 0.2 Hz.

Figura 8 – ECG normal do registro 1027085 (CHALLENGE2011, 2012) e com mudança de linha de base artificial



Fonte: Próprio Autor

Esse artefato pode ser removido de diversas formas. Uma maneira simples é decompor um sinal até o oitavo nível de decomposição utilizando a transforma wavelet discreta - DWT (*Discrete Wavelet Transform*), zerar todos os coeficientes de aproximação neste nível e recompor o sinal (BORRIES; PIERLUISSI; NAZERAN, 2005). Isso funciona porque os coeficientes de aproximação da DWT são a saída de um filtro passa-baixa do banco de filtros implementado pela análise de multirresolução.

Nesta pesquisa não haverá preocupação em remover as interferências devidas às mudanças de linha de base porque, conforme será visto no capítulo que descreve o método proposto, as componentes de detalhes utilizadas para detecção dos complexos QRS, que possuem altas frequências, não sofrem as distorções provocadas pela mudança de linha de base.

2.3.4 Contrações Musculares

O movimento dos músculos esqueléticos[3] produzem atividade elétrica que são registradas com amplitude e frequência maiores que as da atividade dos músculos cardiácos. (CRAWFORD; DOHERTY, 2012). Estes sinais são denominados de EMG (Eletromiograma) e são medidos por um Eletromiógrafo. Essa medição é utilizada por especialistas para detectar o nível de atividade muscular, por exemplo. Mas, aqui será considerado como ruído, já que o que importa é a atividade do músculo cardíaco apenas e o eletrocardiógrafo[4] capta estes sinais como interferências e não como o sinal desejado.

Um dos principais problemas da interferência EMG no ECG é que ela pode ser confundida com certas arritmias, ou taquicardia ventricular. Portadores da doença de Parkinson, por exemplo, apresentam um traçado no ECG que se assemelha àqueles de pacientes com problema de Fibrilação Atrial (FA), que é caracterizado por pequenas ondas de ECG com frequências entre 3 Hz e 5 Hz (CRAWFORD; DOHERTY, 2012).

A Figura 9 ilustra duas formas de onda, sendo a primeira a derivação I do registro 1027085 da base de dados (CHALLENGE2011, 2012), e a segunda o mesmo ECG sobreposto por um ruído artificial do tipo EMG (10 % de um vetor composto por ruído gaussiano com média 0 e variância unitária) no intervalo de 1 a 2 segundos. Pode-se perceber também que no gráfico superior da Figura 9, há um EMG real entre 0,75 e 2 segundos.

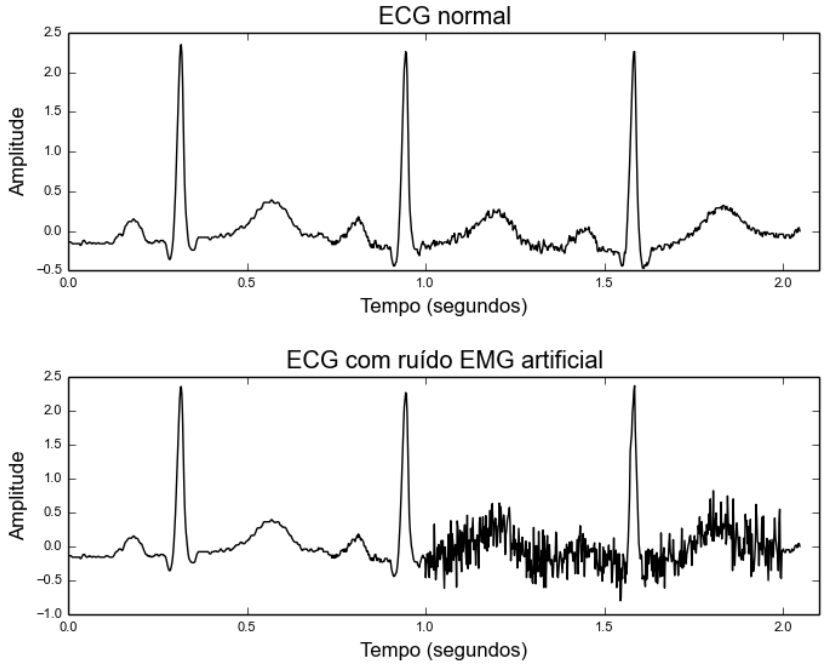
No entanto, como pode ser observado na Figura 9, no intervalo do terceiro complexo QRS, instantes de 1,6 a 1,7 segundos aproximadamente, houve interferência visualmente insignificante na forma da onda R, o que é um indicativo de que o algoritmo pode ser implementado para separar tal artefato das demais ondas. Para tal, informações adicionais sobre os intervalos do ECG deverão ser utilizadas.

---

[3] "É um órgão composto por células estriadas e tecidos conectivo. Em sua maioria o músculo esquelético se prendem a dois ossos que possuem uma articulação móvel entre eles."Thibodeau e Patton (2002)

[4] Equipamento para medição dos potências elétricos emitidos pelos músculos cardíacos e responsável pelo traçado do sinal de ECG.

Figura 9 – ECG normal do registro 1027085 (CHALLENGE2011, 2012) e com EMG artificial



Fonte: Próprio Autor

3 MÉTODOS PARA ANÁLISE DE ECG

Neste capítulo são discutidos alguns métodos e modelos matemáticos utilizados para o desenvolvimento do algoritmo de detecção dos complexos QRS.

3.1 Análise de Componentes Principais

A Análise de Componentes Principais (PCA- *Principal Component Analysis*), também denominada de Transformada de Karhunen–Loève (KLT), é um método que permite descorrelacionar os dados de uma certa observação. Uma definição mais abrangente é dada a seguir.

> A Análise de Componentes Principais (ACP) envolve um procedimento matemático que transforma um número de variáveis possivelmente correlacionadas em um número menor de variáveis não correlacionadas denominadas de componentes principais. A primeira componente principal contém a maior variabilidade possível da variabilidade total dos dados, e cada componente principal sucessiva contém parte da variabilidade restante, tão grande quanto possível. Para tal, efetua-se a decomposição da matriz de covariância dos dados, usualmente normalizados, em seus autovalores e autovetores correspondentes (LOESCH; HOELTGEBAUM, 2012).

Seja uma matriz de dados $\mathbf{X}_{p\times m}$ com média nula em relação as colunas, que representa a realização de m variáveis (experimentos) com p observações por experimento. Cada coluna $\mathbf{X}(\cdot, k), k = 1, \cdots, m$, está correlacionada com as demais. A transformação linear determinada pela PCA produz outra matriz $\mathbf{Y}$ com n variáveis, sendo $n \leq m$, tal que as observações estão descorrelacionadas. Essa transformação é ortogonal e constrói um novo sistema de coordenadas rotacionando o anterior onde os dados de $\mathbf{X}$ são agora projetados. Este novo sistema é construído de tal modo que o seu primeiro eixo corresponde a variância máxima de $\mathbf{X}$, o segundo eixo corresponde a segunda maior variância, com a restrição de estar na direção ortogonal ao primeiro e assim sucessivamente (HYVÄRINEN; KARHUNEN; OJA, 2001).

Seja $\mathcal{J}_{p\times m}$ a matriz de transformação que mapeia os vetores de $\mathbf{X}$ nas componentes principais $\mathbf{Y}$. Considera-se o primeiro vetor no novo sistema de coordenadas como sendo a primeira coluna da matriz $\mathbf{Y}$, ou seja, $\mathbf{Y}(\cdot, 1)$.

Pretende-se, portanto, encontrar um vetor coluna $\mathcal{J}(\cdot,k), k = 1,\cdots,m$ tal que $\mathbf{Y}(\cdot,1)$ seja o elemento com maior variância. No entanto esta depende da orientação das colunas de $\mathcal{J}$ e da sua norma (HYVÄRINEN; KARHUNEN; OJA, 2001). Afim de evitar o crescimento demasiado da variância quando a norma crescer, ao modelo de otimização é adicionada a restrição de que $\|\mathcal{J}(\cdot,1)\| = 1$, onde $\|\cdot\|$ é a norma euclidiana padrão. Sendo assim, e lembrando que a variância de $\mathbf{Y}(\cdot,1)$ é dada por $var(\mathbf{Y}(\cdot,1)) = E\{\mathbf{Y}(\cdot,1)^2\}$, sendo $E\{\cdot\}$ é o valor esperado, tem-se

$$\begin{aligned}\mathcal{J}(\cdot,1)^* &= \underset{\|\mathcal{J}(\cdot,1)\|=1}{\arg\max}\, E\left\{\mathbf{Y}(\cdot,1)^2\right\} \\ &= \underset{\|\mathcal{J}(\cdot,1)\|=1}{\arg\max}\, \frac{1}{p}\sum_{k=1}^{p}\left[\mathcal{J}(\cdot,1)^T\mathbf{X}(\cdot,k)\right]^2\end{aligned} \tag{1}$$

sendo que (1) retorna o conjunto de pontos do argumento $\mathcal{J}(\cdot,1)$ para os quais a soma

$$\frac{1}{p}\sum_{k=1}^{p}(\mathcal{J}(\cdot,1)^T\mathbf{X}(\cdot,k))^2 \tag{2}$$

atinge seu valor máximo.

A função a ser maximizada na equação (1) pode ser expandida fornecendo o seguinte resultado:

$$\begin{aligned}\frac{1}{p}\sum_{k=1}^{p}\left[\mathcal{J}(\cdot,1)^T\mathbf{X}(\cdot,k)\right]^2 &= \frac{1}{p}\sum_{k=1}^{p}\mathcal{J}(\cdot,1)^T\mathbf{X}(\cdot,k)\mathbf{X}(\cdot,k)^T\mathcal{J}(\cdot,1) \\ &= \mathcal{J}(\cdot,1)^T\left[\frac{1}{p}\sum_{k=1}^{p}\mathbf{X}(\cdot,k)\mathbf{X}(\cdot,k)^T\right]\mathcal{J}(\cdot,1) \\ &= \mathcal{J}(\cdot,1)^T\mathbf{R}_{\mathbf{X}}\mathcal{J}(\cdot,1)\end{aligned} \tag{3}$$

onde $\mathbf{R}_{\mathbf{X}}$ é a matriz de covariância de $\mathbf{X}$, ou de correlação já que essas são iguais quando a média é primeiramente removida.

Substituindo (3) em (1) o valor ótimo do componente principal com maior variância será dado por

$$\mathcal{J}(\cdot,1)^* = \underset{\|\mathcal{J}(\cdot,1)\|=1}{\arg\max}\, \mathcal{J}(\cdot,1)^T\mathbf{R}_{\mathbf{x}}\mathcal{J}(\cdot,1) \tag{4}$$

que é equivalente a encontrar o conjunto de pontos do seguinte quociente:

$$\mathcal{J}(\cdot,1)^* = \arg\max \frac{\mathcal{J}(\cdot,1)^T\mathbf{R}_{\mathbf{x}}\mathcal{J}(\cdot,1)}{\mathcal{J}(\cdot,1)^T\mathcal{J}(\cdot,1)}\ . \tag{5}$$

O quociente em 5 tem a forma do quociente de Rayleigth generalizado (GRQ - *Generalized Rayleigth Quotient*), definido por Ostrowsk (1983) e adaptado aqui para as variáveis de interesse, como:

$$R(\mathcal{J}(\cdot,1)\ ,\mathcal{J}(\cdot,1)^T) = \frac{\mathcal{J}(\cdot,1)^T\mathbf{R}_{\mathbf{x}}\mathcal{J}(\cdot,1)}{\mathcal{J}(\cdot,1)^T\mathcal{J}(\cdot,1)} \tag{6}$$

para $\|\mathcal{J}(\cdot,1)\| = 1$.

Se λ_1 é um autovalor de $\mathbf{R_x}$, com correspondentes autovetores $\mathcal{J}_0$ e $\mathcal{J}_0^T$, a direita e esquerda, respectivamente, as relações a seguir se verificam:

$$\mathbf{R_x}\mathcal{J}_0 = \lambda_1\mathcal{J}_0 \ , \tag{7}$$

$$\mathcal{J}_0^T\mathbf{R_x} = \lambda_1\mathcal{J}_0^T \ . \tag{8}$$

O GRQ destes autovetores é dado por:

$$R(\mathcal{J}_0, \mathcal{J}_0^T) = \frac{\mathcal{J}_0^T\mathbf{R_x}\mathcal{J}_0}{\mathcal{J}_0^T\mathcal{J}_0} \ . \tag{9}$$

Multiplicando as equação (7) e (8) obtêm-se:

$$\frac{\mathcal{J}_0^T\mathbf{R_x^2}\mathcal{J}_0}{\mathcal{J}_0^T\mathcal{J}_0} = \lambda_1^2 \tag{10}$$

portanto,

$$R(\mathcal{J}_0, \mathcal{J}_0^T) = \lambda_1 \ . \tag{11}$$

Ostrowsk (1983) questiona se as derivadas parciais de $R(\mathcal{J}(\cdot,1)\,, \mathcal{J}(\cdot,1)^T)$, em relação aos vetores $\mathcal{J}(\cdot,1)$ e $\mathcal{J}(\cdot,1)^T$ se anulam no ponto definido pelos autovetores $\mathcal{J}_0$ e $\mathcal{J}_0^T$, ou seja, se esse é um ponto estacionário.

Uma maneira de encontrar esse ponto crítico é utilizar-se dos multiplicadores de Lagrange. Esse método permite encontrá-los, sejam de máximo ou mínimo, sujeito a uma determinada restrição, que neste caso é $\|\mathcal{J}(\cdot,1)\| = 1$. Dada a definição do Lagrangiano em Gopal (2005), ele assume aqui a seguinte forma:

$$\mathfrak{L}(\mathcal{J}(\cdot,1), \lambda_1) = \mathcal{J}(\cdot,1)^T\mathbf{R_x}\mathcal{J}(\cdot,1) \ - \lambda_1(\mathcal{J}(\cdot,1)^T\mathcal{J}(\cdot,1) \ - 1) \tag{12}$$

onde λ_1 é denominado de multiplicador de Lagrange. Portanto, o ponto estacionário procurado será dado pela solução da derivada:

$$\begin{aligned}
\frac{d\mathfrak{L}}{d\mathcal{J}(\cdot,1)} &= 0 \\
2\mathcal{J}_1^T\mathbf{R_x}^T - 2\lambda_1\mathcal{J}(\cdot,1)^T &= 0 \\
2\mathcal{J}(\cdot,1)^T\mathbf{R_x}^T &= 2\lambda_1\mathcal{J}(\cdot,1)^T \quad \cdot \\
(\mathcal{J}(\cdot,1)^T\mathbf{R_x}^T)^T &= (\lambda_1\mathcal{J}(\cdot,1)^T)^T \\
\mathbf{R_x}\mathcal{J}(\cdot,1) &= \lambda_1\mathcal{J}(\cdot,1)
\end{aligned} \tag{13}$$

Assim pode-se concluir que a primeira coluna da transformação linear $\mathcal{J}$, i.e., $\mathcal{J}(\cdot, 1)$, a primeira componente principal, tem seu ponto de máximo quando $\mathcal{J}(\cdot, 1)$ é o autovetor da matriz de autocovariância $\mathbf{R_x}$ associado ao seu maior autovalor, pois pelas equações (3) e (13) e pela restrição da norma unitária, a variância máxima será:

$$\begin{aligned} var(\mathcal{J}(\cdot,1)^T\mathbf{x}) &= \mathcal{J}(\cdot,1)^T\mathbf{R_x}\mathcal{J}(\cdot,1) \\ &= \mathcal{J}(\cdot,1)^T\lambda_1\mathcal{J}(\cdot,1) \quad . \\ &= \lambda_1 \end{aligned} \tag{14}$$

A ordenação dos autovetores pelos autovalores proporciona uma maneira de encontrar todas as demais componentes principais, onde a segunda componente terá direção dada pelo eixo determinado pelo autovetor $\mathcal{J}(\cdot, 2)$ associado ao segundo maior autovalor λ_2, com a restrição de que $\mathcal{J}(\cdot, 1)$ e $\mathcal{J}(\cdot, 2)$ sejam ortogonais (descorrelacionadas), e assim sucessivamente até encontrar todas as componentes pretendidas.

Em resumo, as componentes principais estão associados com a matriz de transformação $\mathcal{J}$ e a matriz de dados $\mathbf{X}$ assim:

$$\mathbf{Y} = \mathcal{J}^T\mathbf{X} \; . \tag{15}$$

Na seção 3.2.3 será descrito outro procedimento para encontrar a matriz de transformação $\mathcal{J}$ por meio da Decomposição em Valores Singulares (método abordado na próxima seção).

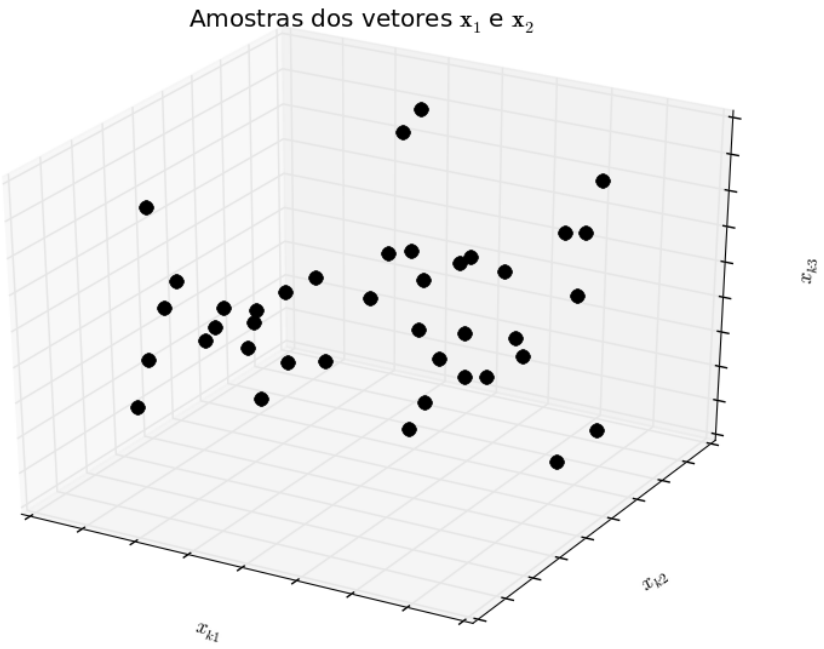
3.1.1 Exemplo da PCA na Redução da Dimensionalidade

Para melhor entendimento deste método e como uma forma de sintetizar sua aplicação, considera-se um exemplo de redução de dimensionalidade. Dado um vetor $\mathbf{x} = [\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2]$, onde $\mathbf{x}_k = [x_{k1}, x_{k2}, x_{k3}]$, $k = 1, 2$, conforme disposição de dados ilustrada na Figura 10, calcula-se primeiro a matriz de covariância $\mathbf{R_x}$ e após sua decomposição em autovalores e autovetores, como ilustrado na Figura 11 (autovetores em vermelho).

A ordenação dos autovetores pelos respectivos autovalores possibilita projetar um vetor $\mathbf{x}$ num espaço de duas dimensões escolhendo-se apenas os dois maiores autovalores. A matriz $\mathcal{J}$ responsável por essa transformação é dada pela equação:

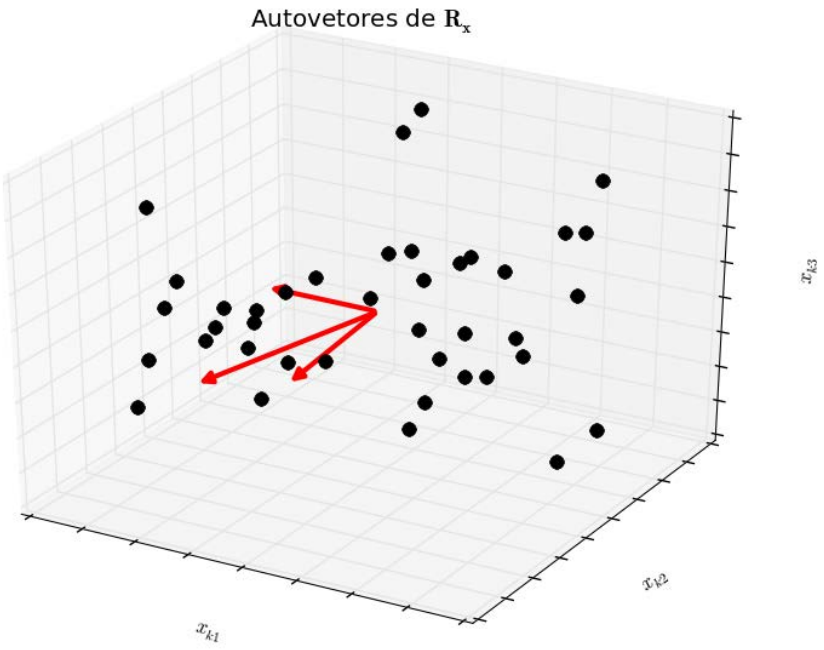
$$\mathcal{J} = [\mathcal{J}(\cdot, 1) \;\; \mathcal{J}(\cdot, 2)]. \tag{16}$$

Figura 10 – Disposição dos dados do vetor $\mathbf{x}$



Fonte: Próprio Autor

Figura 11 – Módulo e Orientação dos autovetores de $\mathbf{R_x}$



Fonte: Próprio Autor

O vetor $\mathbf{y}$, projeção de $\mathbf{x}$ no novo sistema, está ilustrado na Figura 12 onde os dados agora estão descorrelacionados e apenas os valores com maior variância permanecem.

Figura 12 – Projeção do vetor $\mathbf{x}$

Fonte: Próprio Autor

3.2 Decomposição em Valores Singulares

A Decomposição em Valores Singulares (SVD - *Singular Value Decomposition*) é um método de decomposição matricial usado em várias aplicações, sendo que as mais comuns são: cálculo da relação entre norma e número condicional; determinação do posto de uma matriz; decomposição ortogonal; solução do problema dos mínimos quadrados; compressão de dados; cálculo da pseudo-inversa de uma matriz, etc.

De maneira mais direta, o método permite decompor uma matriz $\mathbf{A}$ em um produto de duas matrizes ortogonais e uma diagonal. As colunas das matrizes ortogonais são formadas pelos autovetores de $\mathbf{A}^T\mathbf{A}$ e $\mathbf{A}\mathbf{A}^T$. Os elementos da matriz diagonal são as raízes quadradas dos autovalores correspondentes. Essa decomposição pode também ser vista como uma operação de diagonalização matricial, cuja definição é dada a seguir.

Definição 1. *Uma matriz quadrada* $\mathbf{A}$ *é diagonalizável se* $\mathbf{A} = \mathbf{PDP}^{-1}$*, onde* $\mathbf{D}$ *é uma matriz diagonal.*

Pela noção de semelhança matricial, se $\mathbf{A}$ é uma matriz diagonalizável então, pela definição 1, ela é semelhante à $\mathbf{D}$, ou seja, as duas matrizes têm o mesmo traço, os mesmos autovalores, o mesmo determinante e o mesmo posto (LIPSCHUTZ; LIPSON, 2011).

A decomposição espectral, dada pelo teorema 1, a seguir, enunciado em Watkins (2002) e adaptado aqui para matrizes reais, trata-se de uma diagonalização matricial onde a matriz não diagonal é ortogonal e suas colunas são formadas pelos autovetores da matriz que foi fatorada, enquanto os elementos da matriz diagonal são os autovalores correspondentes. Este teorema é importante porque está associado a SVD quando a decomposição é sobre uma matriz simétrica.

Teorema 1. *(Teorema Espectral) Suponha que* $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{n \times n}$ *seja simétrica. Então existe uma matriz ortogonal* $\mathbf{U}$ *e uma matriz diagonal* $\mathbf{\Lambda}$ *tal que*

$$\mathbf{A} = \mathbf{U\Lambda U}^T \tag{17}$$

sendo que as colunas de $\mathbf{U}$ *são os autovetores de* $\mathbf{A}$ *e os elementos diagonais de* $\mathbf{\Lambda}$*, os autovalores associados.*

Das teorias da álgebra linear sobre autovalores, autovetores e transformações e pelo teorema da decomposição espectral, entende-se que a matriz $\mathbf{A}$ determina uma transformação $T : \mathbb{R}^n \to \mathbb{R}^n$, tal que $T(\mathbf{u}) = \mathbf{Au}$. Dado um autovalor λ associado ao autovetor $\mathbf{u}$, tem-se que $\mathbf{Au} = \lambda\mathbf{u}$. Ambas as equações implicam que $T(\mathbf{u}) = \lambda\mathbf{u}$, ou seja, uma transformação $\mathbf{A}$ cuja decomposição espectral é $\mathbf{A} = \mathbf{U\Lambda U}^T$ mapeia os autovetores $\mathbf{u}$ do $\mathbb{R}^n$ no mesmo vetor, mas dilatado ou comprimido pelo fator λ num espaço também n-dimensional.

De modo semelhante, esse comportamento também ocorre na SVD, diferindo apenas no fato de que o autovetor de uma base é mapeado no autovetor de outra base, mas dilatado ou comprimido, sendo que o valor que determina o quanto será dilatado/comprimido será um valor singular, que é igual a raiz quadrada de um autovalor. A seguir apresenta-se o teorema da SVD numa abordagem geométrica, conforme Watkins (2002).

Teorema 2. *(SVD na forma geométrica) Seja* $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{m \times n}$ *com posto* r*. Existem duas bases ortonormais,* $\{\mathbf{u}_1, \cdots, \mathbf{u}_m\} \in \mathbb{R}^m$ *e* $\{\mathbf{v}_1, \cdots, \mathbf{v}_n\} \in \mathbb{R}^n$*, e valores* $\gamma_1 \geq \cdots \gamma_r > 0$ *de*

tal modo que

$$\mathbf{A}\mathbf{v}_k = \begin{cases} \mathbf{u}_k\gamma_k, & k = 1, \cdots, r \\ 0, & k = r+1, \cdots, n \end{cases} \quad e \tag{18}$$

$$\mathbf{A}^T\mathbf{u}_q = \begin{cases} \mathbf{v}_q\gamma_q & q = 1, \cdots, r \\ 0, & q = r+1, \cdots, m \end{cases} . \tag{19}$$

Se forem considerados todos os vetores das bases mencionadas, as equações (18) e (19) podem ser escritas na forma matricial:

$$\mathbf{A}\begin{bmatrix} \mathbf{v}_1 & \cdots & \mathbf{v}_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{u}_1 & \cdots & \mathbf{u}_m \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \gamma_1 & & & 0 \\ & \ddots & & \\ & & \gamma_r & \\ & & & 0 \\ 0 & & & \ddots \end{bmatrix} \Rightarrow \mathbf{AV} = \mathbf{U\Gamma} \tag{20}$$

$$\mathbf{A}^T\begin{bmatrix} \mathbf{u}_1 & \cdots & \mathbf{u}_m \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{v}_1 & \cdots & \mathbf{v}_n \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \gamma_1 & & & 0 \\ & \ddots & & \\ & & \gamma_r & \\ & & & 0 \\ 0 & & & \ddots \end{bmatrix} \Rightarrow \mathbf{A}^T\mathbf{U} = \mathbf{V\Gamma}. \tag{21}$$

Dada a ortogonalidade de $\mathbf{U}$ e $\mathbf{V}$, as equações (20) e (21) permitem obter a equação (22), que define a SVD na forma completa e equivalente à forma geométrica de uma matriz retangular $\mathbf{A}$, visto que:

$$\begin{aligned} \mathbf{AV} &= \mathbf{U\Gamma} \\ \mathbf{AVV}^T &= \mathbf{U\Gamma V}^T \\ \mathbf{A} &= \mathbf{U\Gamma V}^T. \end{aligned}$$

E

$$\begin{aligned} \mathbf{A}^T\mathbf{U} &= \mathbf{V\Gamma} \\ \mathbf{AUU}^T &= \mathbf{V\Gamma U}^T \\ (\mathbf{A}^T)^T &= (\mathbf{V\Gamma U}^T)^T \\ \mathbf{A} &= \mathbf{U\Gamma V}^T. \end{aligned}$$

Teorema 3. *(SVD na forma completa) Seja* $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{m\times n}$ *de posto* $r = \min(m, n)$ *uma matriz não-nula. Existem matrizes* $\mathbf{U} \in \mathbb{R}^{m\times m}$ *e* $\mathbf{V} \in \mathbb{R}^{n\times n}$ *ortogonais e* $\mathbf{\Gamma} \in \mathbb{R}^{m\times n}$ *diagonal, tal que*

$$\mathbf{A} = \mathbf{U}\mathbf{\Gamma}\mathbf{V}^T \tag{22}$$

sendo $\mathbf{\Gamma} = diag(\gamma_1, \gamma_2, \ldots, \gamma_r, 0, \cdots)$ *satisfazendo a relação*

$$\gamma_i = \sqrt{\lambda_i},\ i = 1, \ldots, r \tag{23}$$

com $\gamma_1 \geq \gamma_2 \geq \ldots \geq \gamma_r > 0$*, e os autovalores* λ_i *são obtidos de* $\mathbf{A}\mathbf{A}^T$ *e* $\mathbf{A}^T\mathbf{A}$*.*

Os escalares γ_i são números positivos denominados de valores singulares de $\mathbf{A}$. $\mathbf{U} = [\mathbf{u}_1 \ldots \mathbf{u}_m]$ é a matriz dos vetores singulares à esquerda de $\mathbf{A}$, que formam uma base para seu espaço-coluna e também são os autovetores de $\mathbf{A}\mathbf{A}^T$. $\mathbf{V} = [\mathbf{v}_1 \ldots \mathbf{v}_n]$ é a matriz dos vetores singulares à direita de $\mathbf{A}$ que são os autovetores de $\mathbf{A}^T\mathbf{A}$ e formam uma base para o espaço-coluna de $\mathbf{A}$.

Para entender como os autovalores de $\mathbf{A}\mathbf{A}^T$ e $\mathbf{A}^T\mathbf{A}$ são os mesmos, considera-se a multiplicação da equação (22) pela direita e após pela esquerda por $\mathbf{A}^T$, obtendo as duas equações a seguir, lembrando que $\mathbf{U}^T\mathbf{U} = \mathbf{I} = \mathbf{V}^T\mathbf{V}$, devido a ortogonalidade.

$$\mathbf{A}\mathbf{A}^T = \mathbf{U}\mathbf{\Gamma}\mathbf{V}^T\mathbf{V}\mathbf{\Gamma}\mathbf{U}^T = \mathbf{U}\mathbf{\Gamma}^2\mathbf{U}^T \tag{24}$$

$$\mathbf{A}^T\mathbf{A} = \mathbf{V}\mathbf{\Gamma}\mathbf{U}^T\mathbf{U}\mathbf{\Gamma}\mathbf{V}^T = \mathbf{V}\mathbf{\Gamma}^2\mathbf{V}^T. \tag{25}$$

Como as equações (24) e (25) são simétricas, porque são produto de uma matriz pela sua transposta (STRANG, 2015), pelo teorema da decomposição espectral e da ortogonalidade de $\mathbf{U}$ e $\mathbf{V}$ e ainda pela equação (23) pode-se concluir que $\mathbf{\Gamma}^2$ é a matriz dos autovalores de $\mathbf{A}\mathbf{A}^T$ e $\mathbf{A}^T\mathbf{A}$, porque substituindo $\mathbf{\Lambda} = \mathbf{\Gamma}^2$ nas equações (24) e (25) tem-se

$$\mathbf{A}\mathbf{A}^T = \mathbf{U}\mathbf{\Lambda}\mathbf{U}^T \tag{26}$$

e

$$\mathbf{A}^T\mathbf{A} = \mathbf{V}\mathbf{\Lambda}\mathbf{V}^T. \tag{27}$$

que é a decomposição espectral dessas matrizes simétricas. Vê-se ainda que quando multiplica-se (24) por $\mathbf{U}$ e (25) por $\mathbf{V}$ ambas pela direita o resultado é:

$$\mathbf{A}\mathbf{A}^T\mathbf{U} = \mathbf{U}\mathbf{\Lambda} \ \Rightarrow \ \mathbf{A}\mathbf{A}^T\mathbf{u}_k = \lambda_i\mathbf{u}_k \tag{28}$$

e

$$\mathbf{A}^T\mathbf{A}\mathbf{V} = \mathbf{V}\mathbf{\Lambda} \;\; \Rightarrow \;\; \mathbf{A}^T\mathbf{A}\mathbf{v}_q = \lambda_i\mathbf{v}_q \tag{29}$$

com $i, k, q = 1, \cdots, r$. Essas equações deixam claro que os autovalores são os mesmos, mas para diferentes autovetores.

A SVD também pode ser apresentada em sua forma condensada, omitindo os elementos diagonais nulos da matriz de valores singulares, e tomando os vetores das bases com tamanho iguais ao posto da matriz a ser decomposta.

