DIOGO SCOLARI

ESTUDO E DESENVOLVIMENTO DE ALGORITMOS PARA O RECONHECIMENTO DE ARRITMIAS CARDÍACAS

Dissertação submetida ao Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica como parte dos requisitos para obtenção do grau de Mestre em Engenharia Elétrica

Orientador: Doutor Rubem Dutra Ribeiro Fagundes

Porto Alegre

2007

Dedicatória

Dedico este trabalho a todas as pessoas que amo.

Agradecimentos

Aos meus pais Luiz Marcos Scolari e Ana Maria Seibel Scolari, e irmãs Juliana Scolari e Natali Scolari por terem muito se dedicado a mim nestes vinte e sete anos. À minha namorada Daniela Ramos Ferreira, por sua simpatia e alegria. À Lia, por seu esforço constante. Ao Professor Dr. Fernando Comparsi de Castro e à Professora Dra. Maria Cristina Fellipeto de Castro, por sua contribuição em redes neurais. Ao excelente médico cardiologista Luciano Beylouni Annerl, por muito me auxiliar nesta área. Ao meu orientador, Professor Dr. Rubem Dutra Ribeiro Fagundes, por ter retirado a venda de meus olhos no que se diz Processamento Digital de Sinais e também ótimo conselheiro pessoal e profissional. Aos meus amigos e colegas de trabalho. À Instramed, seus funcionários e seu diretor Dealmo Marckmann, por sua ajuda financeira e excelente profissionalismo. A Deus, pois sem Ele nada disso seria possível.

"O número é de todas as coisas que há no mundo a menos exacta, diz-se quinhentos tijolos, diz-se quinhentos homens, e a diferença que há entre tijolo e homem é a diferença que se julga não haver entre quinhentos e quinhentos." José Saramago (Memorial do Convento)

> "É mais fácil desintegrar um átomo do que um preconceito." Albert Einstein

RESUMO

O presente trabalho tem por objetivo o estudo de algoritmos para o reconhecimento de arritmias cardíacas. Para tanto, fez-se uma análise detalhada de dois algoritmos: HMM (Hidden Markov Model) e rede neural artificial do tipo RBF (Radial Basis Function), com a finalidade de reconhecer três arritmias e o ritmo normal.

As arritmias que foram utilizadas na pesquisa são: a Fibrilação Atrial, a Taquicardia Ventricular e a Fibrilação Ventricular. Tais arritmias foram selecionadas pela necessidade de desfibrilação elétrica imediata na Taquicardia Ventricular e na Fibrilação Ventricular e pelo fato da Fibrilação Atrial ser a arritmia de maior incidência na população mundial.

A necessidade de reconhecimento de arritmias pode ser vista em equipamentos DEA (Desfibriladores Externos Automáticos), utilizados para reconhecer e reverter a parada cardíaca em locais fora de ambientes hospitalares. Estes equipamentos estão sendo cada vez mais utilizados em vários países, como uma tentativa de diminuir o índice de mortalidade.

Primeiramente, foi feito um estudo teórico sobre o coração, analisando as características de cada tipo de arritmia, a fim de poder identificá-las. Os pacientes foram selecionados no banco de dados de sinais biológicos, PhysioNet, para coleta de dados. Após isso, foi feita uma análise teórica detalhada dos sistemas de reconhecimento e em seguida, passou-se a gerar resultados a partir da comparação entre os algoritmos e suas precisões. Para atingir tais resultados, foi elaborada uma metodologia específica de pesquisa. Ao final, foi possível constatar que ambos algoritmos apresentam bom desempenho no reconhecimento das arritmias cardíacas, bem como também foi possível expor as características de desempenho de cada um dos sistemas.

Palavras Chave: Reconhecimento – Arritmias Cardíacas - Eletrocardiograma (ECG) - Redes Neurais Artificiais (RNA) - Radial Basis Function (RBF) - Hidden Markov Models (HMM) -Fibrilação Atrial - Taquicardia Ventricular - Fibrilação Ventricular.

ABSTRACT

The purpose of this work is studying the algorithms that can recognize cardiac arrhythmias. In this sense, a detailed analysis of two algorithms was made: HMM (Hidden Markov Model) and RBF (Radial Basis Function) artificial neural network, with the aim of recognizing three arrhythmias and the regular rhythm.

The arrhythmias used for this research are: Atrial Fibrillation, Ventricular Tachycardia and Ventricular Fibrillation. They were selected by the following reasons: due to the need for immediate eletric defibrillation in Ventricular Tachycardia and Ventricular Fibrillation, and to the fact that the Atrial Fibrillation is the most incident in the world's population.

The need for recognition of arrhythmias can be seen in AED (Automatic External Defibrillator) equipments, which is utilized to recognize and reverse the cardiac arrest in areas outside the hospitals environments. These pieces of equipment are being increasingly utilized by many countries, as an atempt to diminish mortality rates.

Firstly, the heart was studied theoretically and the characteristics of each arrhythmia were analysed, in order to identify them. Secondly, pacients were selected in the biological signal database, PhsysioNet, for collecting data. After that, the results were generated by the comparison between the algorithms and their precisions. Finally, it was possible to confirm that both algorithms present good performance in the recognition of cardiac arrhythmias and was possible to reveal performance characteristics of both systems that corroborate the purpose of this work.

Keywords: Recognition – Cardiac Arrhythmias – Electrocardiogram (ECG) – Artificial Neural Networks (ANN) – Radial Basis Function (RBF) – Hidden Markov Models (HMM) – Atrial Fibrillation – Ventricular Tachycardia – Ventricular Fibrillation.