Teorema 4. *(SVD na forma condensada) Seja* $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{m\times n}$ *de posto* $r = \min(m, n)$ *uma matriz não-nula. Existem matrizes* $\hat{\mathbf{U}} \in \mathbb{R}^{m\times r}$ *e* $\hat{\mathbf{V}} \in \mathbb{R}^{n\times r}$ *ortogonais e* $\hat{\mathbf{\Gamma}} \in \mathbb{R}^{r\times r}$ *diagonal, tal que*

$$\mathbf{A} = \hat{\mathbf{U}}\hat{\mathbf{\Gamma}}\hat{\mathbf{V}}^T. \tag{30}$$

As três formas de SVD têm como base para o espaço-linha de $\mathbf{A}$, $\{\mathbf{u}_1, \cdots, \mathbf{u}_r\} \in \mathbb{R}^m$ e para o espaço-coluna $\{\mathbf{v}_1, \cdots, \mathbf{v}_r\} \in \mathbb{R}^n$. As bases do espaço nulo de $\mathbf{A}$ e $\mathbf{A}^T$, de ambas formas da SVD (geométrica e completa), são formadas pelos vetores $\{\mathbf{v}_{r+1}, \cdots, \mathbf{v}_n\}$ e $\{\mathbf{u}_{r+1}, \cdots, \mathbf{u}_m\}$, respectivamente (STRANG, 2015). Isso fica evidente quando analisa-se as equações (18) e (19) que são equivalentes àquelas da SVD na forma completa. Para a forma condensada, na verdade o espaço nulo contém apenas o vetor nulo, porque não existem elementos nulos na diagonal principal da matriz de valores singulares, logo não existirá vetores em nenhuma das bases que tenham como imagem o vetor nulo, exceto ele próprio. Isso implica que $q, k = 1, \cdots, r$ nas equações (18) e (19), para essa forma de decomposição.

Sejam $\mathcal{N}(\mathbf{A}) = \{\mathbf{v} \in \mathbf{V} | \mathbf{A}\mathbf{v} = \mathbf{0}\}$ e $\mathcal{N}(\mathbf{A}^T) = \left\{\mathbf{u} \in \mathbf{U} | \mathbf{A}^T\mathbf{u} = \mathbf{0}\right\}$ os núcleos, espaços nulos, das transformações representadas por $\mathbf{A}$ e $\mathbf{A}^T$; $\mathcal{R}(\mathbf{A})$ e $\mathcal{R}(\mathbf{A}^T)$ o espaço-coluna dessas matrizes. Portanto, dadas as afirmações do parágrafo anterior obtêm-se as seguintes relações sobre os subespaços fundamentais da decomposição de uma matriz pela SVD:

$$\mathcal{R}(\mathbf{A}) =< \{\mathbf{u}_1, \cdots, \mathbf{u}_r\} >, \tag{31}$$

$$\mathcal{R}(\mathbf{A}^T) =< \{\mathbf{v}_1, \cdots, \mathbf{v}_r\} >, \tag{32}$$

$$\mathcal{N}(\mathbf{A}) =< \{\mathbf{v}_{r+1}, \cdots, \mathbf{v}_n\} >, \tag{33}$$

e

$$\mathcal{N}(\mathbf{A}^T) =< \{\mathbf{u}_{r+1}, \cdots, \mathbf{u}_n\} > \;, \tag{34}$$

onde $< \{\cdot\} >$ significa o espaço gerado por $\{\cdot\}$.

3.2.1 Decomposição Espectral e em Valores Singulares

Anteriormente foi dito que a decomposição espectral se associa a SVD quando a matriz que se pretende decompor é simétrica. Se $\mathbf{A}$ é simétrica então

$$\mathbf{A} = \mathbf{A}^T. \tag{35}$$

Tomando a SVD dessas matrizes obtêm-se

$$\mathbf{A} = \mathbf{U\Gamma V}^T \tag{36}$$

e

$$\mathbf{A}^T = \mathbf{V\Gamma U}^T. \tag{37}$$

Utilizando a simetria de $\mathbf{A}$, conforme equação (35), as equações (36) e (37) fornecem a igualdade

$$\mathbf{U\Gamma V}^T = \mathbf{V\Gamma U}^T \tag{38}$$

que conduz a conclusão de que $\mathbf{U} = \mathbf{V}$ e a SVD de uma matriz simétrica $\mathbf{A}$ é escrita como

$$\mathbf{A} = \mathbf{U\Gamma U}^T. \tag{39}$$

Uma matriz simétrica cuja decomposição interessa ao desenvolvimento do método que será descrito nas próximas seções, é a matriz de covariância, que é obtida de uma matriz de dados $\mathbf{X}$ como

$$\mathbf{R_X} = \frac{1}{p}\mathbf{XX}^T, \tag{40}$$

sendo que p é a quantidade de linhas de $\mathbf{X}$.

A SVD da matriz de covariância é obtida utilizando o resultado da equação (24), substituindo $\mathbf{A}$ por $\mathbf{X}$:

$$\mathbf{R_X} = \frac{1}{p}\mathbf{U\Gamma}^2\mathbf{U}^T. \tag{41}$$

Analisando as equações (39) e (41), que apresentam as decomposições de matrizes simétricas, percebe-se que a matriz de valores singulares na segunda equação está elevada ao quadrado mas na primeira não está. Isso não contradiz o resultado, pois deve-se notar que na equação (41) a matriz de valores singulares é dividida por p, o que implicada na

igualdade $\mathbf{\Gamma} = \mathbf{\Upsilon}$, tomando-se $\mathbf{\Upsilon} = \frac{1}{p}\mathbf{\Gamma}^2$, o que conduz a decomposição da matriz de covariância, anteriormente estabelecida, como

$$\mathbf{R_X} = \mathbf{U}\mathbf{\Upsilon}\mathbf{U}^T. \tag{42}$$

Este resultado mostra que a decomposição de $\mathbf{R_X}$ tem a mesma forma de uma matriz simétrica qualquer, exibida na equação (39). No entanto, os valores singulares da matriz de covariância, são obtidos elevando ao quadrado os valores singulares e dividindo pela quantidade de linhas da matriz de dados. Na seção que compara a PCA com a SVD essa decomposição, aqui obtida, será de extrema valia.

3.2.2 Uma Interpretação Geométrica

Uma interpretação geométrica comum dada a SVD é considerar uma matriz $\mathbf{A}$ representando uma transformação linear, ou seja, dada uma entrada $\mathbf{x}$, obtém-se a partir de $\mathbf{A}$ uma saída $\mathbf{y}$ como segue:

$$\mathbf{y} = \mathbf{A}\mathbf{x}. \tag{43}$$

Escrevendo a equação (43) como a SVD da matriz de transformação, a saída é obtida da seguinte forma:

$$\mathbf{y} = \mathbf{U}\mathbf{\Gamma}\mathbf{V}^T\mathbf{x}\ . \tag{44}$$

A equação (44) representa as transformações sucessivas realizadas pelos três subsistemas $\mathbf{V}^T$, $\mathbf{\Gamma}$ e $\mathbf{U}$. Porém, é preciso saber qual o efeito nos dados na saída de cada subsistema.

Como as colunas de $\mathbf{U}$ e $\mathbf{V}$ são ortonormais, elas formam bases nos respectivos espaços vetoriais. Sendo assim, a saída do primeiro subsistema, i.e., $\mathbf{z}_1 = \mathbf{V}^T\mathbf{x}$ estará alinhada com os eixos do novo sistema de coordenadas fornecido pela base formada pelas colunas de $\mathbf{V}^T$. O efeito final será uma rotação dos eixos originais.

A saída do segundo subsistema, $\mathbf{z}_2 = \mathbf{\Gamma}\mathbf{V}^T\mathbf{x}$, estará na mesma base que a anterior, mas os dados estarão dilatados na direção do eixo deste novo sistema que é multiplicada pelo menor valor singular, e comprimidos, quando o eixo é multiplicado pelo maior valor singular. No caso de um sistema bidimensional, por exemplo, o escalonamento dos dados é visto como uma elipse, cujo maior eixo é aquele que foi multiplicado pelo maior valor singular (veja exemplo na Figura 16).

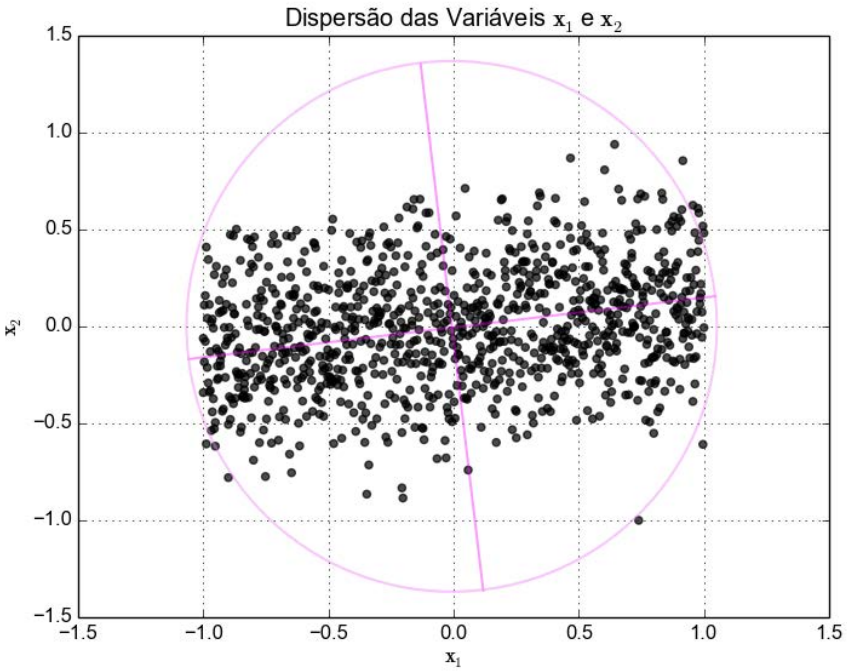
O efeito introduzido pelo último subsistema, $\mathbf{U\Gamma V}^T$, será o mesmo do primeiro, ou seja, uma rotação, mas com as variáveis na base de $\mathbf{U}$. É claro que nesta etapa deve ser verificado que, se $\mathbf{z}_3 = \mathbf{U\Gamma V}^T$, então $\mathbf{z}_3 = \mathbf{y}$.

Um simples exemplo ilustrativo do que foi mencionado considera uma entrada $\mathbf{x} = [\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2]$ e uma matriz de transformação linear dada por:

$$\mathbf{A} = \begin{bmatrix} 0.63 & -0.54 \\ 0.94 & 0.52 \end{bmatrix}.$$

Na Figura 13 exibe-se a distribuição dos dados $\mathbf{x}$ e na Figura 14 mostra-se a distribuição de $\mathbf{y}$ após a transformação por $\mathbf{A}$. Pretende-se mostrar nos passos a seguir o que foi dito anteriormente sobre cada subsistema resultante da decomposição SVD de $\mathbf{A}$.

Figura 13 – Gráfico de Dispersão de $\mathbf{x}$

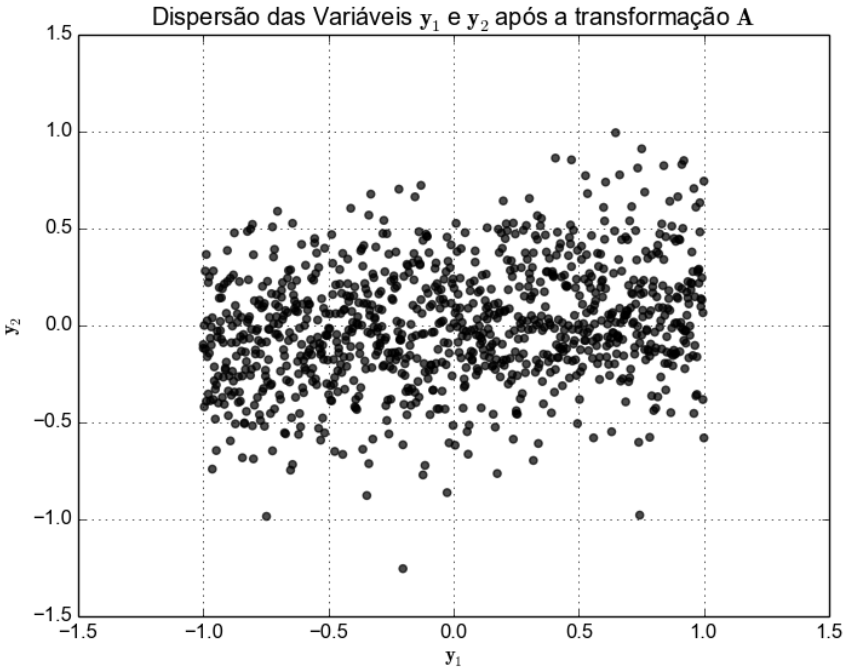


Fonte: Próprio Autor

A multiplicação das variáveis de $\mathbf{x}$ pela matriz $\mathbf{V}^T$ tem o efeito de rotacionar os dados, alinhando-os no sentido dos vetores definidos pelas colunas dessa matriz. Na Figura 15 esse fato é destacado, onde os vetores em azul e vermelho são as colunas de

$$\mathbf{V}^T = \begin{bmatrix} -0.98 & -0.19 \\ -0.19 & 0.98 \end{bmatrix}.$$

Figura 14 – Gráfico de Dispersão de $\mathbf{Ax}$



Fonte: Próprio Autor

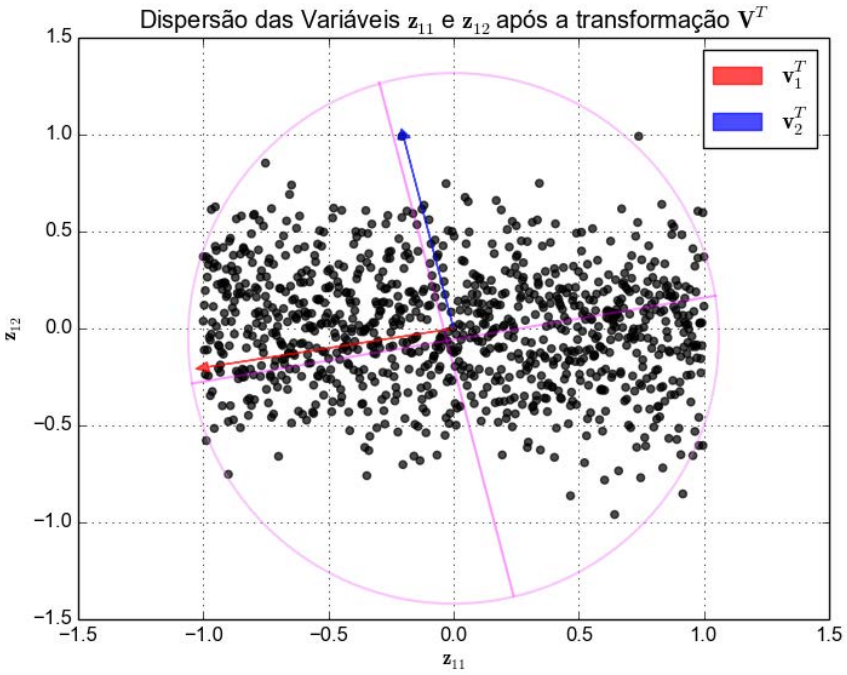
A circunferência de cor rosa claro na Figura 15, mostra o alinhamento dos dados com o novo sistema de coordenadas definido por $\mathbf{V}^T$ e servirá para comparar ao efeito introduzido pela multiplicação com a matriz de valores singulares, exibido na Figura 16, onde uma elipse tomou seu lugar.

Após a rotação, a distribuição dos dados é comprimida pelo fator γ_1 (maior valor singular) no sentido do vetor com menor magnitude de $\mathbf{V}^T$ e dilatada, por γ_1, no sentido do vetor de maior magnitude. A Figura 16 retrata bem esse efeito, observando como o vetor em azul diminui e o vermelho aumenta em módulo, e como a distribuição dos dados nessas direções é afetada. A matriz de valores singulares é

$$\mathbf{\Gamma} = \begin{bmatrix} 1.15 & 0 \\ 0 & 0.73 \end{bmatrix}.$$

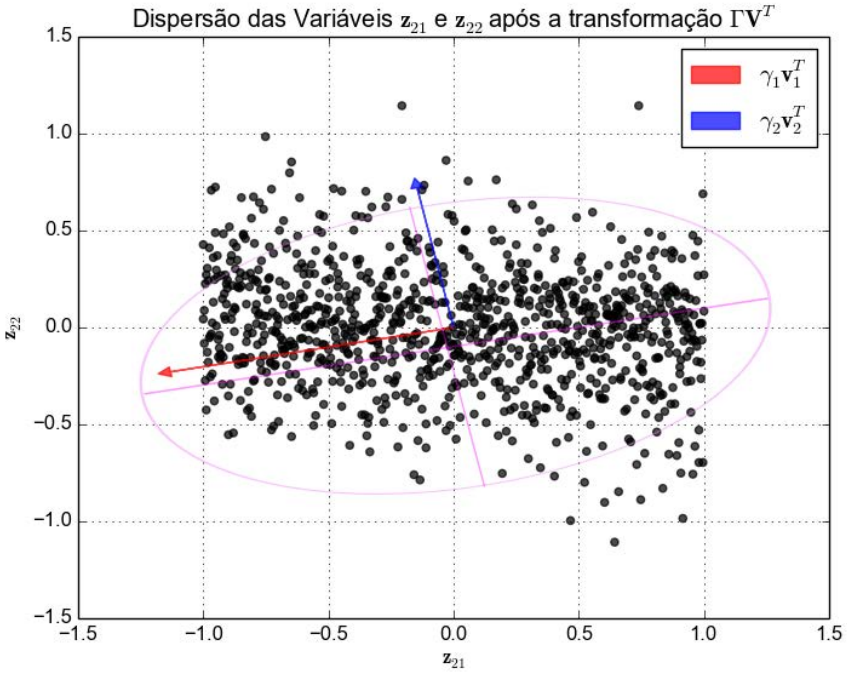
Por último, os dados são rotacionados novamente, mas agora estão comprimidos em uma direção e dilatados em outra. A Figura 17, como já era esperado, apresenta a mesma distribuição dos dados da Figura 14, pois é o último subsistema implementado.

Figura 15 – Gráfico de Dispersão após $\mathbf{V}^T\mathbf{x}$



Fonte: Próprio Autor

Figura 16 – Gráfico de Dispersão após $\mathbf{\Gamma V}^T\mathbf{x}$

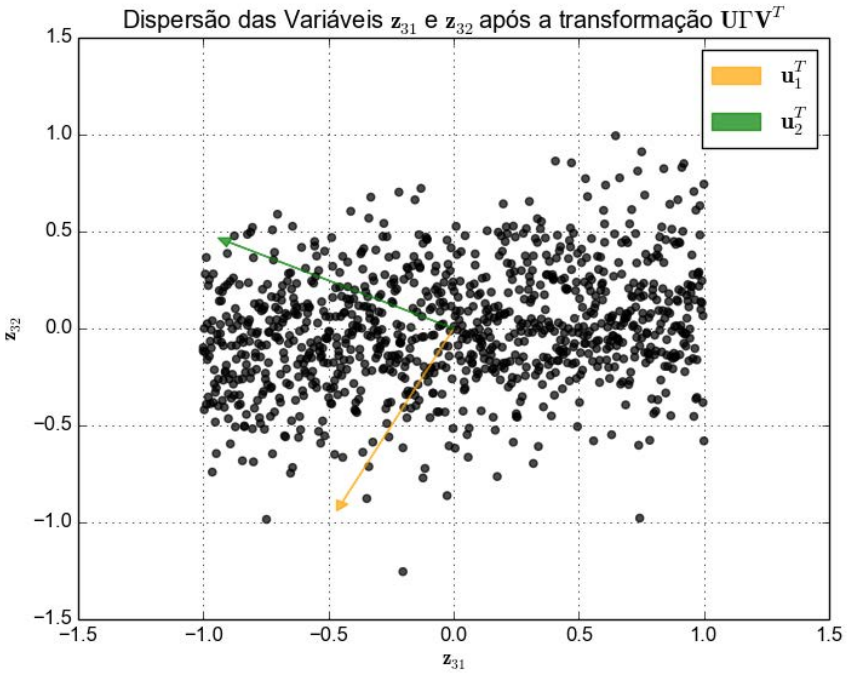


Fonte: Próprio Autor

Essa matriz de rotação tem os seguintes valores

$$\mathbf{U} = \begin{bmatrix} -0.44 & -0.89 \\ -0.89 & 0.44 \end{bmatrix}.$$

Figura 17 – Gráfico de Dispersão após $\mathbf{U\Gamma V}^T\mathbf{x}$



Fonte: Próprio Autor

3.2.3 PCA através da SVD

Como visto no início desta seção, a PCA fornece uma matriz $\mathcal{J}$ que projeta um conjunto de dados $\mathbf{x}$ em outro $\mathbf{y}$, onde o primeiro eixo de sistema representa a maior variabilidade dos dados e os demais eixos são ortogonais ao anterior e têm a menor variabilidade dos dados em ordem descendente. Nesta subseção pretende-se encontrar essa matriz $\mathcal{J}$ utilizando a SVD e mostrar como as componentes principais entram nesse processo de decomposição.

Primeiro, deve-se lembrar que as colunas de $\mathcal{J}$ são os autovetores da matriz de autocovariância $\mathbf{R_X}$. Seja a SVD de uma matriz de dados $\mathbf{X} \in \mathbb{R}^{m\times n}$, como $\mathbf{X} = \mathbf{U\Gamma V}^T$; comparando a decomposição dada na equação (42) conclui-se que $\mathbf{X}$ e $\mathbf{R_X}$ compartilham os mesmos autovetores, mas associados a autovalores distintos, de modo que:

$$\mathcal{J} = \mathbf{U}. \tag{45}$$

A equação (15) fornece as componentes principais, dada a matriz de dados e a transformação linear ortogonal $\mathcal{J}$. Considerando as variáveis citadas nesta subseção e tomando a SVD dessa equação tem-se

$$\begin{aligned} \mathbf{Y} &= \mathcal{J}^T\mathbf{X} \\ &= \mathbf{U}^T\mathbf{U}\mathbf{\Gamma}\mathbf{V}^T \\ &= \mathbf{\Gamma}\mathbf{V}^T, \end{aligned} \tag{46}$$

onde $\mathbf{\Gamma} \in \mathbb{R}^{m\times n}$ e $\mathbf{V} \in \mathbb{R}^{n\times n}$.

A equação (46) conduz a conclusão de que as componentes principais serão dadas pelo produto dos valores singulares pela matriz ortogonal de rotação. A etapa de ordenação pela maior variância, que ocorre na PCA, na SVD é realizada naturalmente, porque, por definição, os valores singulares são ordenados pelo seu valor em ordem decrescente. Se o objetivo for a redução da dimensionalidade dos dados, basta tomar q linhas de $\mathbf{\Gamma}$ tal que $q < m$.

3.2.4 SVD na Forma de Multirresolução

De forma similar à análise multirresolução proporcionada pela Teoria *Wavelet* (DAUBECHIES, 1992), tem-se a Decomposição em Valores Singulares na Forma de Multirresolução (MRSVD - *Multiresolution Singular Value Decomposition*) proposta por Kakarala e Ogunbona (2001). Para compreendê-la é preciso entender alguns conceitos gerais de processamento de sinais.

3.2.4.1 Banco de Filtros

Um banco de filtros é capaz de decompor um sinal em várias faixas de frequência, o que é desejável em numerosas aplicações (DINIZ; SILVA; NETTO, 2010). As aplicações envolvem, normalmente, Filtro Espelhado em Quadratura (QMF - *quadrature mirror filter*) ou Filtro em Quadratura Conjugada (CQF - *conjugate quadrature mirror*), que se diferenciam apenas pelos valores dos coeficientes, mas mantendo a mesma estrutura de implementação (WEEKS, 2012).

No caso do banco de filtros de dois canais, uma dada entrada $\mathbf{x}(t)$ é submetida a ambos canais, que implementam a filtragem passa-baixa (LPF - *Low-pass Filter*) e passa-alta (HPF - *High-pass Filter*). Essa primeira etapa é denominada de "análise",

e nela o sinal é decomposto em duas bandas de frequência distintas. Logo após essa decomposição algum processamento específico pode ser realizado sobre as componentes do sinal ou apenas alguma informação é extraída. Feito isso, é realizado um processo inverso ao da decomposição, para que o sinal seja reconstruído - etapa denominada de "síntese".

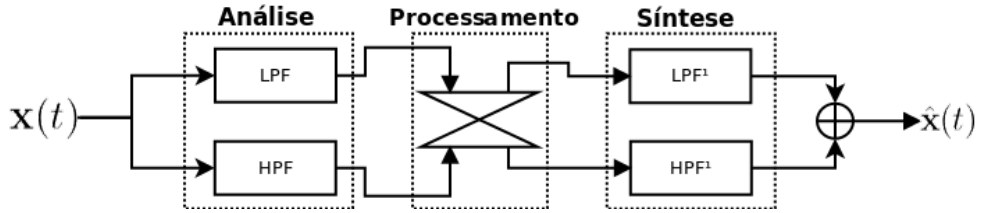
A reconstrução do sinal depende essencialmente da escolha dos coeficientes dos filtros. Para os filtros de análise por exemplo, em um banco do tipo QMF, uma escolha possível é $\mathbf{h} = \{-b, a\}$ para o HPF e $\mathbf{l} = \{-a, -b\}$ para LPF, sendo $a, b > 0$, que em formato matricial, para o banco de análise, é igual a (WEEKS, 2012):

$$\begin{bmatrix} -a & -b \\ -b & a \end{bmatrix}.$$

É claro que a, b não podem ser quaisquer, mas devem ser escolhidos baseados em algum critério que está no escopo deste trabalho. As relações fixadas são apenas para ressaltar os sinais dos números, que serão importantes na próxima subseção.

A Figura 18, exibe a estrutura do banco de filtros de dois canais dando uma ideia geral do processo de decomposição, onde HPF^1 e LPF^1 são os filtros inversos. Nela não constam as etapas de subamostragem e sobreamostragem que são comuns na implementação de bancos de filtros, sendo que essas estão localizadas após os a aplicação dos filtros, na etapa de análise, e antes deles, na de síntese, respectivamente

Figura 18 – Banco de filtros de dois canais



Fonte: Próprio Autor

Para o caso de decomposição em multirresolução, a saída do canal que implementa LPF é fornecida como entrada para um novo banco de filtros. Esse processo pode ser repetido até um nível de resolução desejado. Há também implementações onde a saída do canal HPF é submetida novamente a entrada do banco de filtros, que é o caso da *Wavelet packets* (OLIVEIRA, 2007).

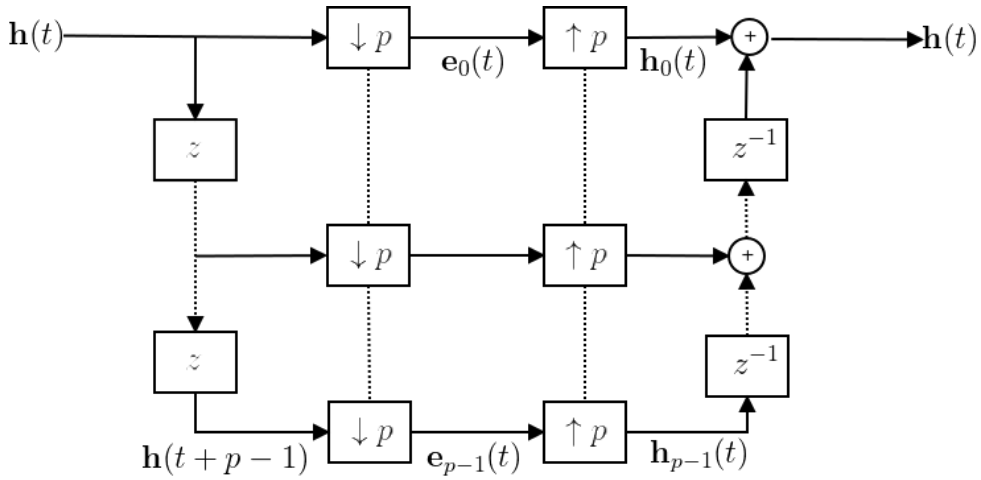
3.2.4.2 Decomposição Polifásica

Considera-se a decomposição da sequência $\mathbf{x}(t)$, que é obtida por uma superposição de p subsequências, cada uma consistindo do p-ésimo valor de sucessivas versões atrasadas no tempo, onde a resposta ao impulso pode ser decomposta em k subsequências conforme a relação (OPPENHEIM; SCHAFER; BUCK, 1998):

$$\mathbf{h}_k(t) = \begin{cases} \mathbf{h}(t+k), & t = rp \\ 0, & t \neq rp \end{cases} \quad r \in \mathbb{Z}. \tag{47}$$

O diagrama de blocos na Figura 19, dá uma ideia geral dessa decomposição, onde $\mathbf{e}_k(t) = \mathbf{h}_k(tp)$ são as componentes polifásicas após a subamostragem com fator p, $(\downarrow p)$.

Figura 19 – Decomposição Polifásica



Fonte: Adaptado de Oppenheim, Schafer e Buck (1998)

A resposta ao impulso $\mathbf{h}(t)$ pode ser escrita como a seguinte soma das subsequências:

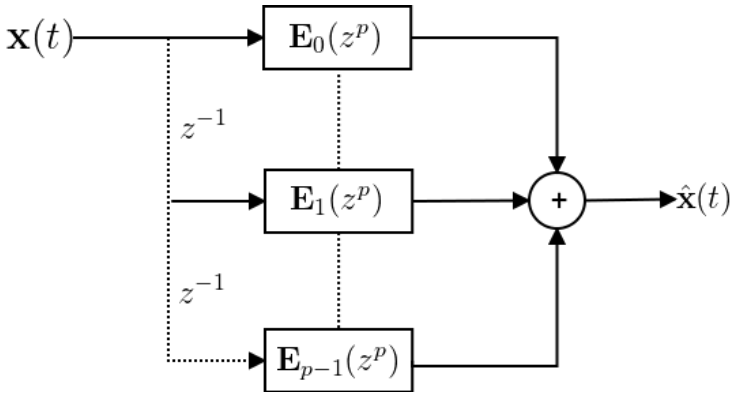
$$\mathbf{h}(t) = \sum_{k=0}^{p-1} \mathbf{h}_k(t-k), \tag{48}$$

que tem como transformada z a equação a seguir, que representa a função de transferência de um sistema como a soma das componentes polifásicas no domínio z.

$$\mathbf{H}(z) = \sum_{k=0}^{p-1} \mathbf{E}_k(z^p) z^{-k}. \tag{49}$$

Sendo assim, para uma certa entrada $\mathbf{x}(t)$ e saída $\hat{\mathbf{x}}(t)$, um sistema cuja resposta em frequência seja dada por $\mathbf{H}(z)$ pode ser visto como a estrutura em diagrama de blocos exibida na Figura 20.

Figura 20 – Função de transferência em termos das componentes polifásicas



Fonte: Adaptado de Oppenheim, Schafer e Buck (1998)

Pensando em termos das sequências de entrada e saída deste sistema, pode-se escrever a saída como a soma do produto de uma sequência de matrizes $p \times p$ pelo sinal de entrada deslocado. Aqui faz-se uma abordagem diferente daquela proposta por Kakarala e Ogunbona (2001), expressando a saída em termos das componentes polifásicas:

$$\hat{\mathbf{x}}(t) = \sum_{k=0}^{p-1} \mathbf{E}_k(z^p)\mathbf{x}(t-k). \tag{50}$$

No entanto, a ideia subjacente à MRSVD tem início considerando que a função sistema, representada na equação (50) pelo filtro polifásico, é constante, ou seja, não existe deslocamento do sinal, mas apenas subamostragem. Essa imposição ao sistema é resumida na equação a seguir:

$$\mathbf{E}_k(z^p) = \begin{cases} \mathbf{M}, & k = 0 \\ 0, & k \neq 0 \end{cases}. \tag{51}$$

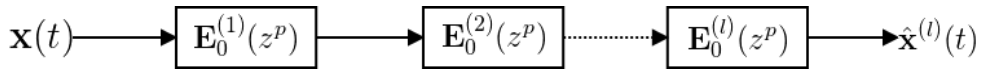
Da restrição imposta pela equação (51) e da análise do diagrama de blocos da Figura 20, entende-se que o sistema pode ser sintetizado considerando apenas a parte de cima daquele diagrama, ou seja, a saída seria expressa como

$$\hat{\mathbf{x}}(t) = \mathbf{E}_0(z^p)\mathbf{x}(t). \tag{52}$$

Como o objetivo é aplicar aquele filtro recursivamente à saída do sistema, então o diagrama de blocos apresentado na Figura 21 representa o que acontece quando é feita a análise de multirresolução, onde (l) representa o nível de resolução. Observe que a saída no nível l, $\hat{\mathbf{x}}^{(l)}(t)$, deverá ter $n/2^l$ elementos, sendo n o tamanho da sequência inicial de entrada,

pois a filtragem realizada implica em subamostragem do sinal de entrada, conforme ficou claro na Figura 19.

Figura 21 – Análise multirresolução de uma sequência



Fonte: Próprio Autor

Por aquilo que foi estipulado, em forma matricial, tem-se a seguinte relação entrada-saída para o sistema em questão, para o primeiro nível de resolução:

$$\hat{\mathbf{X}} = \mathbf{M}\mathbf{X} \ , \tag{53}$$

quando $\mathbf{x}(t)$ é separado em duas subsequências, conforme será especificado na próxima seção.

3.2.4.3 MRSVD

Na subseção precedente mostrou-se que a função de transferência do sistema da equação (53) é uma matriz constante $\mathbf{M}$. Para encontrá-la, toma-se a SVD da matriz de entrada $\mathbf{X}$, que já foi estabelecida na equação (22), que é:

$$\mathbf{X} = \mathbf{U}\boldsymbol{\Gamma}\mathbf{V}^T. \tag{54}$$

Dada a ortogonalidade de $\mathbf{U}$ pode-se escrever a relação

$$\mathbf{U}^T\mathbf{X} = \boldsymbol{\Gamma}\mathbf{V}^T. \tag{55}$$

Atribuindo a $\hat{\mathbf{X}}$ o valor do lado direito dessa equação, tem-se portanto

$$\hat{\mathbf{X}} = \mathbf{U}^T\mathbf{X}. \tag{56}$$

onde a matriz $\mathbf{M}$ que se procura é $\mathbf{U}^T$.

Desse modo, para uma certa entrada $\mathbf{X}$, a decomposição fornecida pela SVD produz a matriz $\hat{\mathbf{X}}$, que contém a decomposição em sub-banda da entrada, e $\mathbf{U}^T$ que representa o filtro polifásico de descorrelação.

Para entender melhor como $\mathbf{U}^T$ pode descorrelacionar a entrada considera-se a matriz $\bar{\mathbf{X}}$, que é a entrada $\mathbf{X}$ com a média removida. O produto

$$\mathbf{T} = \bar{\mathbf{X}}\bar{\mathbf{X}}^T \tag{57}$$

nada mais é que uma estimativa da matriz de covariância, que é denominada de matriz de dispersão (KAKARALA; OGUNBONA, 2001), que, por ser simétrica, sabe-se que admite uma decomposição da forma

$$\mathbf{T} = \mathbf{U}\mathbf{\Lambda}\mathbf{U}^T. \tag{58}$$

Se a saída do sistema quando a entrada tiver a média removida for $\mathbf{Y}$, então lembrando da PCA, que utiliza os autovetores da matriz de covariância para descorrelacionar os dados, tem-se que

$$\mathbf{Y} = \mathbf{U}^T\bar{\mathbf{X}}. \tag{59}$$

A equação (59) é igual a equação (56), exceto pela média que foi removida. Portanto, se for considerado que a entrada terá sua média removida, $\mathbf{U}^T$ será um filtro de descorrelação, o que implica que as componentes em sub-banda de $\hat{\mathbf{X}}$ estarão descorrelacionadas. Para o método proposto de detecção dos complexos QRS, já que somente a componente de detalhe será utilizada, não importa se essa está descorrelacionada, logo, ao implementar a MRSVD não será necessário remover a média.

Feitas as considerações iniciais, pode-se agora estabelecer o procedimento para a MRSVD, ou seja, generalizar o processo anterior para vários níveis de resolução.

Dada uma sequência de entrada finita do tipo $\mathbf{x}(t) = [x(1), x(2), \cdots, x(n)]$, onde n é divisível por $2^L, L \geq 1$, primeiro organiza-se este vetor em uma matriz de dados $\mathbf{X}_1$, onde 1 denota o nível de decomposição, sendo que a primeira linha terá os elementos de índice ímpar e a segunda, aqueles de índice par, de acordo com o que foi proposto por (KAKARALA; OGUNBONA, 2001):

$$\mathbf{X}_1 = \begin{bmatrix} x(1) & x(3) & \cdots & x(n-1) \\ x(2) & x(4) & \cdots & x(n) \end{bmatrix}. \tag{60}$$

O próximo passo é remover a média dessa matriz[1], para que o filtro $\mathbf{U}_1^T$ forneça componentes em sub-banda descorrelacionadas. Isso é feito multiplicando $\mathbf{X}_1$ pela matriz $\mathbf{H}_n$ que é assim definida (KAKARALA; OGUNBONA, 2001):

$$\mathbf{H}_n = \mathbf{I}_n - \frac{1}{n}\mathbf{e}_n\mathbf{e}_n^T, \tag{61}$$

sendo $\mathbf{e}_n$ um vetor coluna unitário de comprimento n.

[1] Tal algoritmo pode ser desenvolvido também sem a remoção da média, mas neste caso não haverá garantia de descorrelação das componentes de sub-banda.

Na sequência, o filtro de descorrelação é obtido a partir da autodecomposição da matriz de dispersão $\mathbf{T}$, vista na equação (57). Como essa matriz é simétrica, ela admite a seguinte SVD (resultado obtido na equação (24)):

$$\mathbf{T} = \mathbf{U}_1 \mathbf{\Gamma}^2 \mathbf{U}_1^T, \tag{62}$$

onde $\mathbf{\Gamma}^2 = diag(\gamma_1^2, \gamma_2^2)$ tem os quadrados dos dois valores singulares da decomposição, sendo ainda que $\gamma_1 \geq \gamma_2$ pela própria definição de SVD.

Obtido o filtro, a matriz de saída que contém a decomposição em sub-banda pode ser calculada conforme equação (56). Em sua primeira linha encontra-se o sinal de "aproximação" de $\mathbf{x}(t)$, que aqui é simbolizado por $\phi_1(t) = \hat{\mathbf{X}}_1(1, \cdot)$, e na segunda linha a componente de "detalhe", simbolizada por $\psi_1(t) = \hat{\mathbf{X}}_1(2, \cdot)$.

Para que $\hat{\mathbf{X}}_1(1, \cdot)$ corresponda, de fato, a componente de aproximação, é necessário que a primeira coluna de $\mathbf{U}_1$ seja um filtro passa-baixa, ou seja, que seus valores tenham o mesmo sinal (KAKARALA; OGUNBONA, 2001). O mesmo raciocínio vale para a componente de detalhe, mas deve-se ter um filtro passa-alta, i.e., que os valores da segunda coluna tenham sinais diferentes, já que

$$\hat{\mathbf{X}}_1(1, \cdot) = \mathbf{U}_1(1, \cdot)^T \mathbf{X}_1(1, \cdot) \tag{63}$$

e

$$\hat{\mathbf{X}}_1(2, \cdot) = \mathbf{U}_1(2, \cdot)^T \mathbf{X}_1(2, \cdot). \tag{64}$$

Como $\mathbf{U}$ é ortogonal, então suas colunas formam um conjunto ortonormal, o que implica que

$$\langle \mathbf{U}(\cdot, i), \mathbf{U}(\cdot, j) \rangle = \begin{cases} 1, & i = j \\ 0, & i \neq j \end{cases}, \tag{65}$$

sendo $\langle \cdot, \cdot \rangle$ o produto interno usual. Assim, no caso de uma sequência de entrada unidimensional, a matriz $\mathbf{U}$ terá dimensão 2×2 e, portanto,

$$\mathbf{U}(1,1)\mathbf{U}(2,1) + \mathbf{U}(1,2)\mathbf{U}(2,2) = 0, \tag{66}$$

$$\mathbf{U}(1,1)^2 + \mathbf{U}(1,2)^2 = 1, \tag{67}$$

e

$$\mathbf{U}(2,1)^2 + \mathbf{U}(2,2)^2 = 1. \tag{68}$$

Pela equação (66), a matriz $\mathbf{U}$ deve admitir as seguintes configurações de sinais:

$$\begin{bmatrix} + & + \\ + & - \end{bmatrix} \text{ ou } \begin{bmatrix} - & - \\ - & + \end{bmatrix}$$
(a) (b)

ou

$$\begin{bmatrix} + & + \\ - & + \end{bmatrix} \text{ ou } \begin{bmatrix} - & - \\ + & - \end{bmatrix}$$
(c) (d)

.

As configurações (a) e (b) satisfazem a relação de sinais esperada para que tenham-se filtros passa-baixa, na primeira coluna, e passa-alta, na segunda coluna, na matriz filtro $\mathbf{U}^T$. Se ocorrer as configurações (c) e (d), o que antes era componente de aproximação será detalhe e vice-versa. Isso não é o ideal. A explicação dada no parágrafo a seguir esclarece tal escolha.

> *Every positive semidefinite matrix* $\mathbf{W}$ *has an eigen-decomposition* $\mathbf{W} = \mathbf{U}\mathbf{\Lambda}\mathbf{U}^T$*, where* $\mathbf{U}$ *is an orthogonal matrix of eigenvectors, and* $\mathbf{\Lambda}$ *is the diagonal matrix of eigenvalues arranged in decreasing order. Noting that if* $\mathbf{u}$ *is an eigenvector of* $\mathbf{W}$ *with eigenvalue* λ*, then so is* $-\mathbf{u}$*, we henceforth assume without loss of generality that the first nonzero element of each eigenvector is positive.* (KAKARALA; OGUNBONA, 2001)

Agora pode-se generalizar a MRSVD para diferentes níveis de resolução $l = 1, \cdots, L$, onde L é o último nível da decomposição.

As componentes de aproximação e detalhes terão, respectivamente, as formas

$$\phi_l(t) = [\phi_l(1) \ \cdots \ \phi_l(n_l)] \tag{69}$$

e

$$\psi_l(t) = [\psi_l(1) \ \cdots \ \psi_l(n_l)], \tag{70}$$

sendo que $n_l = n/2^l$ e n é o tamanho do sinal $\phi_l(t)$.

Para iniciar a decomposição, o sinal (vetor) unidimensional de entrada é atribuído a ϕ_0, assim:

$$\phi_0 = \mathbf{x}(t). \tag{71}$$

Em seguida, a componente de aproximação no nível zero, tem seus elementos separados em duas linhas na matriz $\mathbf{X}_1$ no primeiro nível da decomposição, conforme anteriormente estabelecido. As demais matrizes são calculadas como já mencionado. Ao final da primeira interação, ϕ_1 recebe os valores da primeira linha da matriz de decomposição em sub-banda $\hat{\mathbf{X}}$ e o procedimento é repetido novamente, mas agora para os valores de ϕ_1. A seguir resume-se esse procedimento, conforme Kakarala e Ogunbona (2001).

$$\mathbf{X}_l = \begin{bmatrix} \phi_{l-1}(1) & \phi_{l-1}(3) & \cdots & \phi_{l-1}(2n_l - 1) \\ \phi_{l-1}(2) & \phi_{l-1}(4) & \cdots & \phi_{l-1}(2n_l) \end{bmatrix}, \tag{72}$$

$$\bar{\mathbf{X}}_l = \mathbf{X}_l \mathbf{H}_{n_l}, \tag{73}$$

$$\mathbf{T}_l = \mathbf{U}_l \mathbf{\Gamma}_l^2 \mathbf{U}_l^T, \tag{74}$$

$$\hat{\mathbf{X}}_l = \mathbf{U}_l^T \bar{\mathbf{X}}_l, \tag{75}$$

$$\phi_l = \hat{\mathbf{X}}_l(1, \cdot), \tag{76}$$

$$\psi_l = \hat{\mathbf{X}}_l(2, \cdot). \tag{77}$$

Portanto, a MRSVD pode ser escrita como a seguinte transformação

$$\mathbf{X} \longrightarrow \left\{ \phi_L, \{\psi_l\}_{l=1}^{L}, \{\mathbf{U}_l\}_{l=1}^{L} \right\}. \tag{78}$$

Até aqui foi abordada apenas a análise do sinal, ou seja, metade da estrutura do banco de filtros exibido na Figura 18 foi implementada. Para realizar a síntese deve-se calcular as matrizes nas equações (72) a (77), no sentido inverso, dados os valores resultantes da transformação (78).

Assim, o primeiro passo para reconstrução do sinal é obter $\hat{\mathbf{X}}_l$, conforme equações (75) a (77). Após, esse valor é multiplicado pela matriz $\mathbf{U}_l$ resultando em $\bar{\mathbf{X}}_l$, equação (75). A equação (74) não necessita ser calculada na síntese. O penúltimo passo, é obter $\mathbf{X}_l$ e, para isso, a matriz $\mathbf{H}_{nl}$ deve ser calculada utilizando a relação dada na equação (61), que não depende de valores obtidos na análise. Obtida a matriz de dados no nível l, $\mathbf{X}_l$, esta é reordenada para formar ϕ_{l-1}. Para o nível $l-1$ utiliza-se o valor de ψ_{l-1}

armazenado na análise e o valor da componente de aproximação resultante dos cálculos realizados no nível l. O procedimento é repetido sucessivamente até que $l = 1$.

3.2.4.4 Interpretação

Até aqui foi visto que a MRSVD proporciona, em cada nível de resolução, três matrizes que contêm informações importantes sobre os sinais nesses diferentes níveis. São elas: $\hat{\mathbf{X}}_l$, a decomposição em sub-banda; $\mathbf{U}_l$ o filtro de descorrelação; e $\mathbf{\Gamma}$ a matriz de valores singulares.

Em primeiro lugar, a matriz de covariância da decomposição em sub-banda no l-ésimo nível é dada por

$$\mathbf{R}_{\hat{\mathbf{X}}_l} = \frac{1}{N}\hat{\mathbf{X}}_l\hat{\mathbf{X}}_l^T. \tag{79}$$

Substituindo em (79) as equações (75) e (57), sucessivamente, obtém-se

$$\begin{aligned}\mathbf{R}_{\hat{\mathbf{X}}_l} &= \frac{1}{N}\mathbf{U}_l^T\bar{\mathbf{X}}_l\bar{\mathbf{X}}_l^T\mathbf{U}_l \\ &= \frac{1}{N}\mathbf{U}_l^T\mathbf{T}_l\mathbf{U}_l \\ &= \mathbf{U}_l^T\mathbf{U}_l\mathbf{\Gamma}_l^2\mathbf{U}_l^T\mathbf{U}_l \\ &= \frac{1}{N}\mathbf{\Gamma}_l^2\ .\end{aligned} \tag{80}$$

Esse resultado implica que as variâncias das componentes de aproximação e detalhe são proporcionais ao quadrado dos valores singulares, e elas estão relacionadas em cada subnível, conforme Kakarala e Ogunbona (2001), pela relação

$$(\gamma_1^2)_{l+1} + (\gamma_2^2)_{l+1} \leq (\gamma_1^2)_l. \tag{81}$$

Na prática, observa-se que os valores singulares da componente de aproximação são menores a cada subnível, enquanto aqueles da componente de detalhe são maiores assegurando a obtenção da igualdade dada pela equação (81). Este fato pode ser observado nas Figuras 23 e 25, que mostram a decomposição dos sinais ECG em diferentes níveis.

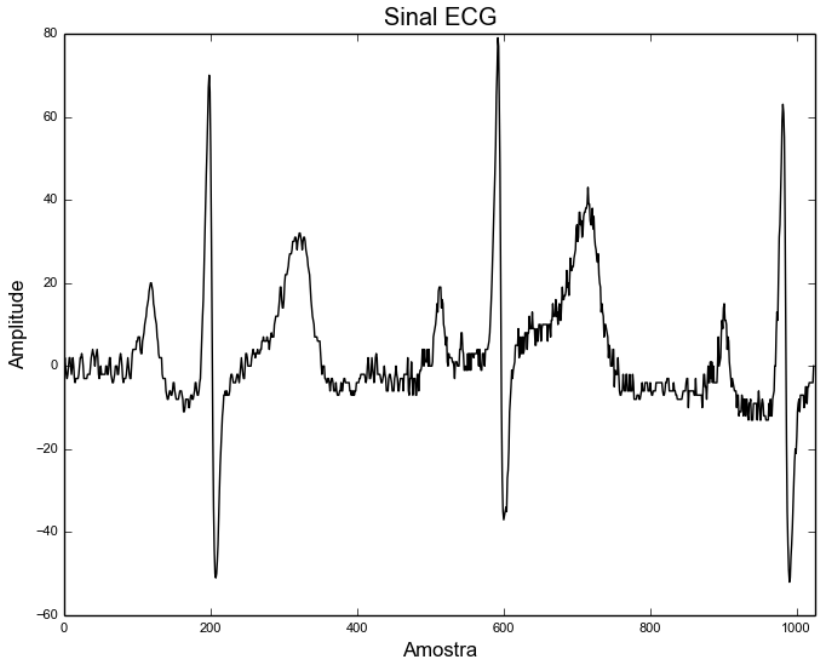
Diferentemente da análise multirresolução pela transformada *wavelet*, que utiliza o mesmo filtro em todos os níveis de decomposição, o filtro de descorrelação na MRSVD é diferente em cada nível, porque ele é formado pelos vetores singulares da matriz de dispersão dos dados, obtidos a cada novo nível de resolução. Por isso, para a reconstrução do sinal, além de armazenar a componente de aproximação no último nível e a de detalhe em todos eles, faz-se também necessário manter as matrizes filtros de descorrelação.

3.2.4.5 Exemplo de Aplicação da MRSVD

Para entender melhor qual o resultado prático da decomposição em vários níveis de resolução proporcionada pela MRSVD, considera-se um exemplo de decomposição em 3 níveis de um ECG, registro 1028505 do banco de dados que será mencionado nas próximas seções, exibido na Figura 22. Para comparação, o mesmo sinal é decomposto utilizando a *wavelet* de Haar, cujos coeficientes do banco de filtros de análise são organizados na matriz a seguir (OLIVEIRA, 2007):

$$\mathbf{Haar} = \begin{bmatrix} 0.7071 & 0.7071 \\ 0.7071 & -0.7071 \end{bmatrix}. \tag{82}$$

Figura 22 – Sinal ECG do registro 1028505 (CHALLENGE2011, 2012)



Fonte: Próprio Autor

Na Figura 23 são apresentadas as decomposições usando MRSVD e *wavelet* de Haar. Os números dos eixos foram ocultados para melhor visualização, no entanto deve-se lembrar que cada nível tem metade das amostras do nível anterior. Observa-se que a MRSVD decompõe o sinal de forma semelhante a transformada *wavelet* de Haar. Na verdade, os valores da matriz de filtro de descorrelação da MRSVD são bem próximos, até a segunda casa decimal, aos da matriz filtro da *wavelet* de Haar. Esse comportamento

sempre se verifica para sinais de uma dimensão, onde o sinal de entrada é divido em duas linhas na matriz de dados conforme anteriormente estabelecido. Para sinais com dimensões maiores, como imagens por exemplo, a organização da matriz de dados se dá de forma diferente, não permitindo que a da matriz filtro $\mathbf{U}^T$ se aproxime do filtro de Haar. Tais exemplos podem ser vistos em Kakarala e Ogunbona (2001) e Naidu (2011).

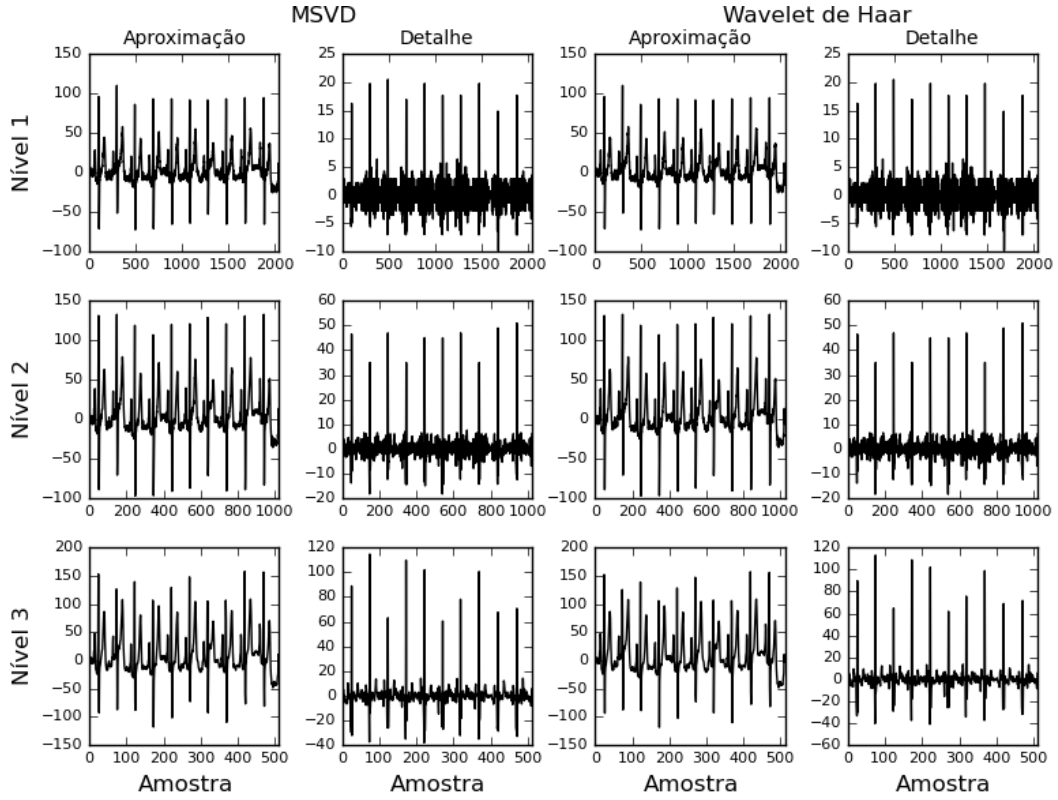
Os valores dos elementos da matriz $\mathbf{U}^T$ obtidos em cada nível são:

$$\mathbf{U}_1^T = \begin{bmatrix} -0.7067 & -0.7074 \\ -0.7074 & 0.7067 \end{bmatrix},$$

$$\mathbf{U}_2^T = \begin{bmatrix} -0.7073 & -0.7068 \\ -0.7068 & 0.7073 \end{bmatrix},$$

$$\mathbf{U}_3^T = \begin{bmatrix} -0.7062 & -0.7079 \\ -0.7079 & 0.7062 \end{bmatrix}.$$

Figura 23 – Sinal ECG (registro 1028505 (CHALLENGE2011, 2012)) em 3 níveis de resolução utilizando MRSVD e *wavelet* de Haar



Fonte: Próprio Autor

3.2.4.6 Complexidade Algorítmica

> A complexidade de um algoritmo reflete o esforço computacional para executá-lo. Esse esforço computacional mede a quantidade de trabalho, em termos de tempo de execução ou da quantidade de memória requerida. As principais medidas de complexidade são tempo e espaço, relacionadas à velocidade e quantidade de memória, respectivamente, para a execução de um algoritmo. (TOSCANI; VELOSO, 2012)

Kakarala e Ogunbona (2001) mostram que a complexidade para implementação da MRSVD, em relação ao tempo de execução, é linear, ou seja, depende diretamente do tamanho do sinal de entrada. Supõe-se que essa entrada seja $\mathbf{X}$ e tenha comprimento $N = 2^{L+1}$, sendo L a quantidade de níveis de resolução.

A primeira matriz calculada na decomposição MRSVD é $\bar{\mathbf{X}}_1$ (equação (73)) no primeiro nível de resolução, e possui $N/2$ elementos em cada linha. Para sua obtenção é necessário remover a média da matriz $\mathbf{X}_1$. Essa operação requer uma divisão, $(N/2) - 1$ adições e $N/2$ subtrações. O total de operações para cada linha é N, como a matriz tem duas linhas, o custo total para remoção da média da matriz de dados é $2N$. O cômputo de cada elemento da matriz de dispersão, requer $N/2$ multiplicações e $(N/2) - 1$ adições. Como a matriz é simétrica então somente é necessário o cálculo para 3 entradas, logo o custo total é $3N - 3$. O custo para calcular a SVD de uma matriz 2×2 de acordo com Holmes, Gray e Isbell (2007) é 2^3, que em notação típica representa-se por $O(1)$. Para obter a matriz de decomposição em sub-banda, $\hat{\mathbf{X}}_1$, são necessárias duas multiplicações e uma adição para cada N elementos, resultando em um custo de $3N$ operações. O custo total para execução de todas as operações, no primeiro nível de resolução da MRSVD é portanto:

$$2N + 3N - 3 + O(1) + 3N = 8N - 3 + 2^3. \tag{83}$$

A equação (83) pode ser dividida em duas parcelas, sendo que a primeira depende do tamanho da entrada e a segunda não. Seja essa denotada por $C_2 = -3 + 2^3$. A análise de multirresolução exige a sobreamostragem[2] do sinal, por um fator 2, a cada novo nível de resolução, isso implica que para o l-ésimo nível o custo de execução será fornecido por

$$\frac{8N}{2^{l-1}} - 3 + 2^3. \tag{84}$$

[2] O custo para sobreamostragem é constante, pois aqui trata-se apenas de escolher uma determinada linha da matriz

O custo total para L níveis é obtido somando a equação (84) L vezes, o que resulta na seguinte expressão (KAKARALA; OGUNBONA, 2001)

$$\sum_{l=1}^{L-1} \frac{8N}{2^{l-1}} + C_2 = LC_2 + \sum_{l=1}^{L-1} \frac{8N}{2^{l-1}} \tag{85}$$

$$\leq \frac{8N}{1-\frac{1}{2}} + LC_2 \tag{86}$$

$$= 16N + LC_2. \tag{87}$$

Quando N é muito grande, o pior caso para o tempo de execução do algoritmo, então a complexidade será $O(N)$.

3.2.5 Um método clássico para detecção dos complexos QRS

O algoritmo de detecção dos complexos QRS que será apresentado nessa seção foi proposto por Pan e Tompkins (1985) e trata-se de um algoritmo robusto para detecção em tempo real. Ele foi escolhido como método para comparação dos resultado com o algoritmo proposto porque é referência básica em todas as pesquisas que tratam do assunto, e também, por já existirem implementações computacionais confiáveis desse método.

O algoritmo de Pan e Tompkins (1985) pode ser divido em duas etapas essenciais: na primeira é realizado um pré-processamento através da filtragem digital do sinal; e na segunda, que é a etapa de decisão, os limiares são calculados no sinal filtrado e os picos R são detectados.

Na etapa de pré-processamento o sinal é filtrado por um filtro passa-banda, composto por dois filtros em cascata, um passa-baixa, com frequência de corte de 11 Hz, e outro passa-alta, cuja frequência de corte fica acima dos 5 Hz. Ambos têm a função de eliminar ruídos e artefatos. As funções de transferência dos filtros passa-baixa e passa-alta, ambos do tipo IIR (*Infinite Impulse Response*), são, respectivamente

$$\mathbf{H}(z) = \frac{(1-z^{-6})^2}{(1-z^{-1})^2} \tag{88}$$

e

$$\mathbf{H}(z) = \frac{-1+32z^{-16}+z^{-32}}{1+z^{-1}}. \tag{89}$$

e as saídas estão atrasadas em 6 e 16 amostras, em relação a entrada.

O filtro diferenciador não é recursivo como os filtros anteriores e sua saída está atrasada em 2 amostras. Sua função de transferência é dada pela equação (90), onde T é o período de amostragem.

$$\mathbf{H}(z) = \frac{1}{8}T\left(-z^{-2} - 2z^{-1} + 2z + z^2\right). \tag{90}$$

Após as operações de filtragem, a saída é submetida a um sistema que devolve o quadrado do vetor do sinal de ECG, que amplifica ainda mais as altas frequências e deixa o sinal com entradas apenas positivas, conforme equação a seguir

$$\mathbf{y}(tT) = \left[\mathbf{x}(tT)\right]^2, \tag{91}$$

sendo t o tempo, índice dos vetores de entrada e saída.

Outra operação que também é realizada sobre o sinal, antes da etapa de decisão, consiste na aplicação de um integrador *moving-window*. Sua função é fornecer informações sobre a inclinação das ondas R. Seu cálculo é realizado pela equação de diferenças a seguir, onde N é a largura da janela de integração.

$$\mathbf{y}(tT) = \frac{1}{N}\left[\mathbf{x}(tT - (N-1)t) + \mathbf{x}(tT - (N-2)t) + \cdots \mathbf{x}(tT)\right]. \tag{92}$$

A largura N da janela pode ser escolhida como a largura máxima do complexo QRS, e é um parâmetro de extrema importância porque uma escolha equivocada poderá fundir ondas T aos complexos QRS no sinal de saída.

No estágio de decisão, primeiro são realizados os cálculos dos limiares, que são ajustados de forma a flutuarem sobre o ruído/artefato, o que só é possível devido a filtragem passa-banda que melhora a SNR do sinal de ECG. Esse estágio está dividido em três fases: aprendizagem 1 e 2 e fase de detecção.

Para a fase de aprendizagem 1, é necessária a análise de 2 segundos do sinal ECG para inicializar os limiares de detecção dos picos de sinal e do ruído. Já a fase de aprendizagem 2 requer uma porção do sinal equivalente ao tempo de dois batimentos cardíacos para iniciar as médias dos intervalos RR e seus limites. Todos os limiares são alterados periodicamente para adequarem às mudanças características dos sinais (PAN; TOMPKINS, 1985).

Os dois primeiros limiares são calculados pelas relações a seguir:

$$THRESHOLDI1 = NPKI + 0,25(SPKI - NPKI) \tag{93}$$

e

$$THRESHOLDI2 = 0,5THRESHOLDI1. \tag{94}$$

As variáveis $NPKI$ e $SPKI$ representam os picos de ruído e sinal, respectivamente, sendo que são considerados picos de ruído todos os pontos de máximo locais, que não são aqueles das ondas R. Elas são definidas em função da variável $PEAKI$ que armazena um pico (ponto extremo local) qualquer, assim:

$$SPKI = 0,125PEAKI + 0,875SPKI \tag{95}$$

e

$$NPKI = 0,125PEAKI + 0,875NPKI. \tag{96}$$

Assim que um novo pico é detectado pelo algoritmo, ele deve decidir se este é um pico de sinal ou de ruído, sendo que caso seu valor exceda $THRESHOLDI1$ este é um pico de sinal. Quando um complexo QRS não é encontrado durante determinado período, uma pesquisa para trás é feita. Neste caso, para determinar se o pico é de sinal ou de ruído, utiliza-se o segundo limiar, $THRESHOLDI2$, e atualiza-se a variável $SPKI$ calculando a expressão:

$$SPKI = 0,25PEAKI + 0,75SPKI. \tag{97}$$

Sobre a inicialização das variáveis $SPKI$ e $NPKI$ os autores Pan e Tompkins (1985) explicam: "*The thresholds are based upon running estimates of* $SPKI$ *and* $NPKI$*. That is, new values of these variables are computed in part from their prior values.*".

É importante frisar que os limiares anteriores não são calculados sobre o sinal filtrado, mas no sinal após a operação de integração *moving-window*. Já os limiares a

seguir são calculados após a filtragem mencionada e os picos detectados, de sinal ou ruído, são armazenados na variável $PEAKF$.

$$SPKF = 0,125PEAKF + 0,875SPKF, \tag{98}$$

$$NPKF = 0,125PEAKF + 0,875NPKF, \tag{99}$$

$$THRESHOLDF1 = NPKF + 0,25(SPKF - NPKF), \tag{100}$$

e

$$THRESHOLDF2 = 0,5THRESHOLDF1. \tag{101}$$

Da mesma maneira que se procede quando um complexo QRS é encontrado no sinal original, no sinal filtrado atualiza-se a variável $SPKF$ como

$$SPKK = 0,25PEAKF + 0,75SPKF. \tag{102}$$

Caso haja batimentos irregulares, quando o paciente sofre de algum tipo de arritmia, os limiares são tomados como metade dos valores acima estipulados, ou seja,

$$THRESHOLDI1 \leftarrow 0,5THRESHOLDI1 \tag{103}$$

e

$$THRESHOLDF1 \leftarrow 0,5THRESHOLDF1. \tag{104}$$

Após a detecção dos picos, duas médias dos intervalos RR são calculadas. A primeira, $RRAVERAGE1$, é uma porcentagem da média dos oito primeiros intervalos mais recentes e a segunda, $RRAVERAGE2$, trás a média de certos intervalos escolhidos de acordo com as seguintes médias:

$$RRAVERAGE1 = 0,125(RR_{n-7} + RR_{n-6} + \cdots + RR_n), \tag{105}$$

$$RRAVERAGE2 = 0,125(RR'_{n-7} + RR'_{n-6} + \cdots + RR'_n). \tag{106}$$

Para a escolha dos intervalos RR que serão incluídos na média $RRAVERAGE2$, consideram-se os seguintes limites:

$$RRLOWLIMIT = 0,92RRAVERAGE2, \tag{107}$$

$$RRHIGHLIMIT = 0,116RRAVERAGE2 \tag{108}$$

e

$$RRMISSEDLIMIT = 0,166RRAVERAGE2. \tag{109}$$

O algoritmo utiliza uma técnica de limiar dual (PAN; TOMPKINS, 1985), ou seja, há dois níveis de limiares onde um é metade do outro (equações (94) e (101)), cujo objetivo é encontrar complexos QRS não localizados pelo primeiro valor do limiar utilizando a busca para trás. Pelo que está estipulado nas equações (107), (108) e (109), quando o algoritmo não consegue localizar um complexo QRS em um intervalo correspondente a 1,6 vezes a média dos intervalos RR, o ponto extremo máximo nesse intervalo, que está entre os dois limiares, é possivelmente um complexo QRS e, então, o limiar mais baixo, $THRESHOLDF2$, é utilizado.

4 ALGORITMO PROPOSTO

Neste capítulo, o algoritmo proposto para detecção dos complexos QRS baseado na MRSVD é detalhado e alguns estudos de casos específicos e mais significativos, devido a sua ocorrência comum, são analisados. Ao final algumas medidas que permitem a avaliação da qualidade do algoritmo de detecção são apresentadas, acompanhadas de uma análise gráfica.

4.1 Detecção dos Complexos QRS

Dentre as várias informações que se podem extrair de um sinal de ECG, os batimentos cardíacos (*beats*) são de importância inquestionável. Através dessa informação um especialista pode constatar se o paciente tem certas arritmias caracterizadas, por exemplo, pela taquicardia, que é uma frequência cardíaca acima de 100 bpm, no adulto, ou bradicardia, que é um ritmo lento, abaixo de 60 bpm (GUYTON; HALL, 2006).

Uma forma de detectar essa frequência é calcular as distâncias entre os pontos extremos máximos de duas ondas de mesma denominação. Geralmente, as ondas R do complexo QRS são escolhidas para essa tarefa porque apresentam amplitudes mais elevadas que as demais ondas e, por consequência, são de mais fácil localização.

Além da frequência cardíaca, a detecção dos picos (pontos de máximo) das ondas R, possibilita encontrar a localização dos complexos QRS. A importância da sua obtenção já foi evidenciada na introdução.

Neste trabalho, a detecção de picos R e de complexos QRS serão tratadas como sinônimos, pois encontrados os picos R, basta selecionar uma janela retangular de tamanho 0,10/0,12 segundos (CATALANO, 2002), que é a largura máxima dos complexos QRS, centrada nos picos, para obter os trechos aproximados (sem marcação precisa dos pontos *on-set/off-set*) do sinal que contêm os complexos QRS.

Inicialmente, serão analisados os requisitos necessários para a proposição de um método de detecção dos complexos QRS utilizando a MRSVD na etapa de pré-processamento, com o intuito de eliminar as deflexões indesejadas presentes nos sinais: onda P e T, principalmente.

A ideia geral é bastante simples, considerando que os complexos QRS, conforme já mencionado, possuem altas frequências, o algoritmo proposto deve implementar uma filtragem passa-alta no sinal de ECG, para obter um sinal cujas ondas de baixas frequências estão atenuadas. No capítulo introdutório foi citado como a diferenciação é utilizada para obter somente as ondas de alta frequência do ECG e, do mesmo modo, a transformada *wavelet* através da análise multirresolução. Aqui propõe-se utilizar a MRSVD, mais especificamente suas componentes de detalhe, que são a saída de um filtro passa-alta, para obtenção das ondas de alta frequência do sinal de ECG.

Após obtido esse sinal, onde as ondas de baixa frequência P e T não aparecerão ou estarão atenuadas, um limiar é obtido computando o valor máximo desse sinal e multiplicando-o por um fator de suavização. Subsequentemente, esse sinal é iterado e verificado em cada ponto se a amplitude correspondente excede esse limiar. Em caso afirmativo, o início de um complexo QRS é detectado. Quando detectado também seu fim, uma série de verificações são realizadas, baseadas no tempo de propagação das cargas elétricas pelo músculo cardíaco, com o objetivo de discernir se no intervalo encontrado anteriormente, realmente há um complexo QRS ou trata-se de outra deflexão ou algum tipo de ruído/artefato.

A metodologia proposta pode ser dividida em quatro etapas, conforme diagrama de blocos da Figura 24:

- Etapa 1 (Pré-processamento): O sinal de ECG é decomposto até o 2º e 3º níveis de resolução utilizando a MRSVD. Os valores absolutos destes sinais, após a operação de sobreamostragem, são adicionados obtendo um novo sinal.

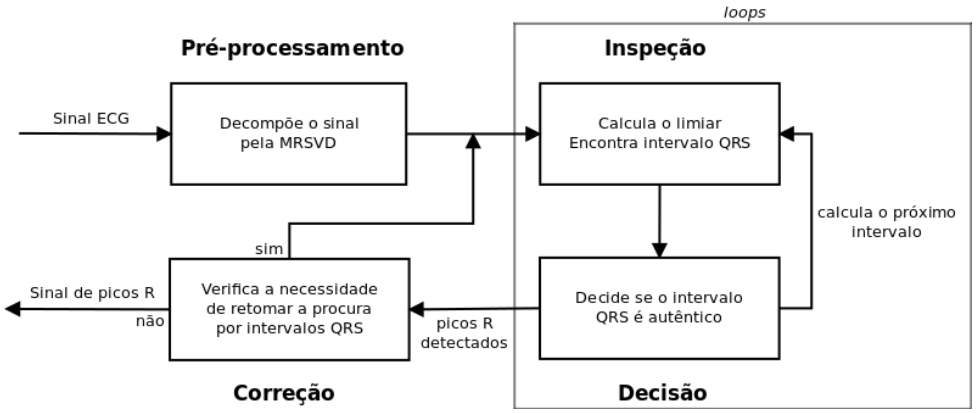
- Etapa 2 (Inspeção): Um limiar é calculado sobre o sinal obtido na etapa anterior é feita a busca pelo início e fim dos complexos QRS.

- Etapa 3 (Decisão): Encontrado um provável intervalo de um complexo QRS, o ponto extremo máximo nesse intervalo é calculado e o respectivo índice de localização é retornado. Em seguida, são feitas algumas escolhas para assegurar que um complexo QRS autêntico foi encontrado.

- Etapa 4 (Correção): Quando uma certa quantidade mínima de picos R não é verificada, o algoritmo supõe que deve haver algum complexo QRS cuja amplitude seja

superior a 30% da amplitude dos demais e, portanto, esta deflexão é ignorada e um novo limiar calculado, voltando à Etapa 2.

Figura 24 – Diagrama de blocos do algoritmo proposto



Fonte: Próprio Autor

4.1.1 Componentes

Da análise da Figura 23 do capítulo 3, vê-se que os complexos QRS são mais distinguíveis nas componentes de detalhe do que nas de aproximação, já que as componentes de aproximação são a saída de um filtro passa-baixa, logo, as ondas P e T têm maior amplitude. Como a abordagem para detecção é baseada num limiar, o ideal é que outras deflexões do sinal de ECG, que não estejam no intervalo do complexo QRS, sejam atenuados, e isso é realizado pela filtragem passa-alta que produz as componentes de detalhes. Por isso, a escolha mais adequada para cálculo do limiar e detecção dos complexos QRS são as componentes de detalhes.

4.1.2 Nível de Decomposição

Outra escolha que deve ser feita é em relação ao nível de decomposição. É claro que decompor o sinal no nível máximo fará com que as informações de alta frequência, como os complexos QRS, não sejam distinguíveis tanto quanto se deseja. Utilizar, ao modo dos trabalhos citados no capítulo introdutório, os níveis de resolução 3º ao 5º também não será uma escolha ideal aqui, porque após o 2º ou 3º nível há perda de informação em relação aos complexos QRS, o que pode ser observado na Figura 25. Isso é devido as características técnicas dos sinais aqui analisados, que foram amostrados a taxa de 500 Hz e têm poucas amostras disponíveis para análise, principalmente após a subamostragem realizada pela MRSVD.

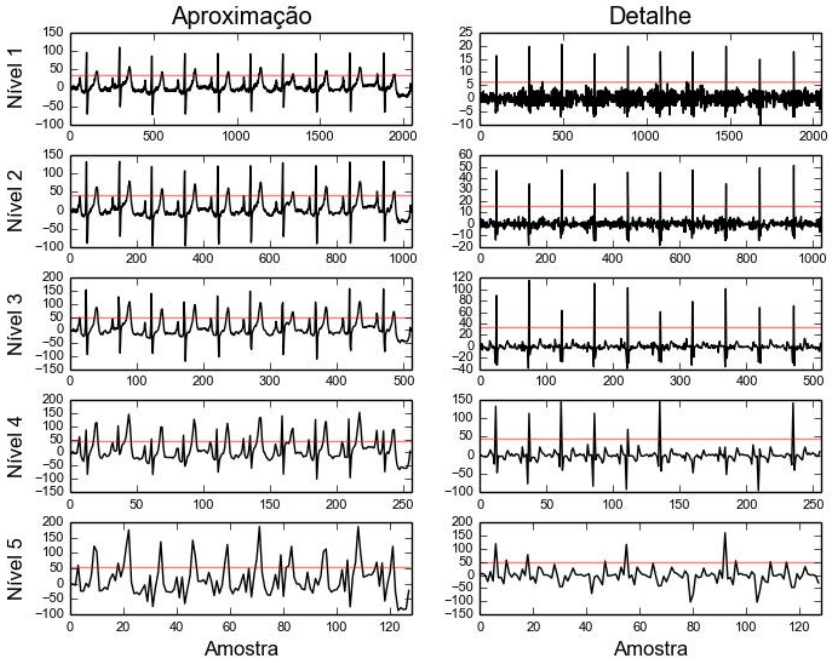
A escolha do tamanho das janelas deve ser feita com cautela também, porque é bem possível que para certos comprimentos a janela não contenha nenhum complexo QRS, o que levaria a detecção de ondas T ou P como sendo complexos QRS. Outra dificuldade para a escolha da largura da janela é que sua borda direita, para um determinado segmento, pode coincidir com o intervalo de um complexo QRS, o que conduziria o algoritmo a identificar dois pontos extremos máximo, porque, no seguimento seguinte, na borda esquerda da janela, seria encontrado outro ponto extremo, no entanto, ambos pertenceriam ao mesmo complexo QRS.

No caso específico dos experimentos realizados, os sinais são compostos por 5000 amostras, mas para garantir compatibilidade com a MRSVD, que exige que o comprimento do sinal de entrada esteja na base 2, apenas 4096 são utilizadas. Apesar de ser possível

a inserção de zeros (*zero-padding*) nos sinais, com o objetivo de evitar esse truncamento, experimentos preliminares mostraram não compensar o custo computacional adicional envolvido, porque aumenta o comprimento do sinal sem melhor a qualidade da detecção. Além do mais a metodologia proposta estará sendo validada para aquele comprimento de sinal e quando for aplicada a sinais maiores basta utilizar janelas com o comprimento de 4096 amostras, tomando os cuidados anteriormente mencionados.

Devido a redução natural do número de amostras em cada nível de resolução (1024 no segundo e 512 no terceiro, por exemplo), o janelamento do sinal não foi implementado nos experimentos realizados neste trabalho.

Figura 25 – Decomposição do ECG da Figura 22 em 5 níveis de resolução



Fonte: Próprio Autor

Voltando à questão da escolha no nível de decomposição, na Figura 25 pode-se notar que no quarto nível, nas componentes de detalhes, alguns complexos QRS sequer são distinguíveis das demais ondas, e por isso estão abaixo do limiar, que está representado pela linha vermelha. Já no segundo e terceiro níveis, todos eles são exibidos de forma nítida e destacados das demais ondas do sinal. Observa-se também como as componentes de aproximação são inadequadas para localização dos complexos QRS, visto que, já no terceiro nível elas são quase indistinguíveis das outras partes do sinal e, no segundo, as

amplitudes das ondas T e P são bem elevadas, o que faz com que elas estejam acima do limiar desde o primeiro nível.

No entanto, as componentes de aproximação são imprescindíveis à qualidade de detecção, pois são as entradas do banco de filtros para os demais níveis de resolução, e quanto maior a resolução de análise, menos ruído existe na banda das componentes de detalhes. É por isso que, apesar das componentes de detalhe serem a saída de um filtro passa-alta, o ruído tende a ser atenuado conforme aumenta-se a resolução.

Pelo que foi dito e pela análise da Figura 25, os níveis de resolução mais apropriados podem variar do 1º ao 3º nível. Nos experimentos preliminares ficou claro que, dependendo do nível de ruído do sinal, a escolha de uma resolução mais alta garante melhores resultados. Outra constatação obtida em experimentos com outras bases de dados, é que para taxas de amostragem menores que 500 Hz, o primeiro nível de resolução é o mais adequado, enquanto que para aqueles amostrados com esta taxa (caso dos experimentos aqui realizados), utilizar o segundo ou terceiro nível garante melhor resultado.

Para entender melhor como a decomposição em sub-banda afeta o conteúdo de frequência presente nos sinais de ECG, é fundamental analisar os gráficos dos espectros de frequências e espectrogramas.

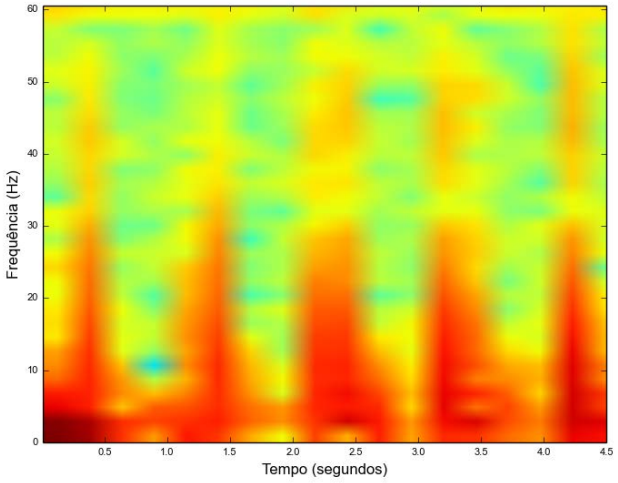
Percebe-se pela Figura 26 que as frequências mais significantes dos complexos QRS estão localizadas na banda de frequências de 10 a 30 Hz, aproximadamente. Corroborando esta ideia, Bashir et al. (2010) admite que os conteúdos de frequência mais relevantes dos complexos QRS compreendem o intervalo de 10 a 40 Hz. Este aspecto restringe a subamostragem dos sinais da base de dados escolhida para os experimentos realizados neste trabalho, já que esses foram amostrados a 500 Hz. Considerando o Teorema de Nyquist e a subamostragem realizada pela decomposição MRSVD, a Tabela 1 a seguir, dá informações da frequência máxima do sinal em cada nível de resolução.

Tabela 1 – Frequência máxima dependendo do nível de resolução

Nível de Resolução	**Frequência Máxima (Hz)**
0	250,00
1	125,00
2	62,50
3	31,50
4	15,75

Fonte: Próprio Autor

Figura 26 – O espectrograma de 4,5 segundos do ECG da derivação V3 do registro 1002867



Fonte: Próprio Autor

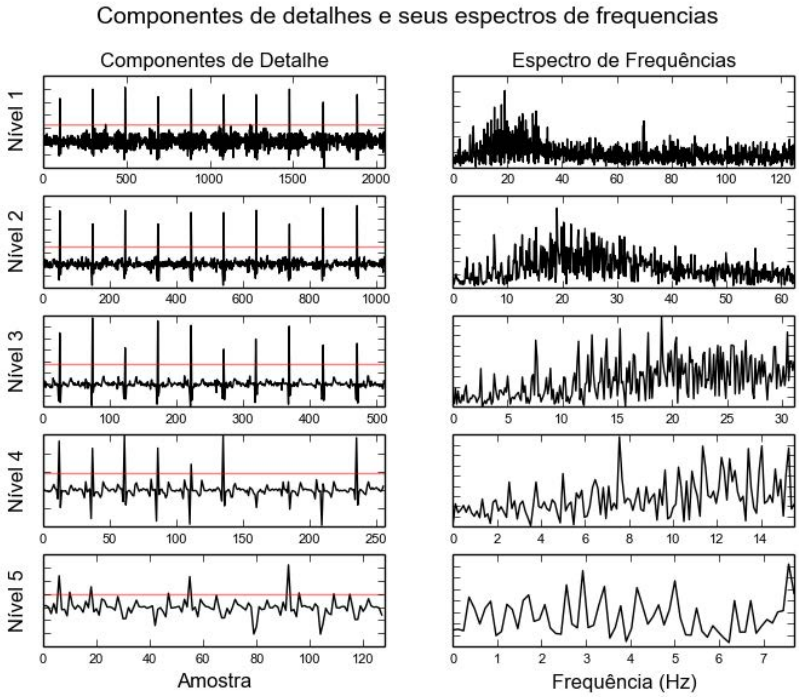
Nessas circunstâncias, no quarto nível de resolução as componentes de detalhes perderão grande parte da informação dos complexos QRS. Isso fica evidente ao analisar a Figura 25, pois nos níveis 4 e 5, alguns complexos QRS sequer aparecem, sendo pior ainda no quinto nível porque nem mesmo é possível distinguir quais são os complexos QRS.

A análise da Figura 27 permite entender como o intervalo de frequências é afetado pela operação de subamostragem. Ela exibe a decomposição do mesmo ECG da Figura 25 mas com os respectivos espectros de frequências das componentes de detalhes. Novamente observa-se que após o terceiro nível de decomposição há perda de informação em relação aos complexos QRS, permanecendo assim perceptíveis, nas componentes de detalhes, apenas aqueles que possuem maior energia, porque após esse nível a banda de frequência decresce abaixo daquela compreendida pelos conteúdos de frequências dos complexos QRS.

Embora as figuras em análise sejam de sinais específicos, tal comportamento deve ser esperado também para outros sinais, porque o conteúdo de frequência dos complexos QRS não excedem significativamente a banda de 10 a 40 Hz. Nos casos em que o sinal tem baixa SNR e a energia dos complexos QRS seja elevada, o quarto nível pode ser utilizado, porque ainda assim serão perceptíveis as ondas R do sinal de ECG.

Tais aspectos ficarão mais evidentes quando da análise dos sinais de ECG nos experimentos que serão apresentados posteriormente, onde vários sinais estão contaminados

Figura 27 – Decomposição do ECG da Figura 22



Fonte: Próprio Autor

por diferentes tipos de artefatos e ruídos que alteram significativamente a análise das componentes de detalhe.

Escolhidos os níveis de decomposição, como a informação sobre os complexos QRS pode variar entre os níveis escolhidos, o ideal é obter um sinal que seja a soma de ambos, pois, se em certa resolução um complexo QRS está acima do limiar e em outra não, a soma desses sinais resultará num sinal onde aquele complexo QRS estará amplificado. Considerando ainda que é necessário sobreamostrar os sinais obtidos no segundo e terceiro níveis de resolução, para que possam ser adicionados e tenham o mesmo comprimento do sinal original, o sinal resultante utilizado nos demais estágios do algoritmo é dado pela equação:

$$\psi_{sum} = \left|(\uparrow 2^2)\psi_2\right| + \left|(\uparrow 2^3)\psi_3\right| \tag{110}$$

4.1.3 Cálculo do Limiar e Localização das ondas R

Vários autores consideram tomar 30% do valor máximo do sinal analisado para obtenção do limiar (ZIDELMAL et al., 2012; HASAN; MAMUN, 2013; MANTHALKAR;

GAJRE, 1995):

$$thr = 0,3 \max(\psi_{sum}), \tag{111}$$

Esse limiar foi retratado na Figura 25, em vermelho, mas calculado para cada componente, de aproximação e detalhes, apenas para visualização das amplitudes que abrangem, em cada nível e componente.

Calculado o limiar, o próximo passo é localizar o início e fim dos complexos QRS. Variando t, $0 \leq t < 4096$, deve-se verificar se a amplitude correspondente, $\psi_{sum}(t)$, é maior ou não que o limiar. Caso seja maior, então o início do complexo QRS é encontrado. Como a maior parte do complexo QRS estará acima do limiar, enquanto a amplitude for maior que este, o fim do intervalo não é alcançado. Assim que surge o primeiro valor abaixo desse limiar, o ponto anterior marca o término deste complexo QRS.

No entanto, como a análise é feita no sinal ψ_{sum}, que possui amostras com valores nulos no intervalo de localização dos complexos QRS, devido a operação de sobreamostragem realizada, isso fará com que o algoritmo detecte o fim de um complexo QRS, quando encontrar um valor nulo, mas na verdade este não é o ponto final verdadeiro. Um modo de evitar essa falsa localização é utilizar-se do fato de que um complexo QRS deve ter duração entre 0,06 a 0,10 segundos, podendo compreender até 0,12 segundos em algumas derivações (CATALANO, 2002). Portanto, se Fs é a taxa de amostragem do sinal de ECG, t_i a localização da amostra inicial de um complexo QRS e t_f a localização da amostra final, a largura máxima desse complexo QRS é dada pela expressão

$$|t_f - t_i| \leq Fs \cdot 0,12. \tag{112}$$

Assim, t_f deve ser um valor que permita ultrapassar esse limite, logo $|t_f - t_i| \geq Fs \cdot 0,12$, e isso dá garantia de que o intervalo $[t_i, t_f]$ delimita o início e o fim do complexo QRS, logo contém também uma onda R, e apenas uma. É claro que considerando essa limitação, para 0,12 segundos, dependendo da largura do complexo QRS registrado no ECG para certo indivíduo, o intervalo $[t_i, t_f]$ poderá também compreender o segmento ST ou parte dele. No entanto, isso não é um problema, porque o algoritmo procurará o ponto extremo máximo nesse intervalo, e mesmo que a utilização da limitação determinada pela relação (112) forneça um intervalo maior que o do complexo QRS, não é possível que as amplitudes de uma deflexão T apareçam completamente neste intervalo, porque a inspeção é realizada na soma das componentes de detalhes, onde essas ondas estão

bastante atenuadas, e isso garante que o ponto máximo seja o ponto extremo local de uma onda R.

Encontrado o início e fim do complexo QRS, deve-se determinar o valor máximo que corresponderá ao pico R do complexo QRS e qual o valor de t correspondente ao máximo. Tais valores formam um vetor, nomeado $\mathbf{r}(t)$, com a localização de todos os picos R.

4.1.4 Etapa de Decisão

Analisando os experimentos preliminares pôde-se perceber que mesmo considerando a limitação imposta pela equação (112), em relação ao tamanho do complexo QRS, pode haver detecção de ondas R logo após essa fronteira. Isto pode ocorrer porque os ruídos de alta frequência que aparecem nas componentes de detalhes podem gerar ondas curtas, de alta amplitude, que são identificadas pelo algoritmo como se fossem o complexo QRS seguinte, quando na verdade essas deflexões devem ser validadas como ruído/artefato. Para evitar a falsa detecção, causada por ruído de alta frequência ou alguma outra distorção, deve-se analisar qual a distância mínima permitida entre os picos de duas ondas R consecutivas.

O intervalo RR deve ter um valor mínimo, consequência das limitações fisiológicas do músculo cardíaco, porque quanto menor a distância entre dois picos R, maior a frequência cardíaca. Uma relação que associa essas duas variáveis é dada por (LEE, 1966):

$$\overline{RR} = \frac{60}{HR}, \tag{113}$$

onde HR é a frequência cardíaca medida em bpm e o tamanho do intervalo RR, denotado por $\overline{RR}$, é dado em segundos.

A frequência cardíaca máxima suportada por um indivíduo decresce de acordo com sua idade, conforme experimentos realizados por Tanaka, Monahan e Seals (2001). Essa restrição é dada pela expressão a seguir:

$$HR_{max} = 208 - (0,7 \cdot idade). \tag{114}$$

Como não há informações na base de dados utilizada nos experimentos sobre a idade dos indivíduos, será aqui considerado $HR_{max} = 208$, que é o valor máximo da equação (114). Considerando que Fs seja a taxa de amostragem dos sinais de ECG, então o intervalo RR mínimo é:

$$\overline{RR}_{min} = \frac{60}{208} \cdot Fs \approx 0,29 \cdot Fs \tag{115}$$

A medida de $\overline{RR}_{min}$ representa a quantidade de amostras mínimas entre dois picos R, e deve ser implementada no algoritmo para inibir a detecção prematura de pontos extremos máximos dos complexos QRS, nas localizações das ondas P e T, ou de possíveis distorções, porventura presentes no sinal analisado.

Quando um novo pico R é encontrado pelo algoritmo, deve-se verificar se a distância entre esse novo pico e o último detectado é maior que $\overline{RR}_{min}$. Se essa distância for menor, determina-se qual desses picos é um pico R verdadeiro, selecionando aquele com maior amplitude. Caso a distância seja maior, então esse é um pico R verdadeiro e pode ser armazenado pelo algoritmo no vetor $\mathbf{r}(t)$.

Outra distância mínima que deve ser analisada pelo algoritmo de detecção é aquela entre o primeiro pico R e o início do sinal de ECG. Em alguns sinais pode-se observar que ocorre nos primeiros segundos uma mudança abrupta da amplitude, caracterizada por uma onda de curta duração com alto valor absoluto que cresce rapidamente até se estabilizar na amplitude zero da linha isoelétrica. O problema nesse caso é que a primeira deflexão presente em um ECG é a onda P. O algoritmo, da forma como proposto, pode confundir essa distorção inicial com um complexo QRS. No entanto, não pode haver tal deflexão no início do ECG, antes da onda P, pois o primeiro registro no sinal de ECG é a despolarização atrial.

Para resolver esse problema, deve-se considerar que a distância máxima do intervalo PR, que vai do início da onda P ao início da onda R, é de 0,20 segundos (HAMPTON, 2014). Isso implica que não pode haver nenhum pico R antes de 0,20 segundos. Na verdade, esse valor é maior, já que após o início do sinal ECG decorre alguns segundos até a ascendência da onda P, mas esse valor é variável e não será aqui aproveitado, já que é suficiente considerar a distância mínima de 0,20 segundos. Assim como calculado anteriormente, essa distância mínima deve ser expressa em amostras. A conversão é feita

multiplicando esse valor pela taxa de amostragem, obtendo-se a seguinte relação:

$$t_1 > 0,20 \cdot Fs, \tag{116}$$

sendo que t_1 é a localização do primeiro pico R.

Outra decisão que deve ser tomada, para garantir que o algoritmo capture as mudanças dinâmicas nos sinais de ECG, que variam de indivíduo para indivíduo, está associada a atualização do valor do limiar, equação (111), quando necessária. Na seção anterior viu-se que esse valor é 30% do valor máximo do sinal analisado. Em alguns ECGs, é possível encontrar complexos QRS cuja onda R tenha amplitude muito maior que as demais. Se o valor das amplitudes dessas ondas R forem 30% menores que a amplitude da maior onda R do sinal analisado, o limiar estará acima de todas essas ondas e a detecção falhará, pois o algoritmo encontrará apenas um pico R. Uma conduta para evitar tal eventualidade, é calcular dois pontos de máximo, pelo menos, e caso o segundo ponto de máximo seja menor que 30% do valor da amplitude do primeiro ponto extremo máximo, então a escolha mais adequada será o segundo limiar. Para evitar processamento desnecessário, este cálculo somente será realizado quando houver a detecção de um número insuficiente de picos R, e para tal decisão pode-se assumir as limitações do coração, o que inclui uma taxa de batimentos cardíacos mínima, HR_{min}, que é de 35 a 45 bpm para alguns atletas, excepcionalmente (KOKKINOS, 2010). Aqui, para extrapolação dos valores mencionados, será considerado

$$HR_{min} = 30. \tag{117}$$

Sendo assim, a quantidade mínima de picos R, em um sinal com τ segundos de duração, é

$$R_{min} = \tau \frac{HR_{min}}{60}. \tag{118}$$

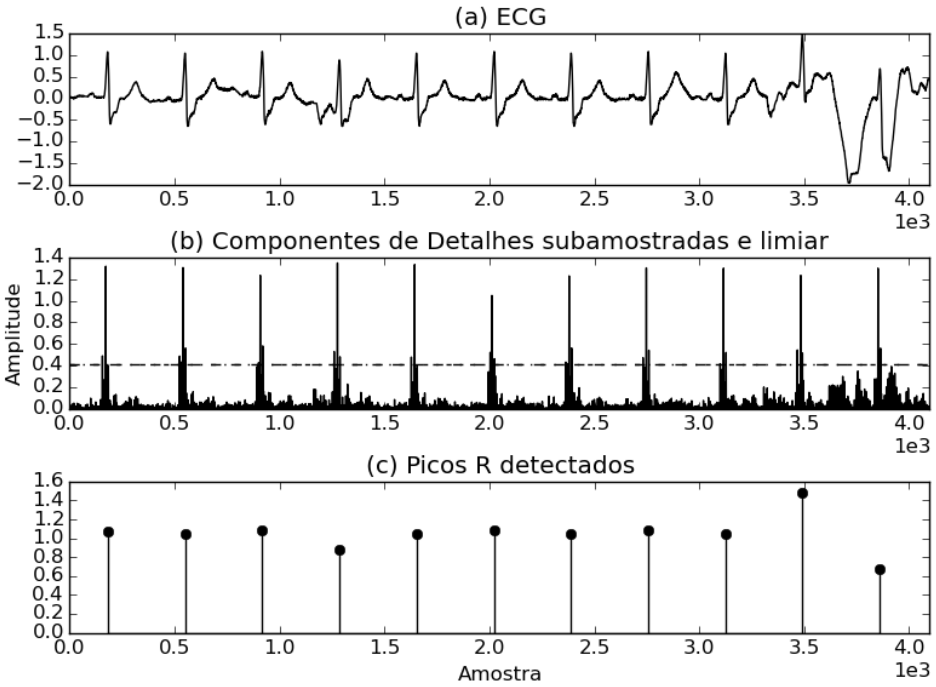
No Apêndice B é descrito em detalhes a metodologia aqui proposta em linguagem algorítmica, para possibilitar a implementação em qualquer linguagem de programação.

4.1.5 Exemplos de detecção do complexo QRS

Para visualizar o resultado da detecção, na Figura 28 (a) tem-se a forma de onda do sinal de ECG, na Figura 28 (b) as componentes de detalhes do segundo e do terceiro nível de resolução, sobreamostradas e somados seus valores absolutos, juntamente com o limiar (linha tracejada) e na Figura 28 (c) o vetor $\mathbf{r}(t)$.

É notável como o vetor $\mathbf{r}(t)$ contém informações não só da localização de cada onda R mas também de sua amplitude. Observa-se também que a soma das componentes de detalhes sofre pouca interferência das distorções presentes no ECG original, o que permite que o limiar esteja acima das demais deflexões do sinal, que pouco aparecem nessa soma.

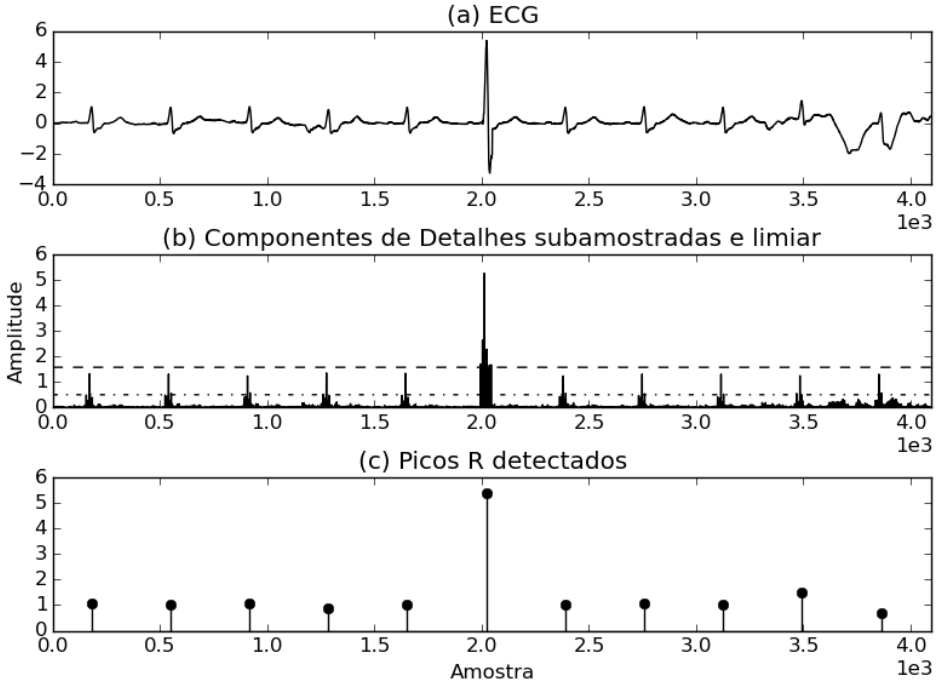
Figura 28 – Detecção das ondas R do sinal de ECG do registro 1066522 da derivação I



Fonte: Próprio Autor

O mesmo exemplo, ilustrado na Figura 28, é repetido, mas desta vez a amplitude do sexto complexo QRS é amplificada em cinco vezes a original. Pode-se constatar na Figura 29, que o primeiro limiar exibido pela linha tracejada (- -) não é suficiente para que o algoritmo compreenda onde inicia e termina todos os complexos QRS. Já o segundo limiar, linha traço e ponto (-.), calculado como 30% do valor máximo do segundo maior pico R, é suficiente para o propósito de detecção. Por isso o bloco de instruções, linhas 41 a 47 no algoritmo 1 (Apêndice B), é essencialmente importante nesses casos excepcionais.

Figura 29 – Detecção das ondas R do sinal de ECG do registro 1066522 da derivação I, com amplificação da sexta onda R



Fonte: Próprio Autor

4.2 Estudos de Caso

Nesta seção serão abordados alguns exemplos de detecção em sinais de ECG que possuem distorções frequentemente encontradas neste tipo de sinal.

4.2.1 ECGs com artefatos e ruídos

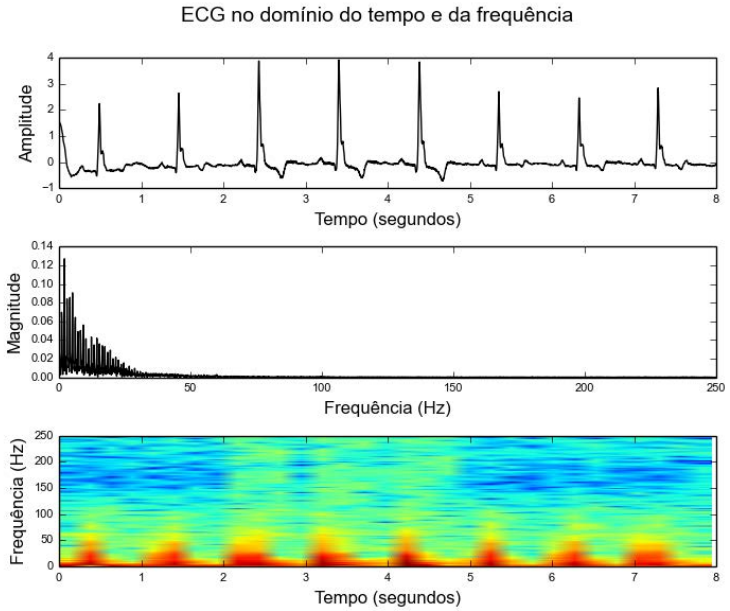
Nesta subseção será feita uma análise no tempo e na frequência do algorítimo de detecção quando o sinal está contaminado por ruído de 60 Hz, típico das medições de ECG, conforme apresentado no capítulo 2.

Na análise da seção anterior ficou claro que o intervalo de frequência dos complexos QRS da base de dados de análise variam entre 10 e 30 Hz, aproximadamente. Lá ficou estabelecido que após o terceiro nível de resolução as frequências superiores a 30 Hz não aparecem na componente de detalhe. Sendo assim, a simples decomposição do sinal pela MRSVD até o 3º nível de resolução, já é suficiente para eliminar a componente de 60 Hz, por causa da subamostragem.

A Figura 30 a seguir, ilustra o ECG da derivação V4 do registro 1002867, onde não

há interferência de 60 Hz. Ela exibe também o espectro de frequência e o espectrograma desse sinal.

Figura 30 – Derivação V4 do registro 1002867 (CHALLENGE2011, 2012) e seus respectivos espectro de frequências e espectrograma

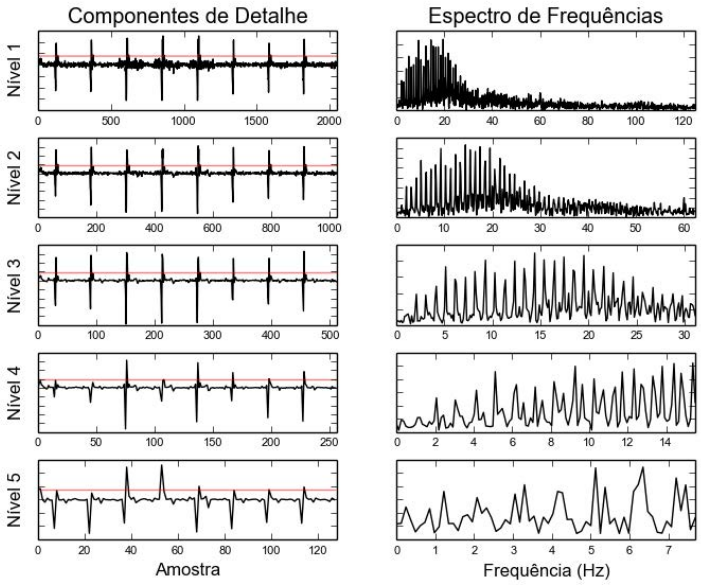


Fonte: Próprio Autor

O ECG exibido na Figura 30 é decomposto então em 5 níveis, conforme Figura 31, onde a linha vermelha representa o limiar utilizado para detecção dos complexos QRS. Nota-se que a detecção poderia ser realizada com apenas dois níveis de decomposição e, também, que, em todos os níveis, o espectro de frequências apresenta maiores amplitudes na faixa de 5 a 25 Hz, o que mostra que essa decomposição melhora a SNR do sinal a ser analisado, pois a faixa de frequências de um complexo QRS deve variar entre 8 e 10 Hz para garantir uma relação sinal-ruído melhor (ELGENDI; JONKMAN; BOER, 2010).

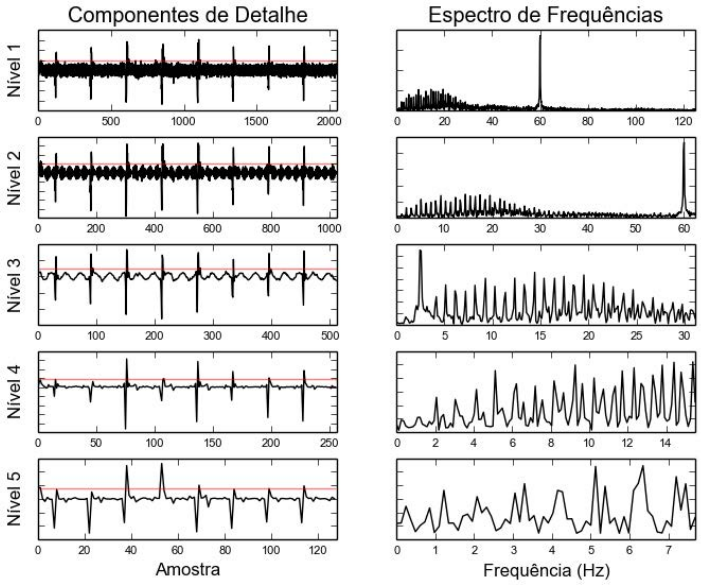
Na Figura 32 têm-se os resultados de uma análise similar realizada para o ECG contaminado pela interferência de 60 Hz. O espectro de frequências mostra que não há componente de 60 Hz no terceiro nível, sendo este o nível adequado para localizar o início e o fim dos complexos QRS. Isto mostra que uma decomposição em mais níveis permite um melhor processamento do sinal - redução de interferências.

Figura 31 – ECG da Figura 30 em 5 níveis de decomposição e seus respectivos espectros de frequências



Fonte: Próprio Autor

Figura 32 – ECG da Figura 30 contaminado por ruído de 60 Hz, em 5 níveis de decomposição e seus respectivos espectros de frequências



Fonte: Próprio Autor

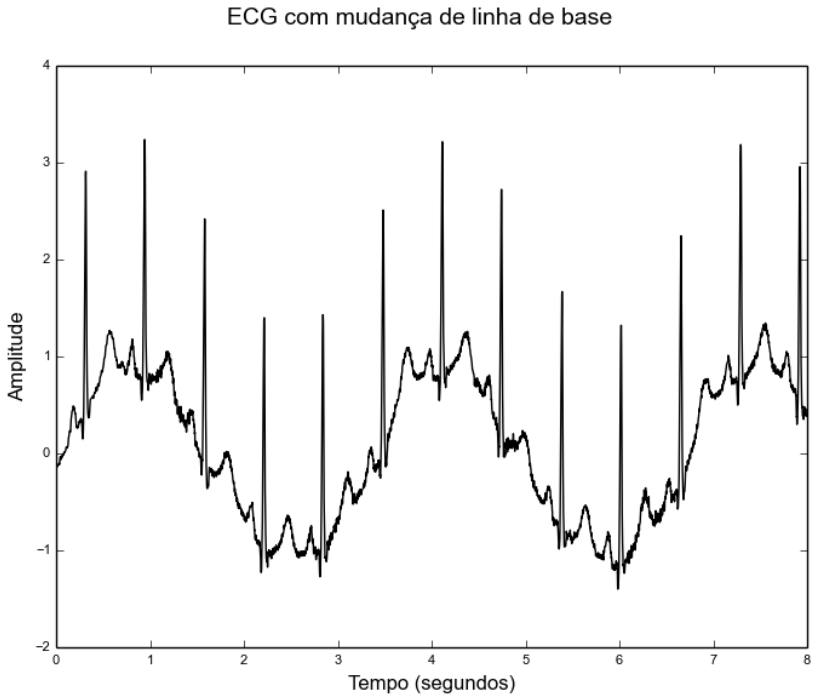
4.2.2 ECGs com mudança de linha de base

Viu-se no capítulo 2 que um dos artefatos mais comuns que se encontram em sinais de ECG são as mudanças de linhas de base. Nesta seção será visto que as componentes

de detalhes fornecidas pela decomposição MRSVD não estão sujeitas a tais interferências.

Para visualizar o que ocorre, será considerado o registro 1027085, e sua derivação I, à qual é somada uma senoide de 0,2 Hz que simula a mudança de linha de base, ilustrada pela Figura 33.

Figura 33 – Derivação I do registro 1027085 (CHALLENGE2011, 2012)

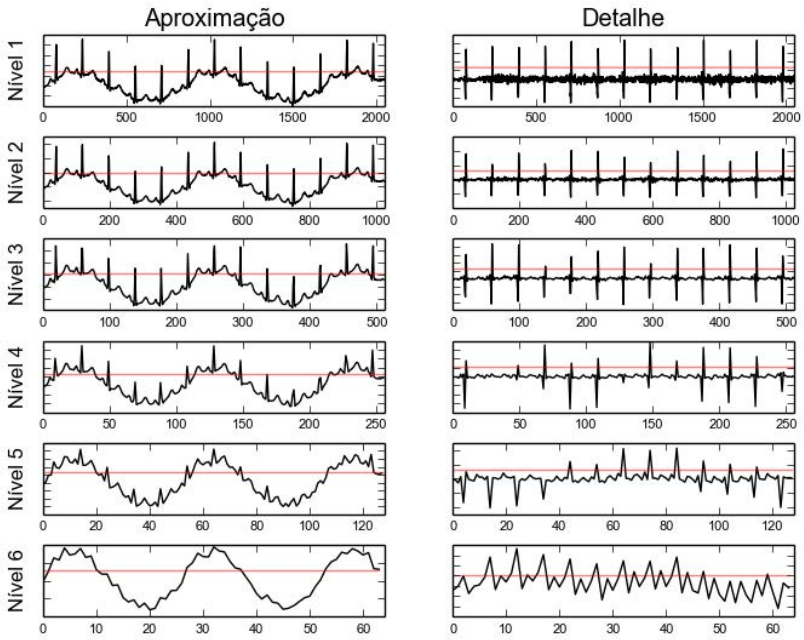


Fonte: Próprio Autor

No capítulo 3 ficou estabelecido que as componentes de detalhes são a saída de um filtro passa-alta, então é claro que essas componentes não terão influência da senoide de 0,2 Hz.

A Figura 34 mostra que as componentes de detalhes não apresentam qualquer mudança da linha de base do sinal decomposto, enquanto que as componentes de aproximação, a cada nível, tendem a se aproximar da senoide de 0,2 Hz. Aliás, há métodos para extração e remoção de linha de base, utilizando *wavelets*, que se aproveitam dessa característica (MUKAMIA, 2010).

Figura 34 – Decomposição do ECG da Figura 33 em 6 níveis



Fonte: Próprio Autor

4.3 Avaliação de Algoritmos de Detecção

No intuito de avaliar os resultados de um algorítimo de detecção dos complexos QRS, utilizam-se algumas medidas em termos da quantidade de picos detectados. Essas medidas associam as detecções falsas e as verdadeiras realizadas pelo algoritmo com o total de picos R analisados. Neste trabalho serão utilizadas as mesmas medidas sugeridas por Zidelmal et al. (2012) e Elgendi et al. (2008), a saber:

$$S_e = \frac{TP}{TP + FN}, \tag{119}$$

$$P_+ = \frac{TP}{TP + FP}, \tag{120}$$

e

$$E_r = \frac{FN + FP}{TB}, \tag{121}$$

onde S_e mede a sensibilidade, P_+ a previsibilidade positiva, e E_r, a taxa de erro na detecção. As variáveis envolvidas nas três equações são descritas a seguir.

- TP (*True Positive*): Representa as detecções verdadeiras, ou seja, picos R que realmente são picos R;

- FP (*False Positive*): Diz quantas são as detecções falsas, que ocorrem quando o pico detectado não corresponde a um pico R;
- FN (*False Negative*): São os falsos negativos, ou seja, o algoritmo não detecta que naquele ponto há um pico R, mas na verdade há;
- TB: Total de picos R analisados.

Analisando essas denominações vê-se que E_r deve informar sobre a precisão do algoritmo na detecção e, obviamente, quanto menor, melhor é a precisão. A previsibilidade positiva, P_+, indica capacidade do algoritmo de detectar corretamente todos os picos R existentes e é máxima quando não há falsos positivos. Já a sensibilidade, S_e, mede a capacidade do algoritmo em detectar os picos R verdadeiros. A avaliação destes parâmetros é feita manualmente, ou seja, após a obtenção do sinal, há uma contagem dos picos R, detectados e não detectados, de falsas detecções, etc.

Com o intuito de proporcionar uma ferramenta gráfica para análise dos resultados por meio das métricas definidas nas equações (119), (120) e (121), propõe-se a construção de três gráficos de dispersão que representem: sensibilidade $\times$ previsibilidade ($S_e \times P_+$), sensibilidade $\times$ erro ($S_e \times E_r$) e previsibilidade $\times$ erro ($P_+ \times E_r$).

Cada ponto nesses gráficos exibe o resultado de um certo experimento para duas medidas. Para avaliar e decidir se uma metodologia é mais ou menos adequada que outra utilizando essas visualizações, sugere-se que seja construído $1/4$ de um círculo, com raio de medida α. A escolha desse modelo se justifica porque a região delimitada pelo $1/4$ do círculo impõe uma distância limite para os valores que se deseja que o sistema de detecção alcance. Assim, se pretende comparar dois algoritmos para saber qual deles apresenta resultados superiores a 90%, deve-se ajustar o raio do $1/4$ do círculo para $\alpha = 0,1$. Os pontos que representam os experimentos devem então estar no interior desta circunferência.

Em relação aos gráficos, ambos eixos compreendem os intervalos de valores entre 0 e 1, e o centro do $1/4$ do círculo ρ deve ser $(1,1)$ para o gráfico ($S_e \times P_+$) e para ($S_e \times E_r$) e ($P_+ \times E_r$) o ponto ótimo, centro de ρ, é $(1,0)$.

Em resumo, para certificar-se que uma metodologia é mais apropriada que outra, basta verificar se o conjunto de pontos no interior de ρ é maior ou menor que aquele obtido

pela metodologia de referência. Sendo maior, então aquela metodologia que obteve esse resultado é melhor para a precisão escolhida.

Em linguagem mais formal, seja

$$\rho_1 : (S_e - 1)^2 + (P_+ - 1)^2 \leq \alpha^2,\ 0 \leq \{S_e, P_+\} \leq 1 \tag{122}$$

a equação do 1/4 do círculo para o gráfico $S_e \times P_+$,

$$\rho_2 : (S_e - 1)^2 + E_r^2 \leq \alpha^2,\ 0 \leq \{S_e, E_r\} \leq 1 \tag{123}$$

$$\rho_3 : (P_+ - 1)^2 + E_r^2 \leq \alpha^2,\ 0 \leq \{P_+, E_r\} \leq 1 \tag{124}$$

para os gráficos $S_e \times E_r$ e $P_+ \times E_r$, respectivamente. Seja ainda $\mathfrak{E}_1$, $\mathfrak{E}_2$ e $\mathfrak{E}_3$ os conjuntos com os pares ordenados (S_e, P_+), (S_e, E_r) e (P_+, E_r), respectivamente . Sendo assim, os resultados dos complexos QRS terão a precisão $(1 - \alpha)$ requerida se, e somente se,

$$\mathfrak{E}_1 \in \rho_1,$$

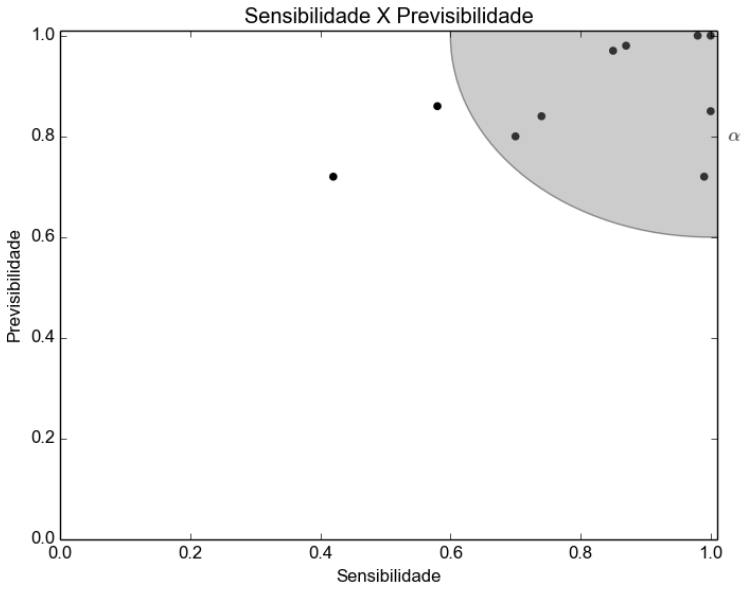
$$\mathfrak{E}_2 \in \rho_2,$$

$$\mathfrak{E}_3 \in \rho_3,$$

ou seja, se todos os resultados dos experimentos estiverem no interior do quarto de círculo, que é utilizado como delimitador da região a qual devem pertencer.

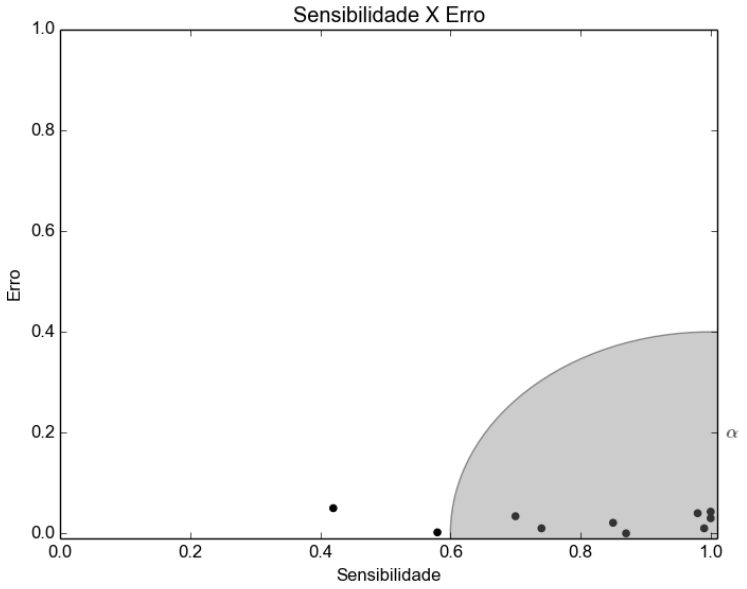
As Figuras a seguir ilustram esses três gráficos para um parâmetro α qualquer.

Figura 35 – Sensibilidade × Previsibilidade



Fonte: Próprio Autor

Figura 36 – Sensibilidade × Erro

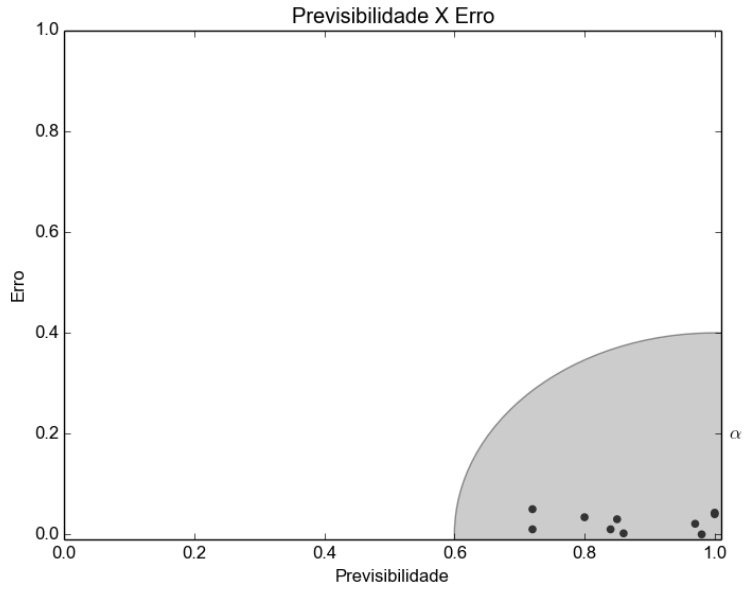


Fonte: Próprio Autor

4.4 Medidas para Comparação das Detecções em Diferentes Variações

No capítulo seguinte será descrita a base de dados para experimentação. Ela contém sinais de ECG nas doze derivações. É normal que a localização do ponto extremo máximo da onda R não seja exatamente a mesma em todas elas devido às diferentes

Figura 37 – Previsibilidade × Erro



Fonte: Próprio Autor

distâncias de posicionamento dos eletrodos em relação ao coração, o que deve ser percebido como um atraso em relação ao índice de amostra que representa a localização de um determinado pico R.

Como uma comparação visual dos sinais ECG com o vetor de detecção não é muito precisa, aqui é proposta a utilização de duas medidas para comparação dos resultados: a média da série de intervalos RR e seu coeficiente de variação.

O algoritmo de detecção dos complexos QRS, da forma como está sendo proposto, retorna um vetor que contém a localização de todos os picos R. Esse vetor é utilizado para construir, por exemplo, uma série que pode ser utilizada para análise da VFC (Variabilidade de Frequência Cardíaca) (VANDERLEI et al., 2009).

A média aritmética do comprimento desses intervalos, média da série, e o coeficiente de variação são utilizados para determinar se a detecção foi igual para todas as derivações. A análise desses valores juntamente com a avaliação visual dos sinais de ECG e do vetor de detecção é suficiente para proporcionar uma forma de calcular as medidas de performance definidas na seção anterior.

Considera-se a série de picos R como $R_{\triangle} = \{t_1, t_2, \cdots, t_i, \cdots, t_n\}$, sendo que t_i é a localização do i-ésimo pico R, e a série de intervalos RR como $RR_{_} = \{t_2 - t_1, t_3 - t_4, \cdots, t_n - t_{n-1}\}$. Assim, as medidas para comparação dos picos R detectados nas diferentes derivações são

dadas pela equação (125) que retorna o comprimento médio dos intervalos e a equação (126) que fornece o coeficiente de variação.

$$\mu_{RR_{_}} = \frac{(t_2 - t_1) + (t_3 - t_2) + \cdots + (t_n - t_{n-1})}{n - 1}. \tag{125}$$

$$c_{R_{\triangle}} = \frac{\sigma_{R_{\triangle}}}{\mu_{RR_{_}}}, \tag{126}$$

sendo $\sigma_{R_{\triangle}}$ o desvio padrão da série $R_{\triangle}$.

4.4.1 Nível de Ruído

Nesta subseção pretende-se abordar alguma medida que possa ser utilizada simplesmente para dizer se um determinado sinal de ECG, de certa derivação, é mais ruidoso que outro. Uma medida comumente utilizada na engenharia para delimitar a potência do ruído em um sinal é a SNR (GAUTAM; LEE; CHUNG, 2012). Seu cálculo não é tão simples para sinais de ECG porque neles não há intervalos onde pode haver apenas ruído, já que o sinal todo é o sinal de interesse, o que impede de utilizar sua definição clássica. Alguns autores consideram a seguinte equação para cálculo da SNR em sinais de ECG (GAUTAM; LEE; CHUNG, 2012):

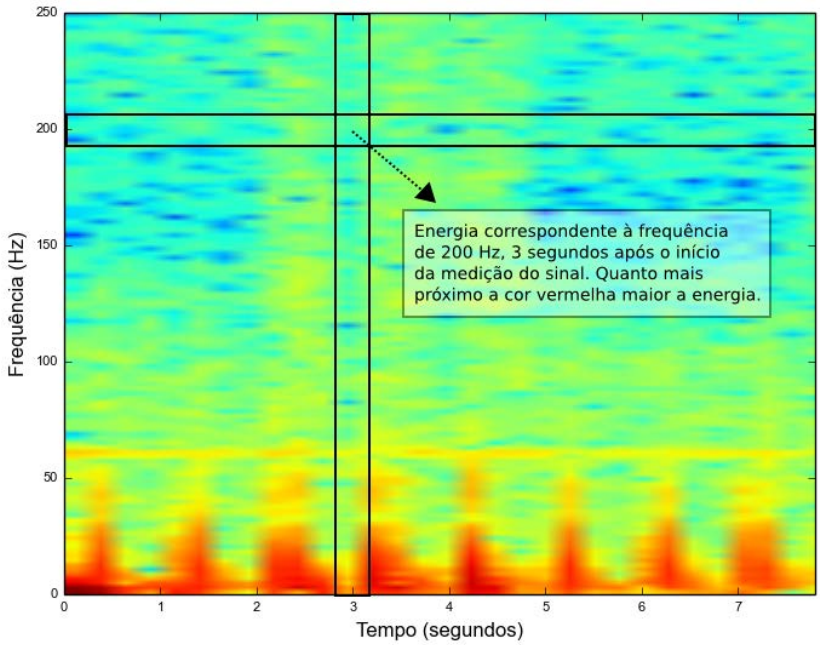
$$SNR = 10 \log_{10} \left(\frac{\mathbf{s}}{\mathbf{s} - \mathbf{s}_n} \right) \tag{127}$$

onde $\mathbf{s}$ é o sinal de ECG e $\mathbf{s}_n$ é o sinal filtrado - com ruídos e/ou artefatos removidos.

Obviamente o denominador da equação (127) não será ruído puro mas terá algumas componentes do sinal também, já que não existe um filtro ideal para remoção de ruído. E ainda, há o problema da remoção do ruído de alta frequência, porque a largura de banda dos complexos QRS compreende o intervalo aproximado de 10 a 40 Hz. Outro problema em utilizar a definição da SNR, como na equação (127), é o custo computacional envolvido. Para os propósitos desse trabalho, a SNR seria utilizada apenas para evidenciar a performance do algoritmo proposto quando aplicado a sinais com maior ou menor nível de ruído. Por isso, a análise dos espectrogramas pode substituir o cálculo dessa medida. Essa análise é realizada apenas para comparação de registros do mesmo indivíduo, evidenciando em qual derivação há mais ou menos ruído.

O espectrograma, na forma planar, é um gráfico tempo × frequência, sendo que a terceira dimensão é exibida por gradação de cores, variando do violeta ao vermelho, e a intensidade da densidade de energia (OLIVEIRA, 2007). A Figura 38 exibe o espectrograma de um ECG qualquer, ressaltando a terceira dimensão do gráfico, que é fornecida pela cor correspondente a interseção do eixo da frequência com o do tempo, sendo que quanto mais próximo da cor vermelha maior a energia, e quanto mais próximo ao violeta, menor.

Figura 38 – Espectrograma de um ECG



Fonte: Próprio Autor

5 EXPERIMENTOS E RESULTADOS

Este capítulo está dividido em três partes. Na primeira, faz-se uma descrição sucinta da base de dados utilizada e na segunda, são apresentados os diferentes conjuntos de dados com as respectivas análises. Por último, são exibidos os resultados das detecções, comparando os resultados obtidos com outros obtidos a partir do método proposto por (PAN; TOMPKINS, 1985), baseado nos critérios vistos no capítulo 4.

5.1 Base de Dados de Estudo

A descrição da base de dados de ECG utilizada neste estudo consta na íntegra no parágrafo a seguir.

> The aim of the PhysioNet/Computing in Cardiology Challenge 2011 is to develop an efficient algorithm able to run in near real-time within a mobile phone, that can provide useful feedback to a layperson in the process of acquiring a diagnostically useful ECG recording. At a minimum, the software should be able to indicate within a few seconds, while the patient is still present, if the ECG is of adequate quality for interpretation, or if another recording should be made. Ideally, the software should identify common problems (such as misplaced electrodes, poor skin-electrode contact, external electrical interference, and artifact resulting from patient motion) and either compensate for these deficiencies or provide guidance for correcting them. Data to support development and evaluation of challenge entries are being collected by the Sana project, and will be provided freely via PhysioNet. The data set will include ten-second recordings of twelve-lead ECGs; age, sex, weight, and possibly other relevant information about the patients; and (for some patients) a photo of the electrode placement taken using the mobile phone. Although some of the recordings will be identified initially as acceptable or unacceptable, challenge participants and others interested will have an opportunity to assist in establishing a "gold standard"classification of the quality of the recordings in the challenge data set. (CHALLENGE2011, 2012).

Alguns detalhes técnicos relevantes para essa pesquisa são listados a seguir.

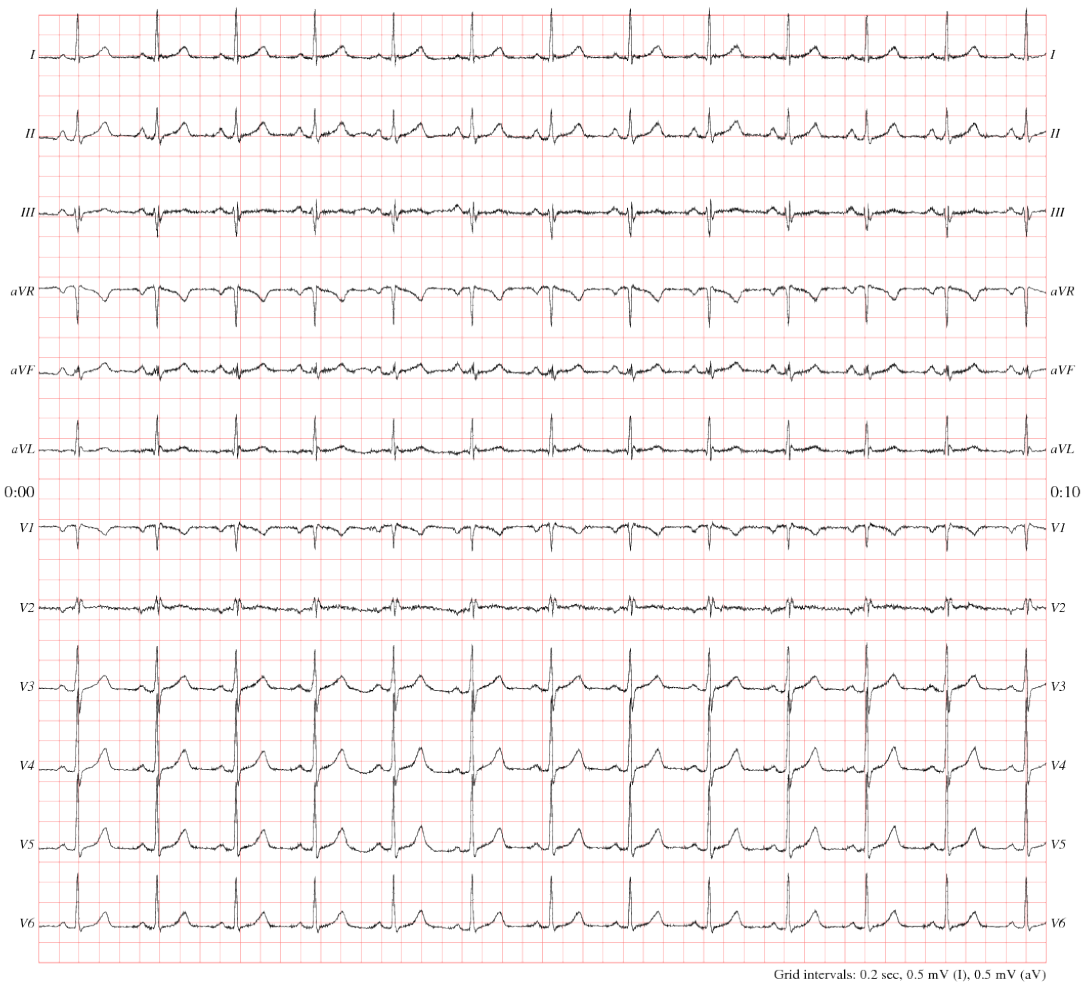
- Os registros dos ECGs foram realizados utilizando as 12 derivações;
- Cada registro compreende 10 segundos de gravação amostradas a taxa de 500 Hz com resolução de 16 *bits*;

Vale ressaltar que as medições foram realizadas por enfermeiros, técnicos em saúde e voluntários, a maioria com pouca experiência. No entanto a intenção do projeto é

verificar se esses profissionais seriam mesmo capazes de obter ECGs de qualidade de forma confiável. Do projeto Challenge 2011, há três conjuntos de testes disponíveis, a saber: Conjunto Piloto, Conjunto A de Treinamento e Conjunto de Teste B. Para as pesquisas aqui realizadas serão considerados os registros do Conjunto A de Treinamento, porque esses registros apresentam vários dos tipos de artefatos e ruídos possíveis de existirem em sinais de ECG.

Um exemplo de ECG desse banco de dados pode ser visualizado na Figura 39. Ele foi gerado pela ferramenta *on-line* ATM da (GOLDBERGER et al., 2000), disponível pelo *link* http://www.physionet.org/cgi-bin/atm/ATM. Ele mostra o sinal de ECG em todas as derivações numa grade onde cada quadrado horizontal equivale a 0,2 segundos enquanto os verticais a 0,5 mV.

Figura 39 – Registro 2409959 do Conjunto A de dados de Treinamento da PhysioNet



Fonte: Goldberger et al. (2000)

5.1.1 Utilização

Dentre os vários registros disponíveis para avaliação foram escolhidos alguns daqueles que apresentam os ruídos e artefatos mencionados no Capítulo 2. A intenção é testar o algoritmo de detecção aqui proposto em todas as derivações de cada registro, mesmo que haja uma ou outra derivação com distorções severas. Para cada registro serão computadas as medidas de avaliação da qualidade de detecção, propostas no Capítulo 4, em cada derivação, obtendo assim uma medida de qualidade final por registro.

5.2 Experimentos

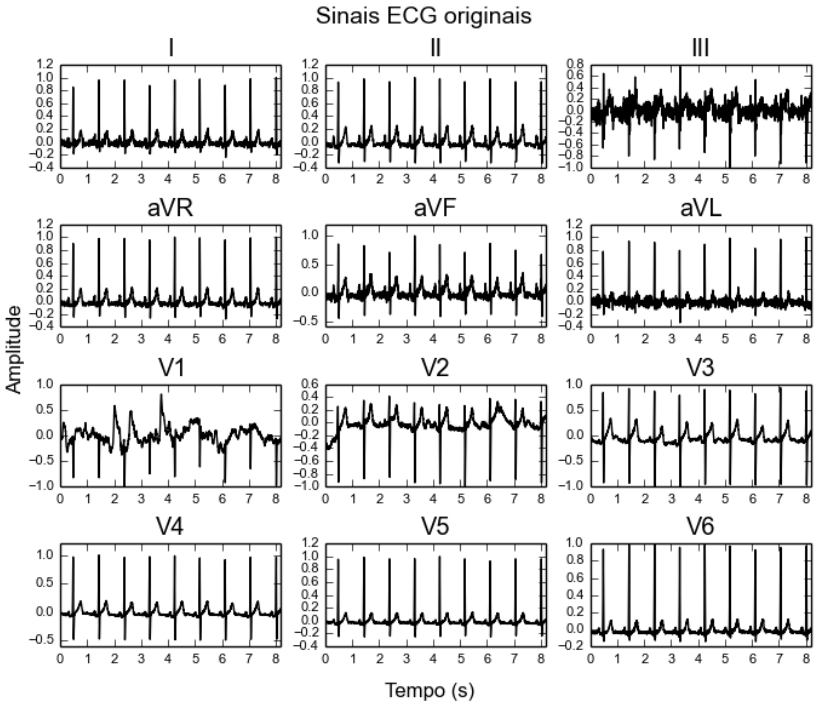
Foram analisados 10 registros da base de dados selecionada, totalizando 120 sinais de ECG e 1191 batimentos analisados. Nesta seção são comentados e ilustrados apenas os experimentos que tiveram falha na detecção em pelo menos uma derivação, devido a ruído/artefato. Os demais experimentos estão organizados no Apêndice C.

5.2.1 Experimento III

Neste experimento o registro 1365861 é analisado. Quatro de suas derivações apresentam ruído de alta frequência, a saber: I, III, aVF, aVL. Outras duas apresentam distorções no traçado do ECG, com destaque para V1, onde aparecem algumas ondas P e T com amplitudes bem superiores as dos complexos QRS, que para essa derivação é predominantemente negativo, daí ser mais difícil ainda sua localização. A Figura 40 mostra os sinais analisados em cada derivação.

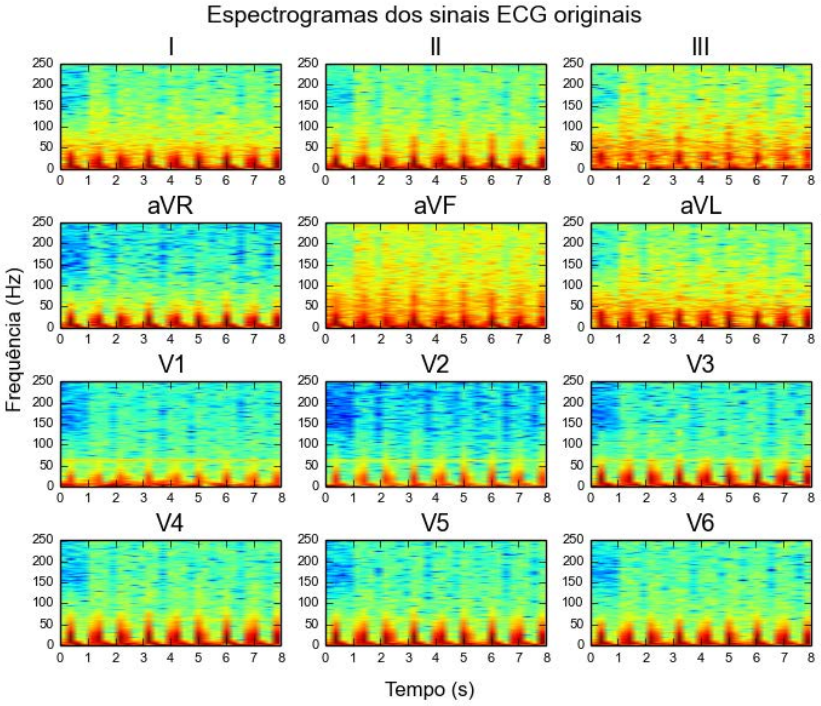
Constata-se pela análise da Figura 41 que o ruído típico de 60 Hz está presente nas derivações precordiais, com maior energia de V1 a V3. Em V1 encontra-se o pior caso, porque além do ruído de 60 Hz há distorções de alta frequência no sinal, que são interpretadas como ondas R. Por isso, a detecção para essa derivação não foi correta, encontrando dois picos R falsos.

Figura 40 – Derivações do registro 1365861 (CHALLENGE2011, 2012)



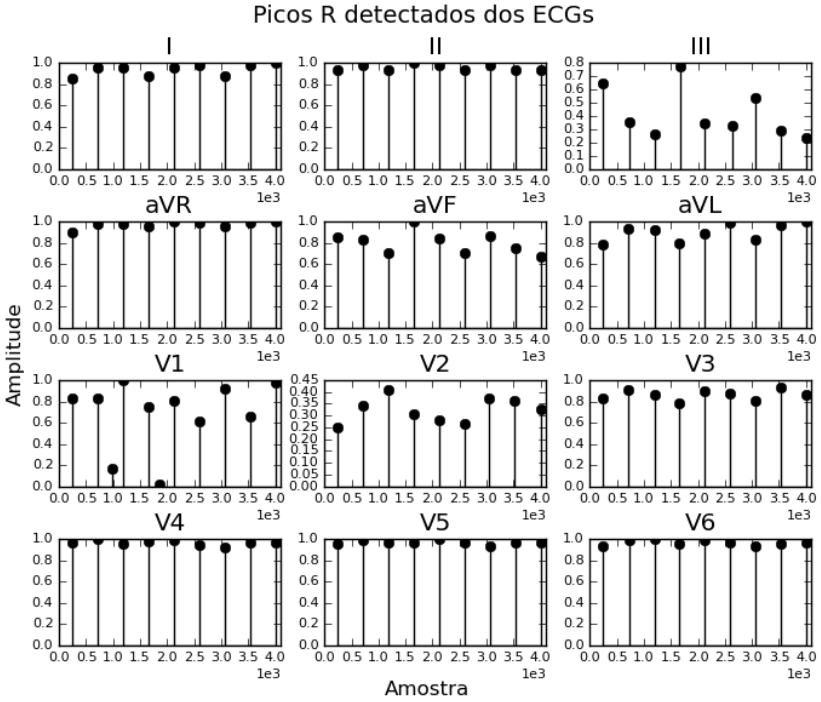
Fonte: Próprio Autor

Figura 41 – Espectrogramas dos ECGs das derivações do registro 2975201 (CHALLENGE2011, 2012)



Fonte: Próprio Autor

Figura 42 – Picos R detectados das derivações do registro 2975201 (CHALLENGE2011, 2012)



Fonte: Próprio Autor

5.2.2 Experimento VI

Neste experimento, que utiliza o registro 1538846 para detecção, os picos R são proeminentes em todas as derivações, no entanto, não foi possível a correta detecção na derivação aVL, ocasionando a falsa detecção de um pico R. Analisando o respectivo espectrograma, Figura 44, nota-se como nos instantes de 6 a 7 segundos, há energia significativa além da banda de frequência de compreensão dos complexos QRS. Por isso, houve a detecção de falso pico nesse intervalo. Apesar de também haver ruído significativo na derivação I, devido a maior energia dos complexos QRS, individualmente, cerca de 0,2 vezes maior que na derivação aVL, a detecção foi correta.

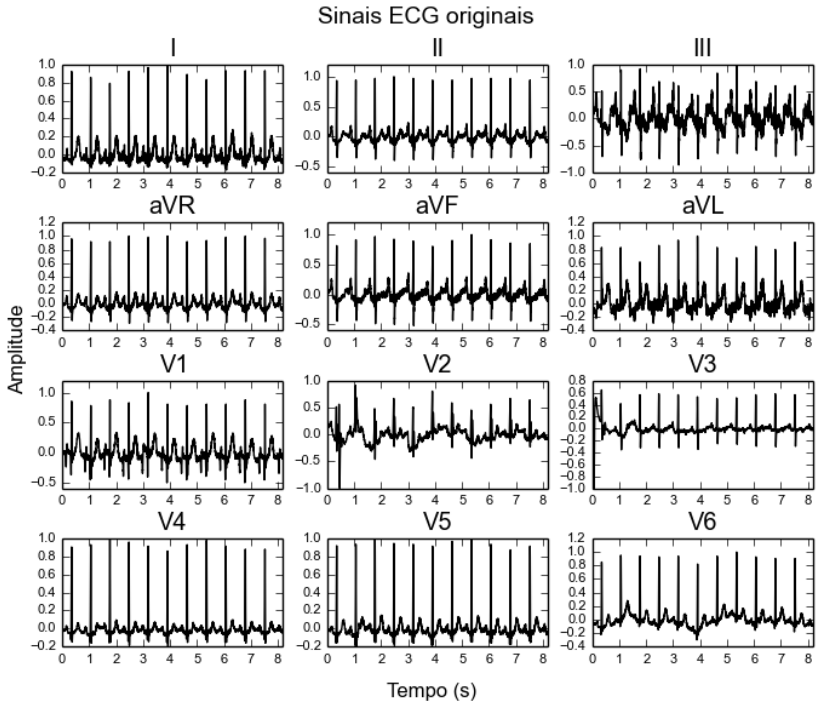
Outro ECG com distorção é aquele da derivação V2, que além de estar presente um artefato de mudança de linha de base não muito suave, nos segundos iniciais existe uma onda de alta frequência antes do primeiro complexo QRS, que confunde o algoritmo acarretando na detecção de uma onda R falsa, próxima à onda R verdadeira. Este fato ficará mais claro ao se analisar os dados da Tabela 12.

Outra mudança de linha de base, mas não tão acentuada também está presente no ECG da derivação V6 e em V3, onde aparece no primeiro instante um mudança brusca

do tipo já vista em outros sinais. Já no ECG da derivação III as ondas P têm amplitudes tão altas quanto os complexos QRS, enquanto as ondas T não têm amplitudes tão altas, mas fase negativa. Artefatos do tipo EMG também estão presentes nessa derivação, assim como em I, aVL, aVR e V5, o que é percebido nos respectivos espectrogramas como pontos de maior intensidade de energia fora da faixa de 40 Hz. Na derivação V5, percebe-se ainda que a onda P é bifásica em todo o sinal e apresenta ondas Q e S bem definidas.

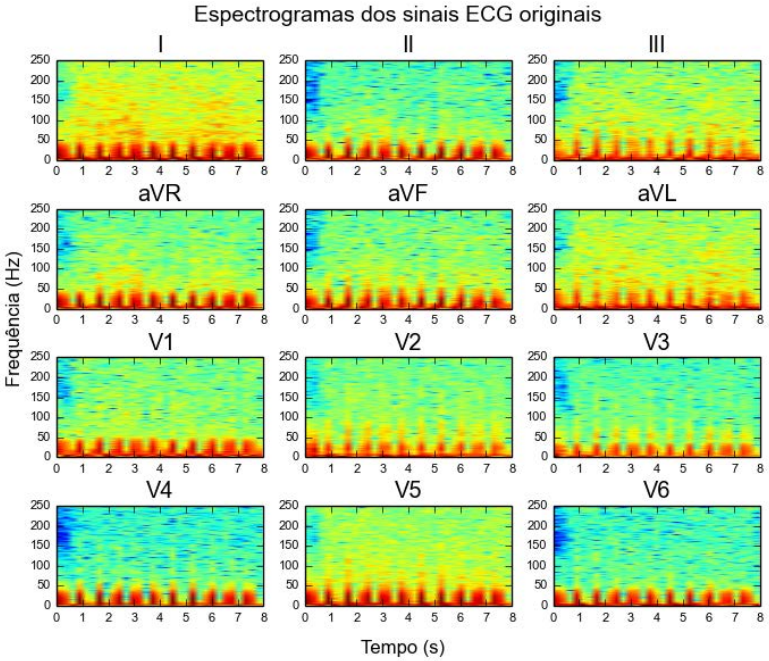
As Figuras 43 e 45, a seguir, ilustram os sinais ECG em cada derivação e os respectivos resultados das detecções.

Figura 43 – Derivações do registro 1538846 (CHALLENGE2011, 2012)



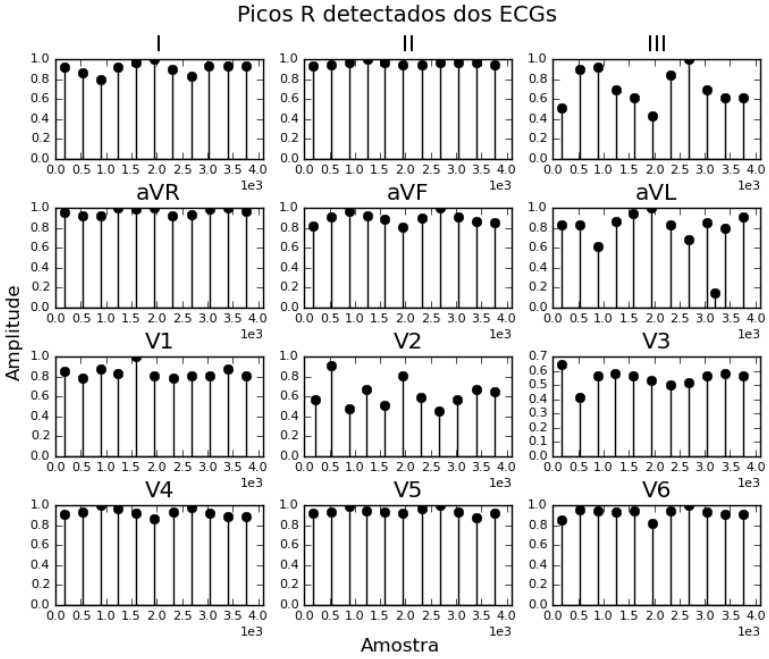
Fonte: Próprio Autor

Figura 44 – Espectrogramas dos ECGs das derivações do registro 1538846 (CHALLENGE2011, 2012)



Fonte: Próprio Autor

Figura 45 – Picos R detectados das derivações do registro 1538846 (CHALLENGE2011, 2012)



Fonte: Próprio Autor

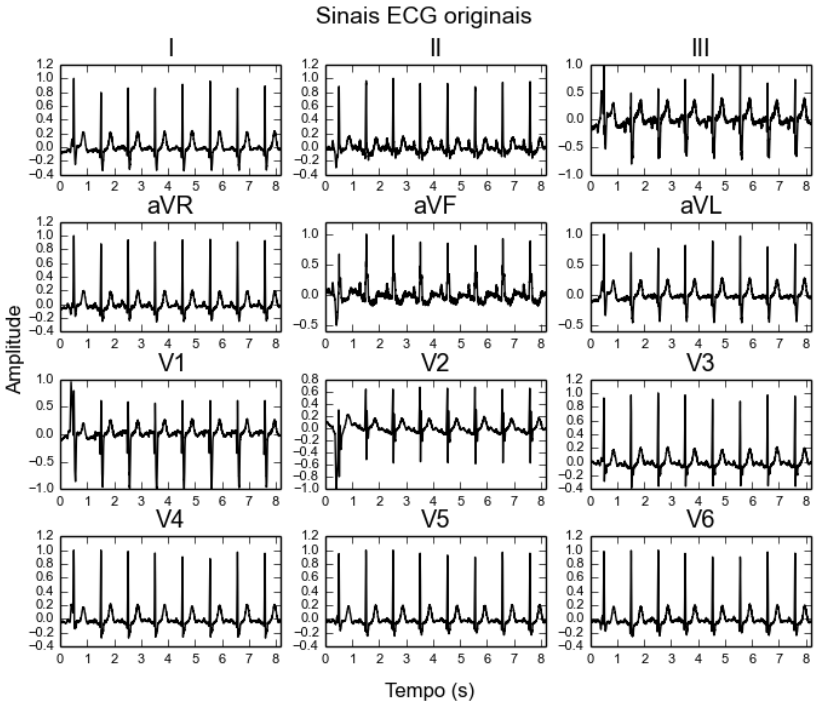
5.2.3 Experimento VII

O sétimo experimento que é realizado sobre o registro 1603086 da base de dados, apresenta nas derivações, III, aVF, aVL, V1 e V2, ondas R e R' no primeiro complexo QRS. Mesmo assim houve a detecção correta das ondas R, sendo, no caso, considerada aquela com maior amplitude já que o algoritmo buscou o ponto extremo máximo no intervalo do complexo QRS todo, exceto em V1 e V2, onde a metodologia proposta encontrou uma onda R a mais para o primeiro complexo QRS.

Já a derivação II apresenta artefato do tipo EMG, que pode ser observado pelo seu espectrograma na Figura 47. Em V3, o segmento ST aparece como uma deflexão negativa em todo o sinal, mesmo assim não houve interferência na detecção. As demais derivações não apresentam problemas significativos.

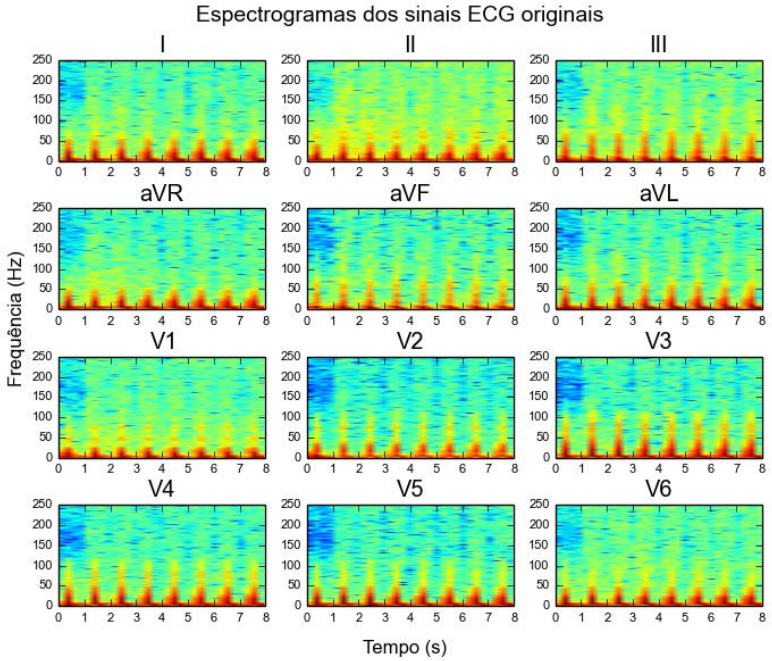
As Figuras 46 e 48 exibem os sinais de ECG em cada derivação e os resultado das detecções, respectivamente.

Figura 46 – Derivações do registro 1603086 (CHALLENGE2011, 2012)



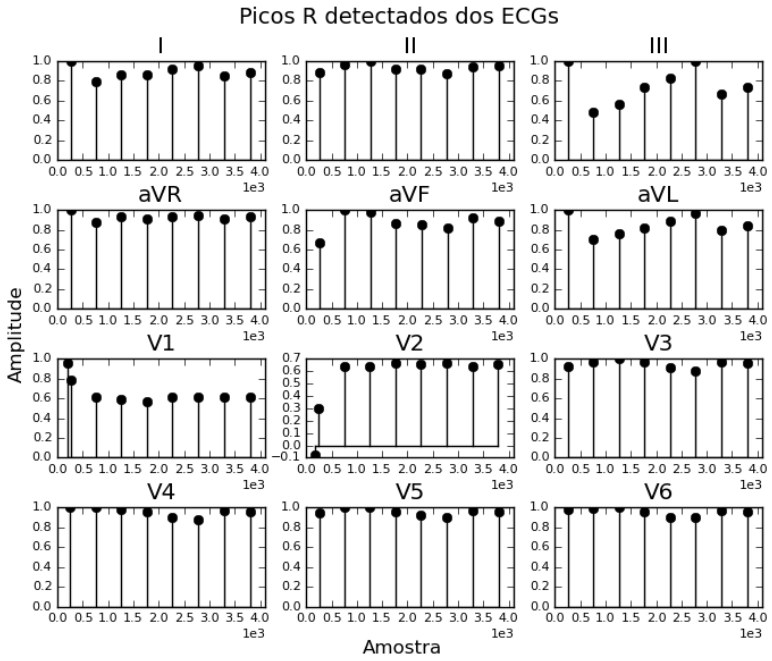
Fonte: Próprio Autor

Figura 47 – Espectrogramas dos ECGs das derivações do registro 1603086 (CHALLENGE2011, 2012)



Fonte: Próprio Autor

Figura 48 – Picos R detectados das derivações do registro 1603086 (CHALLENGE2011, 2012)



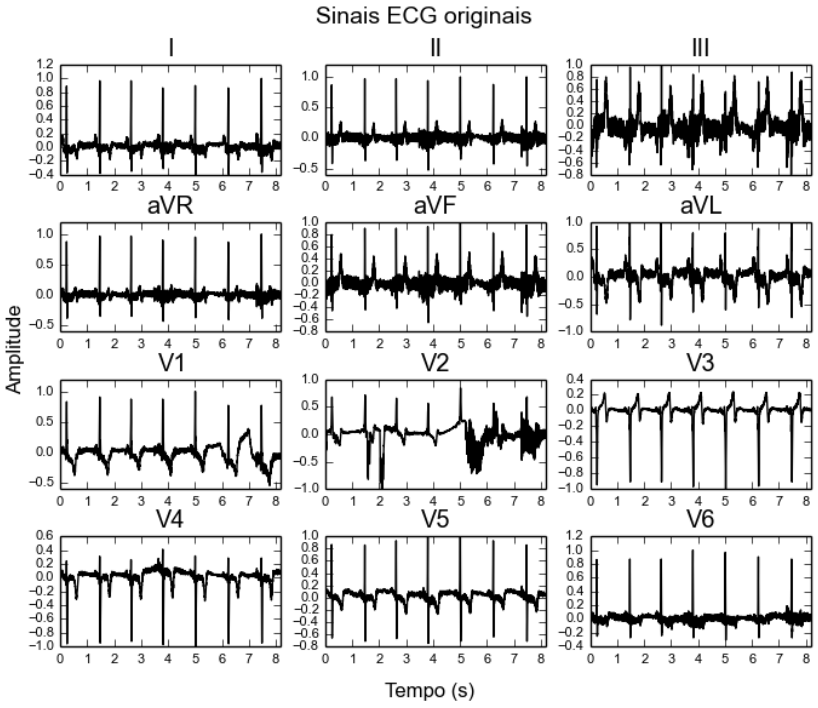
Fonte: Próprio Autor

5.2.4 Experimento X

No último experimento realizado fez-se a detecção dos picos R do registro 2209843. Percebe-se pela análise dos espectrogramas, Figura 50, que os ECGs de todas as derivações estão contaminados pelo ruído característico de 60 Hz, além de ruídos de mais alta frequência ainda. As derivações aVR e V5 são aquelas que apresentam sinais com maior nível de ruído nas altas frequências. Em V2 tem-se o sinal com maior distorção da linha de base, e também apresenta alto nível de ruído após 5 segundos. Na derivação periférica III, tem-se ondas T com amplitudes maiores que as ondas R, elas são bifásicas em V2, V3 e aVR, têm fase positiva em II, III e aVF e nas demais derivações fase negativa.

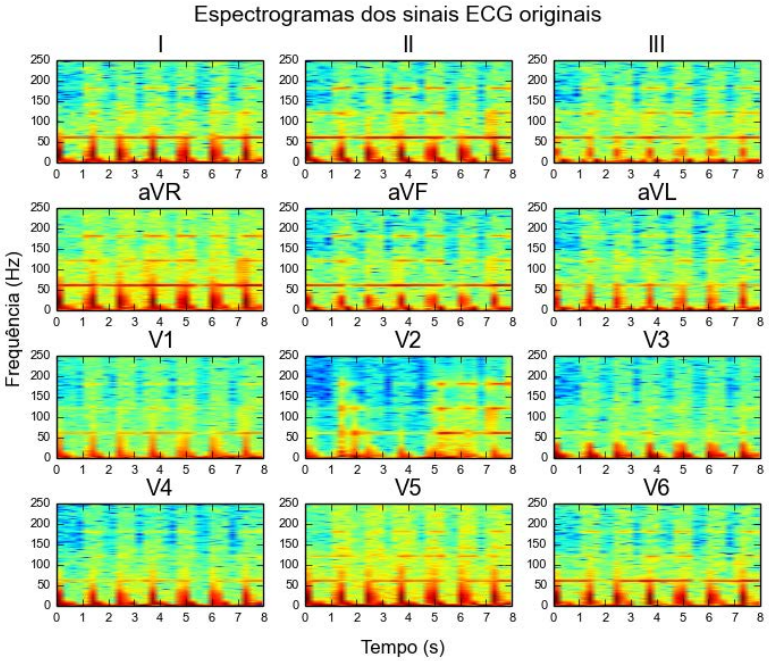
As Figuras 49, 50 e 51 ilustram os sinais de ECG originais, seus espectrogramas e o resultado da detecção, respectivamente. Somente nas derivações III e V2 houve a detecção de picos R falsos, sendo 2 picos na derivação III e 3 picos na derivação V2.

Figura 49 – Derivações do registro 2209843 (CHALLENGE2011, 2012)



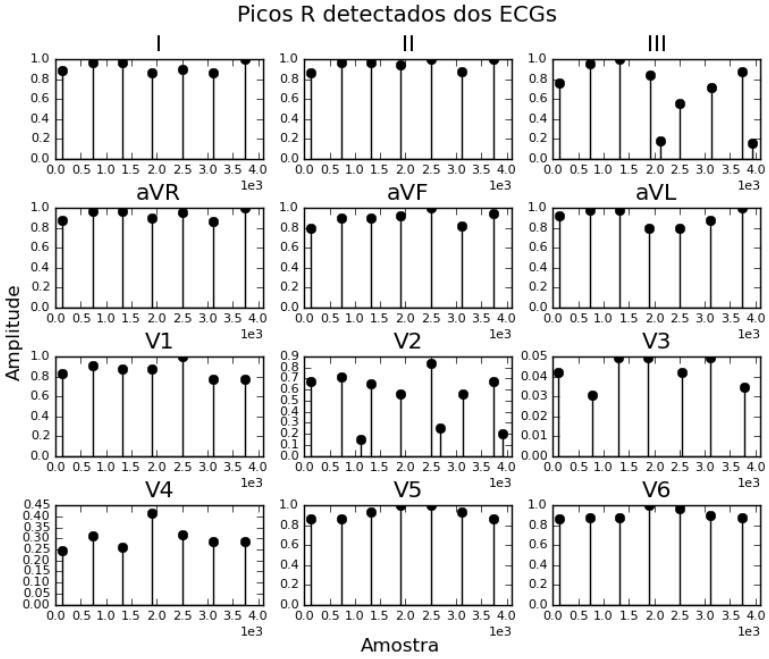
Fonte: Próprio Autor

Figura 50 – Espectrogramas dos ECGs das derivações do registro 2209843 (CHALLENGE2011, 2012)



Fonte: Próprio Autor

Figura 51 – Picos R detectados das derivações do registro 2209843 (CHALLENGE2011, 2012)



Fonte: Próprio Autor

5.3 Resultados

Para exibição dos resultados serão consideradas as medidas de qualidade definidas no capítulo 4 em cada derivação. Nas tabelas, de cada um dos registros, há resultados parciais da qualidade de detecção do algoritmo. Esse total parcial exibido, para as medidas de qualidade, são os valores médios.

O resultado final, média dos índices obtidos em cada experimento, é apresentado ao final desta seção, na Tabela 22.

5.3.1 Experimento I

O primeiro experimento buscou a detecção dos complexos QRS das 12 derivações do registro 1002867. Cada medida de qualidade está exibida na Tabela 2, bem como as medidas relativas aos intervalos RR. A análise das Figuras 53 e 54 mostram que o algoritmo proposto foi extremamente efetivo para esse registro obtendo 100% de previsibilidade e sensibilidade, mesmo diante das distorções iniciais em cada derivação e das altas amplitudes das ondas T em certos instantes. Os valores médios dos comprimentos dos intervalos são diferentes por alguns décimos apenas, assim como os coeficientes de variação, indicando que os picos R detectados têm a mesma distância entre si.

Tabela 2 – Resultados da detecção para o registro 1002867 pela metodologia proposta

Derivação	TP	FP	FN	TB	S_e	P_+	E_r	$c_{R_\triangle}$	$\mu_{RR_\text{-}}$
I	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,30	485,71
II	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,29	485,71
III	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,30	485,57
aVR	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,29	485,86
aVF	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,30	485,29
aVL	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,30	485,57
V1	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,29	485,71
V2	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,30	485,71
V3	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,29	485,86
V4	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,29	485,71
V5	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,29	485,71
V6	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,29	485,86
Total	96	0	0	96	1,00	1,00	0,00	2,29	485,70

Para este experimento o método de Pan e Tompkins (1985) também obteve o mesmo percentual de previsibilidade e sensibilidade, que pode ser observado na Tabela 3.

Tabela 3 – Resultados da detecção para o registro 1002867 pelo algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985)

Derivação	TP	FP	FN	TB	S_e	P_+	E_r	c_{R_Δ}	μ_{RR_-}
I	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	485,57
II	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	485,71
III	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	485,28
aVR	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	485,71
aVF	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	485,57
aVL	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	485,57
V1	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	485,85
V2	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,44	490,57
V3	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	485,57
V4	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	485,71
V5	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	485,71
V6	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	485,57
Total	96	0	0	96	1,00	1,00	0,00	2,45	486,03

5.3.2 Experimento II

No segundo experimento, assim como no primeiro, foram obtidos bons índices de performance, havendo variação mínima das médias dos comprimentos dos intervalos RR, sendo que o coeficiente de variação foi o mesmo em todas as derivações, exceto para as derivações III e aVF, variando uma casa decimal apenas.

Tabela 4 – Resultados da detecção para o registro 1027085 pela metodologia proposta

Derivação	TP	FP	FN	TB	S_e	P_+	E_r	c_{R_Δ}	μ_{RR_-}
I	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,74	317,00
II	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,74	317,00
III	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,75	317,17
aVR	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,74	317,00
aVF	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,76	315,33
aVL	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,74	317,08
V1	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,74	317,00
V2	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,74	317,00
V3	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,74	317,00
V4	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,74	317,00
V5	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,74	317,00
V6	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,74	317,83
Total	156	0	0	156	1,00	1,00	0,00	3,75	316,88

O método de Pan e Tompkins (1985) não gerou bons resultados para este experimento, pois na derivação aVF houve apenas três detecções verdadeiras, sendo que nove delas foram próximas aos complexos QRS. Esses resultados podem ser conferidos na Tabela 5.

Tabela 5 – Resultados da detecção para o registro 1027085 pelo algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985)

Derivação	TP	FP	FN	TB	S_e	P_+	E_r	c_{R_Δ}	μ_{RR_-}
I	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,89	317,00
II	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,89	316,91
III	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,89	317,08
aVR	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,89	317,00
aVF	3	9	1	12	0,50	0,75	0,83	3,68	346,18
aVL	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,89	317,08
V1	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,89	317,00
V2	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,89	317,00
V3	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,89	317,00
V4	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,89	316,91
V5	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,89	316,91
V6	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,89	316,83
Total	146	9	1	155	0,96	0,98	0,06	3,87	317,08

5.3.3 Experimento III

Neste experimento, espera-se um resultado um pouco pior do que os obtidos nos experimentos anteriores pois, para as derivação V1, não houve detecção correta, tendo o algoritmo proposto detectado 2 picos a mais que o devido. A Tabela 6 exibe os resultados.

Destaca-se que o coeficiente de variação, como esperado, é diferente na derivação V1, assim como a média dos comprimentos dos intervalos RR, devido a uma falsa detecção nessa derivação.

Tabela 6 – Resultados da detecção para o registro 1365861 pela metodologia proposta

Derivação	TP	FP	FN	TB	S_e	P_+	E_r	c_{R_Δ}	μ_{RR_-}
I	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,57	470,75
II	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,57	470,75
III	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,58	469,00
aVR	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,57	470,88
aVF	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,57	470,75
aVL	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,57	471,00
V1	9	2	0	11	1,00	0,81	0,18	3,04	376,70
V2	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,57	470,88
V3	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,57	470,88
V4	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,57	470,88
V5	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,57	470,88
V6	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,57	470,75
Total	108	2	0	101	1,00	0,98	0,02	2,61	462,84

Para o método de Pan e Tompkins (1985) o resultado foi pior ainda, principalmente na derivação III, onde houve a detecção de vinte e um picos R, mas somente três deles

verdadeiros. Isso ocasionou um percentual de sensibilidade de 94% e de previsibilidade de 91% (o que equivale a um erro de 10%), inferiores às taxas obtidas pelo método proposto, que foram de 100%, 98% e 2%, respectivamente. Na Tabela 5 estão exibidos os resultados para o método de Pan e Tompkins (1985) do mesmo experimento.

Tabela 7 – Resultados da detecção para o registro 1365861 pelo algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985)

Derivação	TP	FP	FN	TB	S_e	P_+	E_r	c_{R_Δ}	μ_{RR_-}
I	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,72	471,00
II	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,73	470,75
III	3	17	6	21	0,33	0,15	1,10	5,94	191,50
aVR	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,73	470,87
aVF	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,73	470,62
aVL	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,72	471,11
V1	9	2	0	11	1,00	0,82	0,18	3,18	376,60
V2	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,73	470,87
V3	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,73	470,87
V4	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,73	470,75
V5	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,73	470,87
V6	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,73	470,75
Total	102	19	6	122	0,95	0,92	0,11	3,03	439,71

5.3.4 Experimento IV

O resultado exibido na Tabela 8, não difere dos resultados dos primeiros experimentos. Da mesma forma que as Tabelas dos experimentos I e II, a Tabela 8 também exibe o valor médio do coeficiente de variação c_{R_Δ} igual aos valores obtidos em cada derivação. Pode-se ainda perceber que apenas na derivação V6 houve alteração no valor do coeficiente de variação. Já a média dos intervalos RR variou apenas por algumas casas decimais em cada derivação. Por outro lado, o método de Pan e Tompkins (1985), na derivação V6, detectou dois picos além dos verdadeiros, o que reduziu o índice de previsibilidade para 99%. A Tabela 9 exibe os resultados para esse método.

Tabela 8 – Resultados da detecção para o registro 2995146 pela metodologia proposta

Derivação	TP	FP	FN	TB	S_e	P_+	E_r	c_{R_Δ}	μ_{RR_-}
I	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	2,87	410,33
II	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	2,87	410,11
III	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	2,87	410,11
aVR	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	2,87	410,22
aVF	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	2,87	410,33
aVL	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	2,87	410,22
V1	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	2,87	410,22
V2	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	2,87	410,22
V3	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	2,87	410,11
V4	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	2,87	410,22
V5	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	2,87	410,33
V6	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	2,88	410,22
Total	120	0	0	120	1,00	1,00	0,00	2,87	410,22

Tabela 9 – Resultados da detecção para o registro 2995146 pelo algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985)

Derivação	TP	FP	FN	TB	S_e	P_+	E_r	c_{R_Δ}	$\mu_{RR_}$
I	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	3,02	410,22
II	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	3,02	410,22
III	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	3,02	410,11
aVR	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	3,02	410,11
aVF	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	3,02	410,22
aVL	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	3,02	410,22
V1	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	3,02	410,22
V2	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	3,02	410,22
V3	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	3,02	410,33
V4	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	3,02	410,22
V5	10	0	0	10	1,00	1,00	0,00	3,02	410,22
V6	10	2	0	12	1,00	0,83	0,17	3,71	335,72
Total	120	2	0	122	1,00	0,99	0,01	3,08	404,00

5.3.5 Experimento V

Apesar das mudanças de linha de base nos primeiros dois segundos nas derivações II, III, aVF e aVL e ainda devido a baixa amplitude das ondas R nas derivações precordiais de V1 a V3, o algoritmo proposto detectou corretamente todos os picos R, conforme pode ser observado na Tabela 10.

Tabela 10 – Resultados da detecção para o registro 1186453 pela metodologia proposta

Derivação	TP	FP	FN	TB	S_e	P_+	E_r	c_{R_Δ}	$\mu_{RR_}$
I	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,45	334,36
II	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,45	334,45
III	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,45	334,45
aVR	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,45	334,45
aVF	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,45	334,45
aVL	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,45	334,55
V1	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,45	334,45
V2	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,45	334,55
V3	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,45	334,45
V4	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,45	334,45
V5	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,45	334,55
V6	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,45	334,45
Total	144	0	0	144	1,00	1,00	0,00	3,45	334,47

O mesmo resultado obtido pelo método proposto foi alcançado pelo método de Pan e Tompkins (1985), o que pode ser observado na Tabela 11.

Tabela 11 – Resultados da detecção para o registro 1186453 pelo algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985)

Derivação	TP	FP	FN	TB	S_e	P_+	E_r	$c_{R_\triangle}$	$\mu_{RR_\text{-}}$
I	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,60	334,54
II	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,60	334,45
III	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,60	334,45
aVR	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,60	334,54
aVF	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,60	334,45
aVL	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,60	334,45
V1	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,60	334,45
V2	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,60	334,45
V3	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,60	334,45
V4	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,60	334,45
V5	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,60	334,45
V6	12	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,60	334,54
Total	144	0	0	144	1,00	1,00	0,00	3,60	334,47

5.3.6 Experimento VI

Neste experimento, as derivações para as quais não foi possível a correta detecção foram aVL, tendo sido detectado um pico R além daqueles realmente existentes e V2 onde houve uma false detecção.

A Tabela 12 exibe os resultados obtidos. Percebe-se que para derivação V2, o coeficiente de variação é 0,03 décimos maior e a média dos intervalos RR, 4,9 amostras menor que as demais, o que indica uma proximidade maior dos picos R. Analisando a série $R_\triangle$ para essa derivação cujos valores são

$$RR_\text{-} = \{305, 355, 354, 358, 358, 362, 360, 360, 362, 363\},$$

é fácil perceber que a média foi reduzida devido ao valor do primeiro elemento dessa série, o que significa, na verdade, que a detecção do primeiro pico R não foi correta, pois se fosse seu valor seria mais próximo aos demais. Por isso, apesar da Figura 45 exibir 11 picos R detectados, apenas 10 picos serão considerados como detecções verdadeiras. Além disso, nessa derivação os complexos QRS apresentam ondas R duplas em todos o sinal ECG.

Para este experimento o método de Pan e Tompkins (1985) obteve resultado igual para a medida de sensibilidade quando comparado ao método proposto, mas resultados inferiores de previsibilidade e erro, obtendo 91% de previsibilidade e 9% de erro, contra 99% de previsibilidade e 2% de erro obtido pelo método proposto. Na Tabela 13 pode-se analisar os resultados para o método de Pan e Tompkins (1985).

Tabela 12 – Resultados da detecção para o registro 1538846 pela metodologia proposta

Derivação	TP	FP	FN	TB	S_e	P_+	E_r	$c_{R_\triangle}$	μ_{RR_-}
I	11	0	0	11	1,00	1,00	0,00	3,16	358,50
II	11	0	0	11	1,00	1,00	0,00	3,16	358,60
III	11	0	0	11	1,00	1,00	0,00	3,16	358,60
aVR	11	0	0	11	1,00	1,00	0,00	3,16	358,50
aVF	11	0	0	11	1,00	1,00	0,00	3,16	358,50
aVL	11	1	0	12	1,00	0,91	0,08	3,49	325,91
V1	11	0	0	11	1,00	1,00	0,00	3,16	358,60
V2	10	0	1	11	0,90	1,00	0,09	3,19	353,70
V3	11	0	0	11	1,00	1,00	0,00	3,16	358,50
V4	11	0	0	11	1,00	1,00	0,00	3,16	358,50
V5	11	0	0	11	1,00	1,00	0,00	3,16	358,50
V6	11	0	0	11	1,00	1,00	0,00	3,16	358,60
Total	131	1	1	133	0,99	0,99	0,02	3,19	355,41

Tabela 13 – Resultados da detecção para o registro 1538846 pelo algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985)

Derivação	TP	FP	FN	TB	S_e	P_+	E_r	$c_{R_\triangle}$	μ_{RR_-}
I	11	0	0	11	1,00	1,00	0,00	3,31	358,50
II	11	0	0	11	1,00	1,00	0,00	3,31	358,50
III	11	11	0	22	1,00	0,50	0,50	6,37	183,52
aVR	11	0	0	11	1,00	1,00	0,00	3,31	358,60
aVF	11	0	0	11	1,00	1,00	0,00	3,31	358,60
aVL	11	0	0	11	1,00	1,00	0,00	3,31	358,50
V1	11	8	0	19	1,00	0,58	0,42	5,57	214,61
V2	10	1	1	11	0,90	0,90	0,18	3,34	353,90
V3	11	1	0	12	1,00	0,92	0,08	3,74	336,45
V4	11	0	0	11	1,00	1,00	0,00	3,31	358,50
V5	11	0	0	11	1,00	1,00	0,00	3,31	358,50
V6	11	0	0	11	1,00	1,00	0,00	3,31	358,50
Total	131	21	1	151	0,99	0,91	0,10	3,79	329,72

5.3.7 Experimento VII

Neste esse experimento a metodologia proposta obteve 98% de sensibilidade e 100% de previsibilidade. Na Tabela 14, os coeficientes de variação mostram como os intervalos RR foram detectados bem próximos em todas as derivações, exceto para aquelas que tiveram detecção incorreta, o que é confirmado pelas médias dos intervalos que foram apenas alguns décimos diferentes, apesar de existirem em algumas derivações ondas R duplas. A diferença entre a metodologia proposta e o método de Pan e Tompkins (1985) foi de apenas 2% de inferioridade na medida de sensibilidade, 1% de superioridade na medida de previsibilidade e 0,01% de inferioridade da medida de erro. Os resultados para

o método de Pan e Tompkins (1985) podem ser visualizados na Tabela 15.

Tabela 14 – Resultados da detecção para o registro 1603086 pela metodologia proposta

Derivação	TP	FP	FN	TB	S_e	P_+	E_r	c_{R_Δ}	μ_{RR_-}
I	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,29	506,43
II	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,29	506,29
III	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,29	506,43
aVR	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,29	506,43
aVF	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,29	506,29
aVL	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,29	506,43
V1	8	0	1	9	0,88	1,00	0,12	2,75	449,50
V2	8	0	1	9	0,88	1,00	0,12	2,74	452,62
V3	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,29	506,29
V4	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,29	506,43
V5	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,29	506,29
V6	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,29	506,29
Total	84	0	2	86	0,98	1,00	0,02	2,37	497,14

Tabela 15 – Resultados da detecção para o registro 1603086 pelo algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985)

Derivação	TP	FP	FN	TB	S_e	P_+	E_r	c_{R_Δ}	μ_{RR_-}
I	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	506,28
II	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	506,42
III	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	506,28
aVR	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	506,42
aVF	8	1	0	9	1,00	0,89	0,11	2,90	452,37
aVL	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	506,14
V1	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	506,42
V2	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	506,28
V3	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	506,42
V4	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	506,28
V5	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	506,28
V6	8	0	0	8	1,00	1,00	0,00	2,45	506,42
Total	84	1	0	85	1,00	0,99	0,01	2,49	333,03

5.3.8 Experimento VIII

Neste experimento ambos métodos obtiveram o mesmo resultado. Para a metodologia proposta os resultados são exibidos na Tabela 16. Os valores para o método de Pan e Tompkins (1985) estão disponíveis na Tabela 17.

Tabela 16 – Resultados da detecção para o registro 1710636 pela metodologia proposta

Derivação	TP	FP	FN	TB	S_e	P_+	E_r	c_{R_Δ}	μ_{RR_-}
I	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,56	422,62
II	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,56	422,50
III	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,56	422,50
aVR	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,56	422,50
aVF	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,56	422,50
aVL	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,56	422,50
V1	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,56	422,50
V2	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,56	422,50
V3	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,56	422,50
V4	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,56	422,38
V5	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,56	423,00
V6	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,56	422,50
Total	108	0	0	108	1,00	1,00	0,00	2,56	422,54

Tabela 17 – Resultados da detecção para o registro 1710636 pelo algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985)

Derivação	TP	FP	FN	TB	S_e	P_+	E_r	c_{R_Δ}	μ_{RR_-}
I	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,72	422,62
II	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,72	422,50
III	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,72	422,62
aVR	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,72	422,62
aVF	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,72	422,62
aVL	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,72	422,50
V1	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,72	422,50
V2	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,72	422,50
V3	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,72	422,50
V4	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,72	422,50
V5	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,72	422,50
V6	9	0	0	9	1,00	1,00	0,00	2,72	422,50
Total	108	0	0	108	1,00	1,00	0,00	2,72	422,54

5.3.9 Experimento IX

Os resultados deste experimento apresentaram sensibilidade de 100,00% e previsibilidade de 99,00%, apesar dos artefatos no primeiro segundo de vários sinais e consequente atenuação da onda R. Além disso, mesmo com um ruído de alta frequência sobreposto aos sinais das derivações periféricas, houve erro de detecção de apenas 1,00%. A Tabela 18 mostra os resultados em números.

Tabela 18 – Resultados da detecção para o registro 1959699 pela metodologia proposta

Derivação	TP	FP	FN	TB	S_e	P_+	E_r	c_{R_Δ}	μ_{RR_-}
I	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,75	318,00
II	13	1	0	14	1,00	0,93	0,07	4,21	293,54
III	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,75	318,08
aVR	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,75	318,00
aVF	13	1	0	14	1,00	0,93	0,07	4,21	293,54
aVL	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,75	318,00
V1	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,75	318,08
V2	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,75	317,92
V3	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,75	318,08
V4	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,75	318,00
V5	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,75	318,08
V6	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,75	317,92
Total	156	2	0	158	1,00	0,99	0,01	3,83	313,94

Para este experimento, o método de Pan e Tompkins (1985) obteve melhor resultado do que o obtido pela metodologia proposta, pois esta não conseguiu separar o ruído presente no segundo complexo QRS e detectou um pico R a mais. Na Tabela 19 constam os resultados obtidos pelo método de Pan e Tompkins (1985).

Tabela 19 – Resultados da detecção para o registro 1959699 pelo algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985)

Derivação	TP	FP	FN	TB	S_e	P_+	E_r	c_{R_Δ}	μ_{RR_-}
I	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,90	317,91
II	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,90	317,91
III	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,90	318,16
aVR	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,90	317,91
aVF	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,90	317,75
aVL	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,90	318,08
V1	13	0	0	12	1,00	1,00	0,00	3,90	318,08
V2	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,90	318,00
V3	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,90	318,00
V4	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,90	317,91
V5	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,90	318,00
V6	13	0	0	13	1,00	1,00	0,00	3,90	318,00
Total	156	0	0	156	1,00	1,00	0,00	3,90	317,97

5.3.10 Experimento X

No décimo e último experimento, com resultados apresentados na Tabela 20, apesar dos ruídos e artefatos presentes no sinal, principalmente ruídos de alta frequência, o resultado da detecção foi bom, obtendo apenas dois falsos positivos para o sinal da derivação III e três falsos positivos para o sinal da derivação V2. Tais erros podem ser devidos às distorções acentuadas da linha de base. No entanto, o método proposto teve melhor resultado, pois o erro atingiu o valor de 4% enquanto que para o método de Pan e Tompkins (1985) alcançou 8%, conforme se observa na Tabela 21.

Tabela 20 – Resultados da detecção para o registro 2209843 pela metodologia proposta

Derivação	TP	FP	FN	TB	S_e	P_+	E_r	c_{R_Δ}	μ_{RR_-}
I	7	0	0	7	1,00	1,00	0,00	1,99	602,33
II	7	0	0	7	1,00	1,00	0,00	1,99	602,33
III	7	2	0	9	1,00	0,77	0,22	2,58	478,12
aVR	7	0	0	7	1,00	1,00	0,00	1,99	602,33
aVF	7	0	0	7	1,00	1,00	0,00	1,99	602,17
aVL	7	0	0	7	1,00	1,00	0,00	1,99	602,33
V1	7	0	0	7	1,00	1,00	0,00	1,99	602,17
V2	7	3	0	10	1,00	0,70	0,30	2,90	421,22
V3	7	0	0	7	1,00	1,00	0,00	1,99	602,00
V4	7	0	0	7	1,00	1,00	0,00	1,99	602,33
V5	7	0	0	7	1,00	1,00	0,00	1,99	602,33
V6	7	0	0	7	1,00	1,00	0,00	1,99	602,33
Total	83	5	0	89	1,00	0,96	0,04	2,11	577,61

Tabela 21 – Resultados da detecção para o registro 2209843 pelo algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985)

Derivação	TP	FP	FN	TB	S_e	P_+	E_r	c_{R_Δ}	μ_{RR_-}
I	7	0	0	7	1,00	1,00	0,00	2,15	602,33
II	7	0	0	7	1,00	1,00	0,00	2,15	602,33
III	7	9	0	16	1,00	0,44	0,56	4,96	252,00
aVR	7	0	0	7	1,00	1,00	0,00	2,15	602,33
aVF	7	1	0	8	1,00	0,88	0,12	2,58	516,28
aVL	7	0	0	7	1,00	1,00	0,00	2,15	602,16
V1	7	0	0	7	1,00	1,00	0,00	2,15	602,33
V2	7	3	0	10	1,00	0,70	0,30	2,93	401,44
V3	7	0	0	7	1,00	1,00	0,00	2,15	602,33
V4	7	0	0	7	1,00	1,00	0,00	2,15	602,33
V5	7	0	0	7	1,00	1,00	0,00	2,15	602,33
V6	7	0	0	7	1,00	1,00	0,00	2,15	602,16
Total	83	4	0	97	1,00	0,92	0,08	2,48	549,19

5.4 Resultado Final

A Tabela 22 mostra a média das medidas de qualidade dos dez experimentos realizados. Pode-se perceber que o algoritmo proposto gerou excelentes resultados, tendo uma taxa de erro de 1,10 % apenas. Deve ser lembrado que mantendo a mesma efetividade de detecção, para sinais com duração mais longa, a taxa de erro será reduzida na proporção do aumento da quantidade de picos R verdadeiros dos sinais ECG já que a medida de erro é inversamente proporcional ao total de picos R analisados (equação 121). No caso deste trabalho, os sinais têm apenas 10 segundos de duração e ainda foram limitados à 8,192 segundos (4096 amostras), porque os sinais de entrada para a decomposição pela MRSVD precisam estar na base 2.

Pelos resultados, a capacidade do algoritmo proposto para detectar picos R autênticos é de 99,70% e de 99,20% em diferenciar sobre os picos R que aparentemente pertencem a um complexo QRS mas, na verdade, são pontos extremos de outra deflexão.

Comparando o método proposto com aquele concebido por Pan e Tompkins (1985) (Tabela 23), observa-se que se obteve 2,10% a mais de previsibilidade e 0,70% a mais de sensibilidade, enquanto o erro permaneceu 2,60% menor. Tais resultados viabilizam a utilização da metodologia proposta para a detecção dos complexos QRS.

Em relação a medida de previsibilidade, o algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985) obteve resultados inferiores nos experimentos II, III, IV, VI, VII e X, porque nessas derivações esse algoritmo não conseguiu distinguir as ondas T contaminadas por ruído

Tabela 22 – Resumo obtido pela soma da média das medidas de qualidade de detecção de cada registro, para metodologia proposta

Experimento	Registro	S_e	P_+	E_r
I	1002867	1,00	1,00	0,00
II	1027085	1,00	1,00	0,00
III	1365861	1,00	0,98	0,02
IV	2995146	1,00	1,00	0,00
V	1186453	1,00	1,00	0,00
VI	1538846	0,99	0,99	0,02
VII	1603086	0,98	1,00	0,02
VIII	1710636	1,00	1,00	0,00
IX	1959699	1,00	0,99	0,01
X	2209843	1,00	0,96	0,04
Total (%)		99,70	99,20	1,10

Tabela 23 – Resultado final obtido pela soma da média das medidas de qualidade de detecção de cada registro, para o algoritmo proposto por Pan e Tompkins (1985)

Experimento	Registro	S_e	P_+	E_r
I	1002867	1,00	1,00	0,00
II	1027085	0,96	0,98	0,06
III	1365861	0,95	0,92	0,11
IV	2995146	1,00	0,99	0,01
V	1186453	1,00	1,00	0,00
VI	1538846	0,99	0,91	0,10
VII	1603086	1,00	0,99	0,01
VIII	1710636	1,00	1,00	0,00
IX	1959699	1,00	1,00	0,00
X	2209843	1,00	0,92	0,08
Total (%)		99,00	97,10	3,70

de alta frequência. Já o método proposto não apresentou problemas para realizar tais distinções, devido a análise em várias resoluções que permite eliminar deflexões do ECG que não compreendem a despolarização ventricular. A sensibilidade não foi tão inferior porque a capacidade dos algoritmos em detectar os picos R autênticos é semelhante, pois dependem muito da etapa de decisão, e menos daquela de pré-processamento.

Além dos resultados que mostram a maior eficácia do método proposto, outra vantagem deste é a possibilidade da escolha do nível de resolução. Quando a detecção não é tão efetiva quanto o esperado em um determinado nível de decomposição, principalmente devido aos ruídos e artefatos, pode-se escolher outro nível que aumenta a SNR do sinal melhorando assim a detecção.

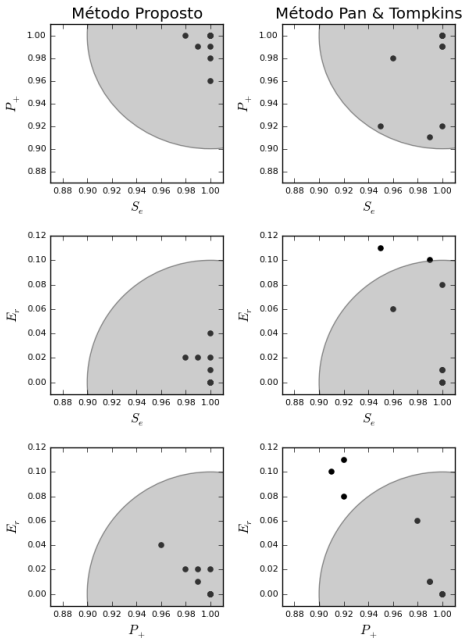
Utilizando os gráficos de dispersão que medem a precisão das metodologias de

detecção do complexo QRS, conforme enunciado no Capítulo 3, na seção 4.3, elaborou-se a Figura 52, onde pode-se observar que para o parâmetro $\alpha = 0.1$, que determina uma precisão de 90%, todos os resultados dos experimentos efetuados pela metodologia aqui proposta estão dentro região de precisão requerida (1/4 de circunferência), enquanto o método de Pan e Tompkins (1985) apresenta alguns pontos (resultados) fora.

A análise do gráfico $S_e \times P_+$ permite concluir que os dois métodos apresentam todos os resultados pertencendo a região de precisão, mas o método proposto apresenta menor dispersão em torno do ponto ótimo $(1, 1)$, indicando que este teve melhores resultados na detecção.

Os gráficos $S_e \times E_r$ e $P_+ \times E_r$ devem ser analisados conjuntamente para obter uma conclusão sobre os resultados alcançados. Por exemplo, em ambos gráficos há um resultado cujo erro é igual a $0,08$. No gráfico $S_e \times E_r$ esse ponto pertence a região de precisão, mas no gráfico $P_+ \times E_r$ esse ponto está fora dessa região, o que significa que este erro é devido apenas a medida de previsibilidade. Por outro lado, o erro igual a $0,11$ nos dois gráficos se encontra fora da região de precisão, logo o erro é devido a ambas medidas, fato que é perceptível ao se analisar na Tabela 23 o resultado do experimento III.

Figura 52 – Gráficos para comparação da precisão da metodologia proposta pelo método de Pan e Tompkins (1985).



Fonte: Próprio Autor

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A proposta principal deste trabalho é a concepção de uma metodologia para detecção dos complexos QRS de sinais de ECG utilizando a MRSVD na etapa de pré-processamento e informações da fisiologia do coração na etapa de decisão. Também é proposta uma etapa de correção, que verifica a necessidade de reiniciar o algoritmo quando certa quantidade de picos R não é encontrada. Outra contribuição deste trabalho é a proposição de gráficos de dispersão das medidas de avaliação de sensibilidade, previsibilidade e erro, que podem ter precisão ajustada, para determinar visualmente a eficiência de qualquer metodologia usada para detectar complexos QRS.

Com base nos experimentos realizados no capítulo 4, foi observado que a decomposição de um sinal de ECG pela MRSVD fornece componentes de detalhes que evidenciam os complexos QRS enquanto atenuam as demais ondas do sinal, devido a sua característica de filtro passa-alta. Inspirando-se nesses resultado o algoritmo foi proposto utilizando um limiar que depende do valor máximo do complexo QRS no intervalo analisado.

Na seção 4.2 foi realizado um estudo no domínio do tempo e da frequência que confirmou a efetividade do algoritmo proposto, para certos artefatos e ruídos comuns a sinais de ECG. Constatou-se que, devido a análise multirresolução, as altas frequências são naturalmente eliminadas sem comprometer a forma de onda do complexo QRS, pelo menos até o terceiro nível de decomposição.

Outra contribuição importante é o estudo realizado na mesma seção onde pode-se observar que as componentes de detalhes não carregam as distorções provocados pelas mudanças da linha de base. A metodologia proposta utilizando a MRSVD elimina essas interferências sem necessidade de computação adicional.

Ao todo foram analisados 120 sinais de ECG. Todos os registros escolhidos para experimentação possuíam algum tipo de ruído ou artefato. Mesmo assim, os experimentos realizados demonstraram excelentes resultados, obtendo uma qualidade de previsibilidade de 99,20%, sensibilidade de 99,70%, além do erro de apenas 1,10%, enquanto o método utilizado para comparação obteve os valores de 97,10%, 99,00% e 3,70 %, respectivamente.

A visualização dos resultados por meio de gráficos de dispersão mostrou-se bas-

tante intuitiva e útil, porque forneceu uma noção geral dos resultados obtidos para cada experimento, sem a necessidade de comparar valores numéricos das tabelas com os resultados médios.

As medidas sugeridas para comparação das detecções em diferentes variações mostraram-se, através dos vários experimentos, eficientes na análise da detecção dos complexos QRS, mesmo quando análises gráficas diretas indicavam algo aparentemente diferente, como no caso do experimento IV.

Em trabalhos futuros, a metodologia proposta pode ainda ser melhorada. Uma possibilidade inicial é estudar algum tipo de medida que permita escolher outros níveis de decomposição, dependendo do ruído/artefato presente no sinal de ECG. Além disso, outras características fisiológicas do coração podem ser exploradas para reduzir as falsas detecções. Por fim, pode-se aplicar a metologia proposta em outras bases de dados.

REFERÊNCIAS

AFONSO, V. X. Biomedical digital signal processing. Upper Saddle River: Prentice-Hall, 1993.

AGUIAR, C. B.; CARVALHO, R. G. G.; REGIS, C. D. M. Algoritmo de detecção de complexo qrs e análise do ritmo e intensidade cardíaca para sinais de ecg de extenso período de tempo. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ENGENHARIA BIOMÉDICA - CBED, 24., 2014, Uberlândia. *Anais...* Uberlândia: CBED, 2014. p. 1345-1348. Disponível em: <http://www.canal6.com.br/cbeb/2014/artigos/cbeb2014_submission_398.pdf>. Acesso em: 15/02/2015.

ALPTEKIN, O.; AKAN, A. Detection of some heart diseases by the analysis of ecg signals. In: SIGNAL PROCESSING AND COMMUNNICATIONS APPLICATIONS CONFERENCE (SIU), 18., 2010, Diyarbakir. *Proceedings...* Amsterdam: IEEE, 2010. p. 716-719. Disponível em: <http://ieeexplore.ieee.org/stamp/stamp.jsp?tp=&arnumber=5654437>. Acesso em: 22/03/2015.

APPLEGATE, E. Anatomia e fisiologia. 4. ed. Rio de Janeiro: Elsevier, 2012.

BAKER, M. *Signal processing library's documentation!* [S. l.: s. n.], 2015. Disponível em: <http://mubeta06.github.io/python/sp/#>. Acesso em: 30/04/2015,

BASHIR, M. E. A.; LEE, D. G.; AKSHA, M.; YI, G. M.; CHA, E.; BAE, J.; CHO, M. C.; RYU, K. H. Highlighting the current issues with pride suggestions for improving the performance of real time cardiac health monitoring. Information Technology in Bio-and Medical Informatics, Berlin: Springer Berlin Heidelberg, 2010.

BORRIES, R. F. v.; PIERLUISSI, J. H.; NAZERAN, H. Wavelet transform-based ecg baseline drift removal for body surface potential mapping. *Proceedings...* Shangai: IEEE, 2005. p. 3891–3894. Disponível em: <http://ieeexplore.ieee.org/stamp/stamp.jsp?tp=&arnumber=1615311>. Acesso em: 10/12/2014.

BRAUNWALD, E.; ZIPES, D. P.; LIBBY, P. Tratado de medicina cardiovascular. 6. ed. São Paulo: Roca, 2003.

CATALANO, J. T. Guide to ECG analysis. 2. ed. Philadelphia: Lippincott, 2002.

CHALLENGE2011. PhysioNet/Computing in cardiology challenge 2011. Disponível em: <http://physionet.org/challenge/2011/>. Acesso em: 07/01/2015,

CHANDRAKAR, B.; YADAV, O. P.; CHANDRA, V. K. A survey of noise removal techniques for ecg signals. International Journal of Advanced Research in Computer and Communication Engineering, Thanjavur City, v. 2, n. 3, p. 1354–1357, 2013.

CRAWFORD, J.; DOHERTY, L. Pratical aspects of ECG recording. Cumbria: M&K, 2012.

CROTI, U. A.; MATTOS, S. D. S.; J., V. C. P.; AIELLO, V. D. Cardiologia e cirurgia cardiovascular pediátrica. São Paulo: Roca, 2008.

DAUBECHIES, I. Ten Lectures on wavelets. Philadelphia: SIAM Books, 1992.

DEVPARTNER. Devpartner: Soluções em saúde. Campo Belo: [s.n.], 2015. Disponível em: <http://www.devpartner.com.br/GestaoHospitalar.aspx>. Acesso em: 10/09/2014.

DINIZ, P. S. R.; SILVA, E. A. B. d.; NETTO, S. L. Processamento digital de sinais: projeto e análise de sistemas. 2. ed. Porto Alegre: Bookman, 2010.

ELGENDI, M.; JONKMAN, M.; BOER, F. D. Frequency bands effects on qrs detection. In: International Joint Conference on Biomedical Engineering Systems and Technologies. *Proceedings...* Valencia: BIOSIGNALS, 2010. p. 428–431. Disponível em: <http://www.biosignals.biostec.org/BIOSIGNALS2010/index.htm>. Acesso em: 07/03/2015.

ELGENDI, M.; MAHALINGAM, S.; JONKMAN, M.; BOER, F. de. A robust qrs complex detection algorithm using dynamic thresholds. In: The International Symposium on Computer Science and its Applications. *Proceedings*... Hobart: CSA 08, 2008, p. 153–158. Disponível em: <http://www.sersc.org/CSA2008/>. Acesso em: 19/01/2015.

GARCIA, T. B.; HOLTZ, N. E. 12-lead ECG: The art of interpretation. Sudbury: Jones and Bartlett, 2000.

GARGIULO, G.; BIFULCO, P.; CALVO, R. A.; CESARELLI, C. J.; MCEWAN, A.; SCHAIK, A. V. Intelligent and biosensors: non-invasive electronic biosensor circuits and systems. Croatia: Intech, 2010.

GAUTAM, A.; LEE, H.; CHUNG, W. Ecg signal de-noising with asynchronous averaging and filtering algorithm. In: TAN, J. (Org.). *Advancing Technologies and Intelligence in Healthcare and Clinical Environments Breakthroughs*. Hershey: Medical Information Science, 2012. p. 199–205.

GOLDBERGER, A. L.; AMARAL, L. A. N.; GLASS, L.; HAUSDORFF, J. M.; IVANOV, P. C.; MARK, R. G.; MIETUS, J. E.; MOODY, G. B.; PENG, C.-K.; STANLEY, H. E. PhysioBank, PhysioToolkit, and PhysioNet: components of a new research resource for complex physiologic signals. Des Plaines: Circulation, v. 101, n. 23, p. e215–e220, 2000 (June 13). Disponível em: <http://circ.ahajournals.org/cgi/content/full/101/23/e215>. Acesso em: 10/05/2014,

GONÇALVES, M. A. B. Noções básicas de electrocardiograma e arritmias. 4. ed. São Paulo: Senac, 2010. (Sério Apontamentos).

GOPAL, M. Modern control system theory. 2. ed. New Delhi: New Age International, 2005.

GUYTON, A. C.; HALL, J. E. Tratado de fisiologia médica. 11. ed. Rio de Janeiro: Elsevier, 2006.

HAMPTON, J. R. ECG Essencial. 8. ed. Rio de Janeiro: Elsevier, 2014.

HASAN, M. A.; MAMUN, M. BPNN based MECG elimination from the abdominal signal to extract fetal signal for continuous fetal monitoring. *Acta Scientiarum*. Maringá: v. 35, n. 2, p. 195–203, 2013.

HE, T.; CLIFFORD, G. D.; TARASSENKO, L. Application of ica in removing artefacts from the eletrocardiogram. *Neural Computation.* Cambridge: n. 15, p. 105–116, 2006.

HESS, M. L. Doenças cardíacas: primeiros cuidados. Barueri: Manole, 2002.

HOLMES, M.; GRAY, A.; ISBELL, C. Fast SVD for large-scale matrices. [S.l.: s.n.], 2007.

HUMANANATOMYPICS. Human body anatomy. 2015. Disponível em: <http://humananatomypics.com/tag/human>. Acesso em: 12/02/2015.

HYVÄRINEN, A.; KARHUNEN, J.; OJA, E. Independent component analysis. New York: Wiley, 2001.

JENKINS, P. Interpretação do eletrocardiograma em enfermagem: coleção nurse to nurse. Porto Alegre: McGraw-Hill; Artmed, 2010.

KAKARALA, R.; OGUNBONA, P. O. Signal analysis using a multiresolution form of the singular value decomposition. *IEEE Trans. on Image Processing*. Piscataway: v. 10, n. 5, p. 724–735, 2001.

KOKKINOS, P. Physical activity and cardiovascular disease prevention. Ontario: Jones and Bartlett, 2010.

LANTIERI, L. C.; BERTOLETTI, J. C. Interpretação eletrocardiográfica adulta e pediátrica. Porto Alegre: Artmed, 2007.

LEE, V. S. Cardiovascular MRI: Physical Principles to Pratical Protocols. Philadelphia: Lippincott Willians & Wilkins, 1966.

LIPSCHUTZ, S.; LIPSON, M. Álgebra linear. 4. ed. Porto Alegre: Bookman, 2011. (Coleção Schaum).

LOESCH, C.; HOELTGEBAUM, M. Métodos estatísticos multivariados. São Paulo: Saraiva, 2012.

LOSCALZO, J. Medicina cardiovascular de Harrison. 2. ed. Porto Alegre: Artmed; McGraw-Hill, 2013.

MADEIRO, J. P. d. V. Detecção e segmentação automática de batimentos cardíacos do eletrocardiograma por modelagem matemática e combinação das transformadas wavelet e de Hilbert. 2013. 123 f. Tese (Doutorado em Engenharia de Teleinformática) — Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, Maio 2013.

MANTHALKAR, R. R.; GAJRE, S. S. Recent trends in applied systems research. New Delhi: Sunil Sachdev, 1995.

MEHTA, S. S.; LINGAYAT, N. S. Comparative study of qrs detection in single lead and 12-lead ecg based on entropy and combined entropy criteria using support vector machine. *Journal of Theoretical and Applied Information Technology*. Islamabad: 2007.

MISODOR. Anatomia e fisiologia do coração. [S. l.: s. n.], 2015. Disponível em: <http://www.misodor.com/CORACAO.php>. Acesso em: 12/06/2015.

MOHRMAN, D. E. Fisiologia cardiovascular. 6. ed. Porto Alegre: McGraw-Hill, 2011.

MUKAMIA, V. K. Baseline wander estimation for ECG characterization. Dissertação (Mestrado em Engenharia Elétrica) — Thapar University, Patiala, 2010.

MUKHOPADHYAY, S.; BISWAS, S.; ROY, A. B.; DEY, N. Wavelet based qrs complex detection of ecg signal. *Journal of Engineering Research and Applications (IJERA)*. Ghaziabad: v. 2, n. 3, p. 2361–2365, 2012.

NAIDU, V. P. S. Image fusion technique using multi-resolution singular value decomposition. *Defense Science Journal*. Indialantic: v. 61, n. 5, p. 479–484, 2011.
OH, S. A new quality measure in eletrocardiogram signal. Dissertação (Mestrado em Engenharia Elétrica) - University Of Florida, 2004.

OLIVEIRA, H. M. Análise de sinais para engenheiros: Uma abordagem via Wavelets. Rio de Janeiro: Brasport, 2007.

OPPENHEIM, A. V.; SCHAFER, R. W.; BUCK, J. R. Discrete-time signal processing. 2. ed. New Jersey: Prentice Hall, 1998.

OSTROWSK, A. Collect mathematical papers. Boston: Birkhäuser, 1983.

PAN, J.; TOMPKINS, W. J. A real-time qrs detection algorithm. *Transactions on Biomedical Engineering*, IEEE. Piscataway: BME-32, p. 230–236, 1985.

RAFF, H.; LEVITZKI, M. Fisiologia médica: uma abordagem integrada. Porto Alegre: Artmed; McGrawHill, 2011.

SARAIVA, A. A. Detecção do CComplex QRS Através de Morfologia Matemática Multiescalar. 2012, 83 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Biomédica) — Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Curitiba.

STEIN, E. Análise rápida dos eletrocardiogramas: um guia de estudos. São Paulo: Manole, 2001.

STRANG, G. Decomposiçao em valores singulares. [S. l.: s. n.], 2015. Disponível em: <http://www.veduca.com.br/play/1107>. Acesso em: 12/04/2015.

STRANG, G.; NGUYEN, T. Wavelets and filter banks. Cambridge: Wellesley, 1997.

TANAKA, H.; MONAHAN, K. D.; SEALS, D. R. Age-predicted maximal heart rate revisited. *Journal of the American College of Cardiology*. San Diego: v. 37, n. 1, p. 153 – 156, 2001. Disponível em: <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0735109700010548>. Acesso em: 07/05/2015.

THIBODEAU, G. A.; PATTON, K. T. Estruturas e funções do corpo humano. Barueri: Manole, 2002.

TOSCANI, L. V.; VELOSO, P. A. S. Complexidade de algoritmos. 3. ed. Porto Alegre: Bookman, 2012. (Livros Didáticos informática UFRGS).

VANDERLEI, L. C. M.; PASTRE, C. M.; A., H. R.; CARVALHO, T. D. d.; GODOY, M. F. d. Noções básicas de variabilidade da frequência cardíaca e sua aplicabilidade clínica. Revista

Brasileira de Cirurgira Cardiovascular. São Paulo: v. é 24, o n. é 2, e as páginas são 205-217, 2009.

VEHKAOJA, A. T.; VERHO, J. A.; LEKKALA, J. O. Miniature wireless measurement node for ecg signal transmission in home area network. In: Engineering in Medicine and Biology Society. 28th Annual International Conference of the IEEE. *Proceedings*... New York: p. 2049–2052, 2006.

WATKINS, D. S. Fundamentals of matrix computations. 2. ed. New York: Wiley, 2002.

WEEKS, M. Processamento digital de sinais utilizando MATLAB e wavelets. 2. ed. Rio de Janeiro: LTC, 2012.

WIKIPEDIA. Electrocardiography. [S. l.: s. n.], 2015. Disponível em: <http://en.wikipedia.org/wiki/Electrocardiography>. Acesso em: 22/07/2015,

WOODS, S. L.; FROELICHER, E. S. S.; MOTZER, S. U. Enfermagem em cardiologia. Barueri: Manole, 2005.

ZIDELMAL, Z.; AMIROU, A.; ADNANE, M.; BELOUCHRANI, A. Qrs detection based on wavelet coefficients. *Computer Methods and Programs Biomedicine*. Shannon: v. 1, n. 07, p. 490–496, 2012.

ZORZI, R.; STARLING, I. G. Corpo humano - órgãos, sistemas e funcionamento. Rio de Janeiro: Senac, 2010.

APÊNDICE A – SCRIPTS PYTHON

A.1 Decomposição em Valores Singulares em Multirresolução

```python
#!/usr/bin/python
# -*- coding: UTF-8 -*-

import numpy as np

class MSVD:

    def __init__(self, signal):

        self.signal = signal

    '''
    Decompõe o sinal em um determinado nível
    Se level_dec = 0, decompõe no nível máximo
    '''
    def dec(self, level_dec, mean_removal = False):

        phi = self.signal

        if level_dec == 0:
            level_dec = self.levelmax(self.signal)

        for l in range(1, level_dec + 1):
            N = phi.size
            even = phi[0:N:2]
            odd = phi[1:N:2]
            X = np.vstack((even , odd))

            if (mean_removal):
                Xbar = X - X.mean()
            else:
                Xbar = X

            U, S, Vt = np.linalg.svd(Xbar)
            Xhat = np.dot(U.T , Xbar)
            phi = Xhat[0]
            psi = Xhat[1]

        return phi, psi, U

    '''
    Retorna o nível máximo de decomposição
    '''
    def levelmax(self, signal):
        return int(np.log(signal.size) / np.log(2)) - 1
```

A.2 Detector do complexo QRS

O módulo "multirate"utilizado no *script* a seguir, pode ser obtido em (BAKER, 2015).

```
#!/usr/bin/python
# -*- coding: UTF-8 -*-

import numpy as np
from MSVD import MSVD
from multirate import multirate


class QRSdetect:

    '''
    Inicializa a classe
    '''
    def __init__(self, ecg, Fs, HR_min = 30):

        #taxa de amostragem
        self.Fs = Fs
        #sinal a ser analisadao
        self.ecg = ecg
        #batimentos minimo
        self.HR_min = HR_min

    '''
    Detecta os complexos QRS
    '''
    def detect(self, level_dec = 2):

        '''
        Decomposição MSVD - Etapa de Pré-processamento
        '''
        msvd = MSVD(self.ecg)
        phi, psi, U = msvd.dec(level_dec)
        mt = multirate(psi)
        signal0 = mt.upsample(2**level_dec, -2**level_dec)

        msvd = MSVD(self.ecg)
        phi, psi, U = msvd.dec(level_dec + 1)
        mt = multirate(psi)
        signal1 = mt.upsample(2**(level_dec + 1), -2**(level_dec + 1

        signal = np.abs(signal0) + np.abs(signal1)

        '''
        Algoritmo de detecção - Etapa de Decisão
        '''
        #para o calculo de outros limiares
        signal_copy = 0
```

```
#quantidade minima de picos R
R_min = (self.HR_min/60.0) * (signal.size/self.Fs)

#primeiro limiar
thr = 0.3*np.max(signal)

while True:

    #variaveis para detecar os picos R
    start = 0
    end = 0
    Rpeak = []

    for x in range(0, signal.size):

        #verifica se o valor na componente de detalhe exced
        if signal[x] >= thr:
            if start == 0:
                start = x
        else:
            if start != 0:
                #evita a detectção do proximo QRS antes do
                if abs(start - x) >= self.Fs * 0.12:
                    end = x - 1

        if (start != 0) and (end != 0):

            #obtem o pico R (valor maximo da onda R)
            v = max(self.ecg[start:end])
            #obtem o correspondente indice de tempo
            t = np.where(self.ecg == v)

            #caso tenha retornado mais de um indice, verifi
            if t[0].size > 1:
                idx = t[0]
                for ii in range(0, t[0].size):
                    if (idx[ii] >= start) and (idx[ii] <= en
                        t = idx[ii]
            else:
                t = t[0]

            #garante que h seja um numero
            if type(t).__name__ == 'ndarray':
                t = np.copy(t[0])

            #garante que não haja intervalo RR menor que o
            l = len(Rpeak)
            attr = 0
```

```
                    if l > 1:
                        tp, vp = Rpeak[l - 1]
                        if (t - tp) < self.Fs * 0.29:
                            #verifica qual tem maior amplitude, est
                            if v > vp:
                                #apaga o ultimo pico R
                                Rpeak.pop()
                                #atribui um novo pico R
                                attr = 1
                        else:
                            #atribui um novo pico R
                            attr = 1
                    else:
                        #garante que o primeiro pico R não esteja a
                        #segundos do inicio do sinal ECG
                        if t > self.Fs * 0.20:
                            #atribui um novo pico R
                            attr = 1

                    #atribui um novo pico R
                    if attr == 1:
                        Rpeak.append((t, v))

                    #reinicializa as variaveis
                    start = 0
                    end = 0

            if (len(Rpeak) > R_min):
                break;
            else:
                #copia o sinal original, apenas uma vez
                if (signal_copy == 0):
                    signal_copy = np.copy(signal)

                #cria uma janela de zeros do tamanho máximo de um c
                lw = int(self.Fs * 0.12)
                wz = np.zeros((1, lw))

                #obtem a localização do maior pico R
                l = np.where(signal == np.max(signal))

                #zera o complexo QRS com maior amplitude
                signal_copy[abs(int(lw/2) - l[0]):l[0] + int(lw/2)]

                #calcula um novo limiar
                thr = 0.3*np.max(signal_copy)

        '''
```

```
        Converte a lista num array e o retorna
        '''
        self.Rpeak = np.array(Rpeak)

        return self.Rpeak

    '''
    Calcula os intervalos RR criando uma serie temporal
    '''
    def serie(self):
        self.rr = []
        for i, peak in enumerate(self.Rpeak[:,0]):
            if (i + 1) < self.Rpeak[:,0].size:
                d = self.Rpeak[i + 1, 0] - peak
                self.rr.append(d)

        return self.rr

    '''
    Defasa ou não a componente de detalhe dependendo no nível de dec
    Porque a MRSVD retorna para o níveis ímpares as componentes com
    180°
    '''
    def phase(self, psi, level):
        if level % 2 != 0:
            return (-1)*psi
        else:
            return psi
```

APÊNDICE B – ALGORITMO

A metodologia proposta é apresentada em pseudo-código no algoritmo 1, possibilitando que esta seja implementada em qualquer linguagem computacional, sendo que a respectiva implementação em Python está no Apêndice A.

Inicialmente, é importante descrever as seguintes funções do algoritmo:

- $MRSVD(signalECG, leveldec)$: calcula a MRSVD para o sinal $signalECG$ em $leveldec$ níveis de resolução;
- size($signal$): retorna a quantidade de amostras do sinal ECG;
- getValue($signal = v$): retorna o índice do vetor $signal$ cuja amplitude seja v;
- $(\downarrow 2^{leveldec})signal$: subamostra o sinal $signal$;
- del($Rpeak$): apaga o último pico R armazenado.
- int(): retorna o valor inteiro da expressão entre parênteses;
- zeros(n): cria um vetor de tamanho n com todos os elementos nulos.

As linhas 2 e 3 do algoritmo 1 retornam as componentes de aproximação e detalhe e o filtro de descorrelação para o sinal de ECG no nível de decomposição informado na variável $leveldec$. Como os vetores phi e U não são utilizados, os mesmos podem ser excluídos para economia de memória. Na linha 3, as componentes de detalhes do segundo e terceiro níveis de resolução são subamostradas e seus valores absolutos são somados.

As principais variáveis são inicializadas nas linhas 3 a 7. Um *loop* **while** executa o bloco principal do algoritmo, *loop* **for**, enquanto a quantidade de picos R, calculada pela função size($Rpeak$), for menor que a quantidade mínima dada pela variável R_{min}.

A variável x, linha 10, recebe cada um dos índices do vetor $signal$. Na linha 11 esses índices são utilizados para retornar a amplitude do sinal, onde também é analisado se essa excede ou não o limiar armazenado na variável thr. Quanto exceder e a variável $start$ não tiver ainda armazenada a posição de início de algum complexo QRS, é então atribuído a ela o índice atual. Se a amplitude não excede o limiar, é verificado se o fim do complexo QRS foi encontrado, o que é feito nas linhas 15 a 17, onde também é verificado

se esse provável fim é maior que a largura máxima do complexo QRS, e só então o final do complexo QRS é armazenado na variável *end*, ou nada é feito, no caso da variável *start* ser diferente de zero, significando que ainda não foi localizado o início do complexo QRS e portanto, não faz sentido encontrar seu término. Neste caso passa-se para o próximo índice do vetor *signal*, e o bloco de instruções, linhas 18 a 37, não é executado.

Quando as variáveis *start* e *end* tiverem seus valores diferentes de zero, indicando que houve a detecção do início e fim de um provável complexo QRS, o valor máximo nesse intervalo é calculado do sinal ECG original, conforme linha 19. O próximo passo é obter qual o índice, entre *start* e *end*, cuja amplitude seja igual a v, valor máximo no intervalo. Após, linhas 21 e 22, duas novas variáveis são calculadas, sendo que a primeira retorna a quantidade de picos R já detectados e a segunda é uma variável do tipo *booleana* que é utilizada posteriormente para decidir se o último pico R detectado, cujo índice é t e a amplitude é v, deve ou não ser armazenado como pico R autêntico, linhas 34 e 35.

Se a quantidade de picos detectados for maior que 1, linha 23, então o índice e a amplitude do último pico R são retornados, conforme implementado na linha 24. Se a distância entre o pico atual e o último for menor que a distância mínima permitida entre dois picos R, então é verificado qual desses picos tem maior amplitude, linha 26, e caso seja o pico detectado naquela iteração, então o último pico R é apagado do vetor *Rpeak* e assim o pico R atual será armazenado como ponto extremo autêntico do complexo QRS, linhas 27 e 28, implicando isso que aquele pico R anteriormente detectado pertencia a outra deflexão, mas não a um complexo QRS, ou ainda poderia ser ruído/artefato. Caso a distância entre as localizações do pico R atual e do último seja maior que a distância mínima entre dois pontos extremos de ondas R consecutivas, então o ponto atual é setado como sendo um ponto verdadeiro do complexo QRS, linha 30.

Se, por outro lado, o vetor *Rpeak* tiver apenas um elemento, então somente é verificado se a localização desse ponto extremo está a pelo menos $Fs \cdot 0,20$ amostras após o início do sinal ECG, linhas 32 e 33, que em caso afirmativo confirma que aquele é um pico R válido, e este é consequentemente armazenado no vetor *Rpeak*.

Nas linhas 36 e 37, as variáveis que marcam o início e fim dos complexos QRS são reinicializados e passa-se para o próximo índice armazenado em x, e as iterações são repetidas até que o último índice do sinal ECG seja alcançado.

Detectados todos os picos R do sinal em análise, verifica-se na linha 38, se a

quantidade detectada é maior que a mínima exigida. Caso seja, a execução do algoritmo é encerrada e retornado o vetor *Rpeak*. Caso contrário, é realizada uma cópia do sinal *signal*, se não foi feita anteriormente (linha 42), para que o intervalo do complexo QRS com maior amplitude seja zerado. Para isso, na linha 43, é obtida a largura máxima de um complexo QRS qualquer, e na próxima linha é criado um vetor com tantos elementos nulos quanto o tamanho máximo do complexo QRS.

A localização do ponto extremo do sinal é obtida na linha 45 e armazenada na variável l, que é utilizada na linha seguinte para zerar o intervalo daquele complexo QRS cuja amplitude é pelo menos 30% maior que todos as demais. Esse intervalo é centrado em l, ou seja, tomam-se $lw/2 - l$ amostras antes de l e $lw/2 + l$ depois e multiplica-se todas elas pela janela wz de elementos nulos.

Por fim, na linha 47, um novo limiar é calculado sobre esse sinal (vetor *signalc*), que não possui mais aquele complexo QRS sobressalente, e portanto, o limiar retornado deve ser suficiente para que haja a correta detecção de todas as demais ondas R cujas amplitudes sejam menores. Na circunstância em que for insuficiente, então novamente será obtido um índice l do ponto máximo, mas dessa vez correspondendo ao segundo ponto extremo máximo da componente de detalhe, onde este é menor que o primeiro pico R. Mais uma vez, o intervalo do complexo QRS é zerado e então um novo limiar calculado tomando o terceiro ponto extremo máximo do sinal armazenado no vetor *signal*. Esse processo é repetido até que o algoritmo tenha detectado uma quantidade de picos R que seja maior que R_{min}.

Mesmo cercando as decisões à essas limitações, dependendo do valor da amplitude, o algoritmo pode falhar na detecção porque são detectados picos R suficientes para que sua quantidade seja maior que a mínima, no entanto, o algoritmo não foi capaz de detectar todas as ondas R presentes, pelo motivo de algumas delas terem baixa amplitude. Para evitar essa circunstância, basta utilizar mais um nível de decomposição, pois as amplitudes crescem para níveis maiores.

Algorithm 1: Algoritmo para Detecção dos Complexos QRS utilizando MRSVD

Input: $signalECG, Fs = 500, leveldec = 2, HR_{min} = 30$
Output: $Rpeak$

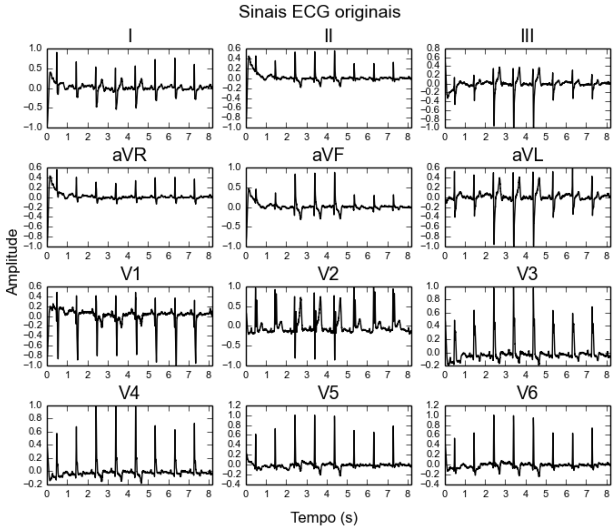
$phi, signal2, U \leftarrow MRSVD(signalECG, leveldec)$;
$phi, signal3, U \leftarrow MRSVD(phi, 1)$;
$signal \leftarrow abs((\uparrow 2^{leveldec})signal2) + abs((\uparrow 2^{leveldec+1})signal3)$;
$signalc \leftarrow 0$;
$thr \leftarrow 0.3 \cdot \max(signal)$;
$R_{min} \leftarrow (HR_{min}/60) \cdot \text{size}(signalECG)/Fs$;
$wQRS \leftarrow Fs \cdot 0.12$;
while $True$ **do**
  $start \leftarrow 0$; $end \leftarrow 0$; $Rpeak \leftarrow [\,]$;
  for $x \leftarrow \{0, 1, \cdots, \text{size}(signal)\}$ **do**
    if $signal[x] \geq thr$ **then**
      if $start = 0$ **then**
        $start \leftarrow x$;
    else
      if $start \neq 0$ **then**
        if $\text{abs}(start - x) \geq wQRS$ **then**
          $end \leftarrow x - 1$;
    if $(start \neq 0)$ *and* $(end \neq 0)$ **then**
      $v \leftarrow \max(signalECG[start : end])$;
      $t \leftarrow \text{getValue}(signalECG = v)$;
      $l \leftarrow \text{size}(Rpeak)$;
      $attr \leftarrow 0$;
      if $l > 1$ **then**
        $tp, vp \leftarrow Rpeak[l - 1]$;
        if $(t - tp) < Fs \cdot 0.29$ **then**
          if $v > vp$ **then**
            $\text{del}(Rpeak)$;
            $attr \leftarrow 1$;
          else
            $attr \leftarrow 1$;
        else
          if $t > Fs \cdot 0.20$ **then**
            $attr \leftarrow 1$;
        if $attr = 1$ **then**
          $Rpeak \leftarrow (t, v)$;
        $start \leftarrow 0$;
        $end \leftarrow 0$;
  if $\text{size}(Rpeak) > R_{min}$ **then**
    $break$;
  else
    if $signalc = 0$ **then**
      $signalc \leftarrow signal$;
    $lw \leftarrow \text{int}(wQRS)$;
    $wz \leftarrow \text{zeros}(lw)$;
    $l \leftarrow \text{getValue}(signal = \max(signal))$;
    $signalc[\text{abs}(\text{int}(lw/2) - l) : l + \text{int}(lw/2)] \leftarrow wz$;
    $thr \leftarrow 0.3 \cdot \max(signalc)$;

APÊNDICE C – EXPERIMENTOS REALIZADOS

Neste apêndice estão ilustrados os demais experimentos não listados na seção 5.2.

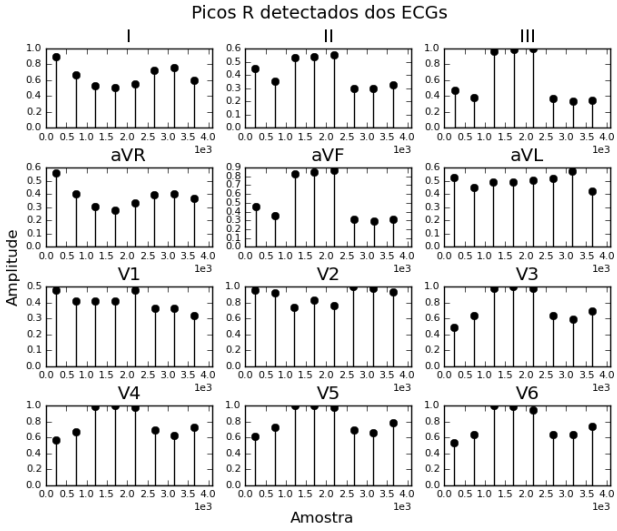
C.1 Experimento I

Figura 53 – Derivações do registro 1002867 (CHALLENGE2011, 2012)



Fonte: Próprio Autor

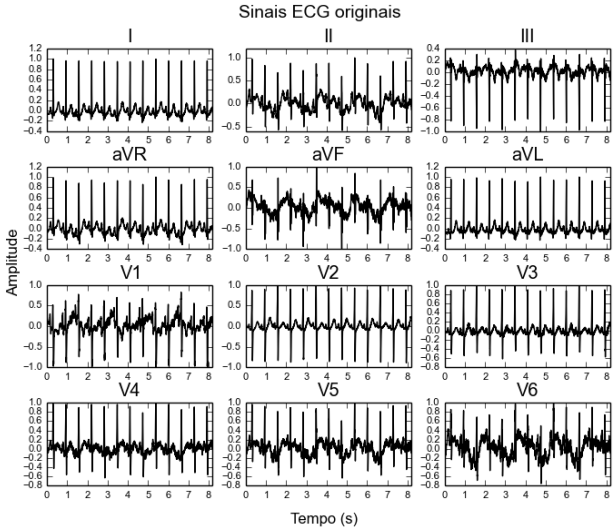
Figura 54 – Picos R detectados das derivações do registro 1002867 (CHALLENGE2011, 2012)



Fonte: Próprio Autor

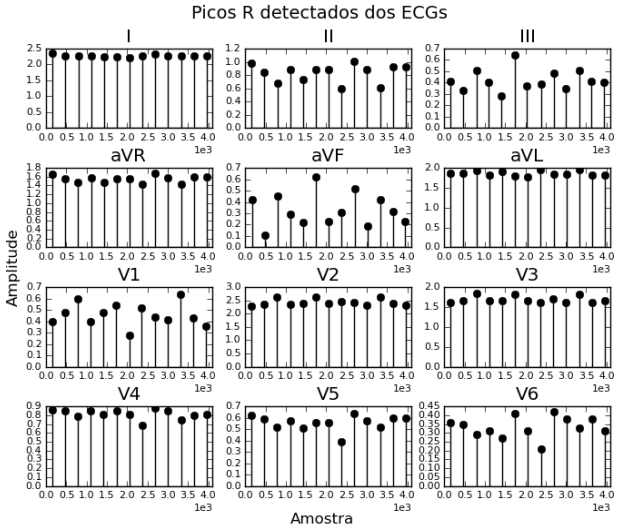
C.2 Experimento II

Figura 55 – Derivações do registro 1027085 (CHALLENGE2011, 2012)



Fonte: Próprio Autor

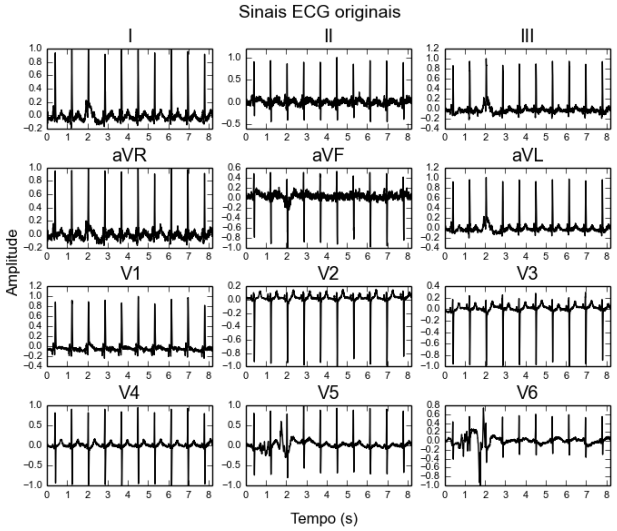
Figura 56 – Picos R detectados das derivações do registro 1027085 (CHALLENGE2011, 2012)



Fonte: Próprio Autor

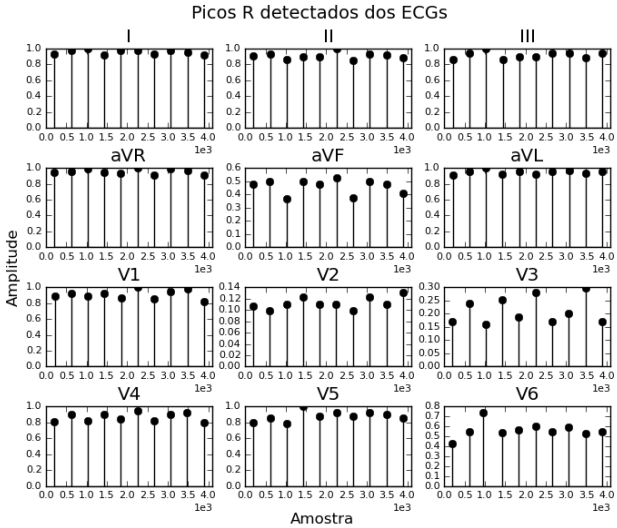
C.3 Experimento IV

Figura 57 – Derivações do registro 2995146 (CHALLENGE2011, 2012)



Fonte: Próprio Autor

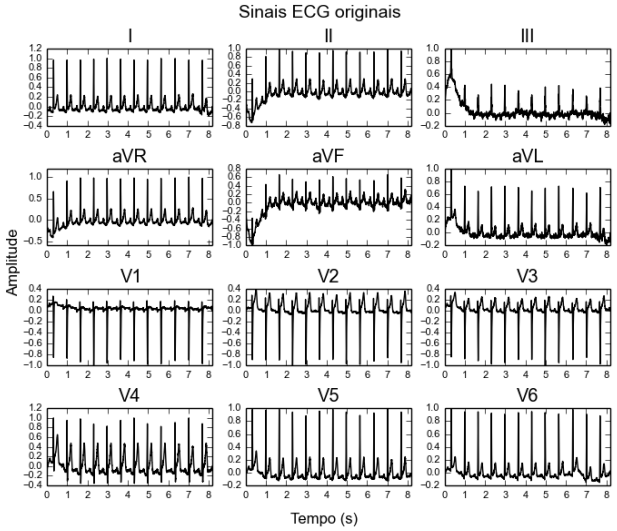
Figura 58 – Picos R detectados das derivações do registro 2995146 (CHALLENGE2011, 2012) com 3 níveis de decomposição



Fonte: Próprio Autor

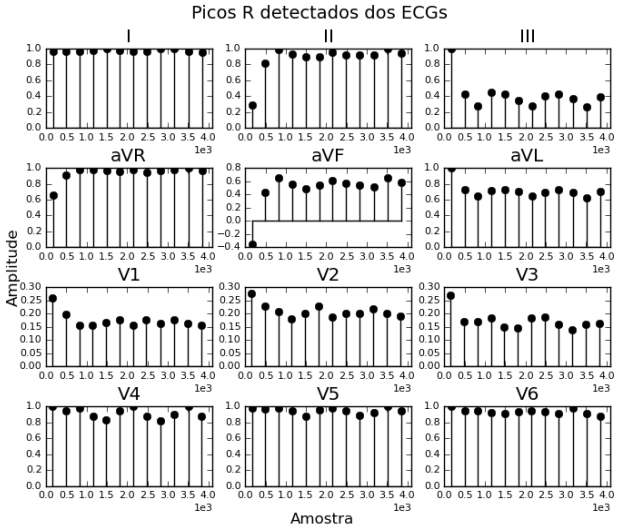
C.4 Experimento V

Figura 59 – Derivações do registro 1186453 (CHALLENGE2011, 2012)



Fonte: Próprio Autor

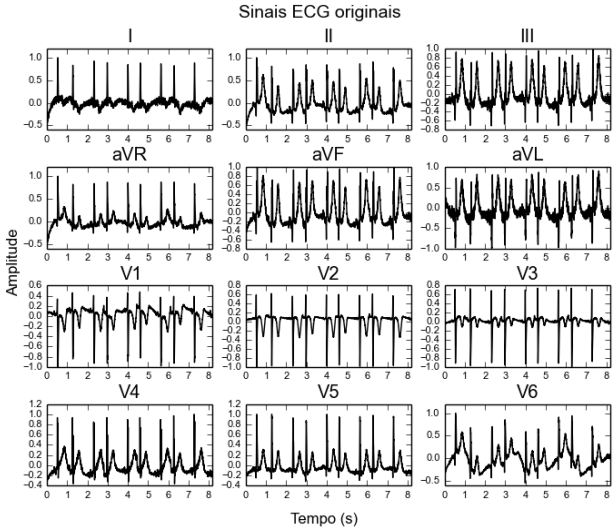
Figura 60 – Picos R detectados das derivações do registro 1186453 (CHALLENGE2011, 2012)



Fonte: Próprio Autor

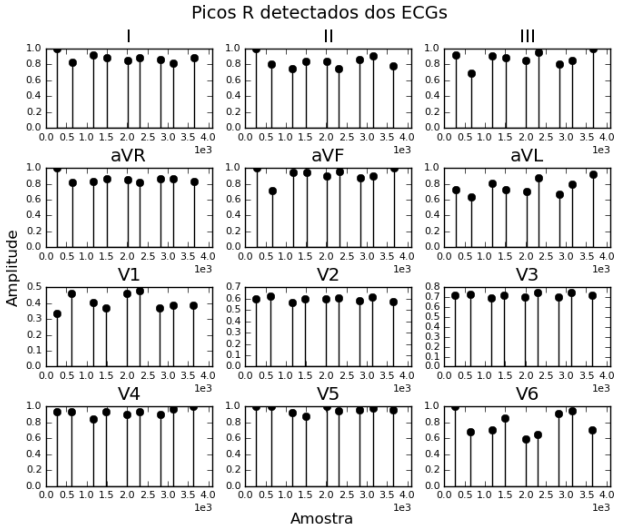
C.5 Experimento VIII

Figura 61 – Derivações do registro 1710636 (CHALLENGE2011, 2012)



Fonte: Próprio Autor

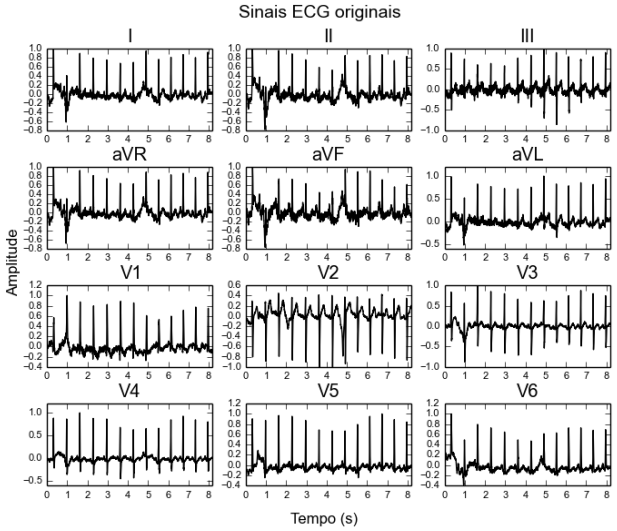
Figura 62 – Picos R detectados das derivações do registro 1710636 (CHALLENGE2011, 2012)



Fonte: Próprio Autor

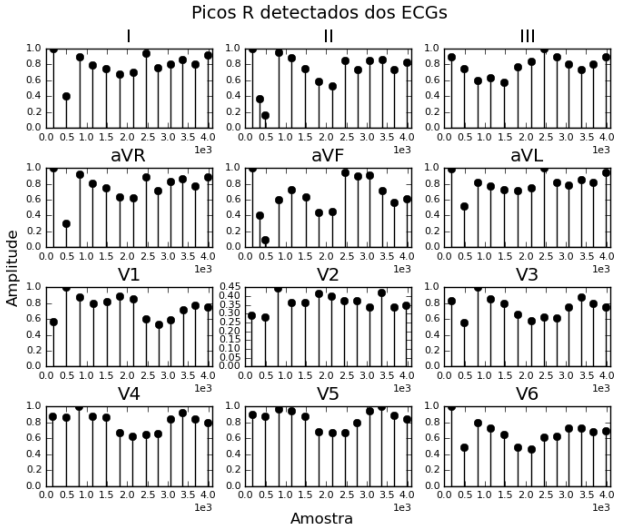
C.6 Experimento IX

Figura 63 – Derivações do registro 1959699 (CHALLENGE2011, 2012)



Fonte: Próprio Autor

Figura 64 – Picos R detectados das derivações do registro 1959699 (CHALLENGE2011, 2012)



Fonte: Próprio Autor