SUMÁRIO

INTRODUCÃO	15
Objetivos	16
Justificativas	16
1 SISTEMA CARDIOVASCULAR	17
1.1 Nodo Sinusal	19
1.2 Sinal Cardíaco e Complexo QRS	19
1.3 Derivações	. 20
1.4 Arritmias Cardíacas	23
1.4.1 Taquicardia Sinusal	23
1.4.2 Bradicardia Sinusal	23
1.4.3 Extrassístoles	24
1.4.3.1 Extrassístole Atrial	24
1.4.3.2 Extrassístole Juncional ou Nodal	24
1.4.3.1 Extrassístole Ventricular	25
1.4.4 Taquicardia Atrial	25
1.4.5 Taquicardia Supraventricular	25
1.4.6 Fibrilação Atrial	26
1.4.7 Flutter Atrial	26
1.4.8 Taquicardia Ventricular	27
1.4.9 Fibrilação Ventricular	28
1.4.10 Assistolia	. 28
2 DESFIBRILACAO ELÉTRICA	29
2.1 Conceito	$\frac{2}{29}$
2.2 Consequências da Desfibrilação	30
2.3 Arritmias onde Desfibrilação é Adequada	30
2.5 Turninus onde Desnornação e Tracquada	. 50
3 PROCESSAMENTO DE SINAIS	31
3 1 Aquisição de sinais	32
3 1 1 Tensões	32
3 1 2 Faixa de Freqüências	32
3 1 3 Frequência de Amostragem	32
3 1 4 Filtros Digitais	33
3 1 5 Distorção de Forma de Onda causada pelos Filtros FIR e IIR	35
3 2 Extração de Parâmetros	36
3.2.1 Quantização Vetorial	36
3.2.7 Algoritmo K-Means	37
5.2.2 Algomuno K-means	57

3.2.3 Algoritmo LBG	38
3.2.4 Método de Busca da Quantização Vetorial	39
3.3 Reconhecimento de Padrões	40
3.4 Cadeias de Markov de Tempo Discreto	40
3.5 Modelos de Markov Ocultos	43
3.5.1 Parâmetros de um modelo HMM discreto	43
3.5.2 Os três problemas básicos de HMM	45
3.6 Redes Neurais Artificiais	53
3.6.1 Formas de Treinamento	53
3.6.2 O Neurônio Biológico e o Perceptron	55
3.6.3 Lei de Aprendizado do Perceptron	60
3.6.4 Curva de Erro e Razão de Aprendizado	63
3.6.5 Redes RBF	63
3.6.6 Padronização	69
4 PROPOSTA DE TRABALHO	70
5 METODOLOGIA	73
5.1 Base de Dados	73
5.2 Reconhecimento Automático de Arritmias Cardíacas	74
5.3 Preparação do banco de dados	74
5.4 Preparação dos Codebooks para HMM Discreto	75
5.5 Preparação do Treino de HMM Discreto	76
5.6 Preparação do Treino da RBF	77
6 RESULTADOS	80
6.1 Resultados com HMM	88
6.2 Resultados com Redes Neurais RBF	.85
~	
7 CONCLUSOES	88
8 TRABALHOS FUTUROS	92
	~

Lista de Figuras

Figura 1: Fisiologia do Coração 18
Figura 2: Sinal Cardíaco e Complexo QRS 19
Figura 3: Triângulo de Einthoven
Figura 4: Derivada I - Capta o diferencial de potencial elétrico entre os eletrodos BD -
BE 20
Figura 5: Derivada II - Capta o diferencial de potencial elétrico entre os eletrodos BD -
PE
Figura 6: Derivada III - Capta o diferencial de potencial elétrico entre os eletrodos BE -
PE
Figura 7: Derivações AVR, AVL e AVF 21
Figura 8: Derivações precordiais
Figura 9: Taquicardia Sinusal
Figura 10: Bradicardia Sinusal 23
Figura 11: Extrassístole Atrial
Figura 12: Extrassístole Juncional ou Nodal
Figura 13: Extrassístole Ventricular
Figura 14: Taquicardia Atrial 25
Figura 15: Taquicardia Supraventricular
Figura 16: Fibrilação Atrial
Figura 17: Flutter Atrial 27
Figura 18: Taquicardia Ventricular
Figura 19: Fibrilação Ventricular
Figura 20: Assistolia
Figura 21: Diagrama de Blocos de um Sistema de Processamento de Sinais e
Reconhecimento de Padrões
Figura 22: Estrutura de um Filtro FIR na forma direta
Figura 23: Ganho e Fase de um filtro FIR passabanda de 2 Hz a 40 Hz 34
Figura 24: FFT (Fast Fourier Transform) de sinais de ECG sem filtro e com filtro FIR
passabanda de 2 Hz a 40 Hz 34
Figura 25: Distorção de forma de onda de um filtro IIR butterworth passa-banda de ordem
4 de 2 Hz a 40 Hz comparada com um filtro FIR passa-banda de ordem 100 de 2Hz a 40
Hz

Figura 26: Exemplo de Quantização Vetorial em duas dimensões	36
Figura 27: Modelo Ergódico de HMM	40
Figura 28: Modelo Ergódico de um HMM para Chuva, Nublado e Sol	41
Figura 29: Exemplo de estrutura de HMM	. 43
Figura 30: Algoritmo Forward	47
Figura 31: Algoritmo de Viterbi	50
Figura 32: Estrutura de Treinamento e Teste de HMM	52
Figura 33: Diagrama de Blocos de um sistema de rede neural	53
Figura 34: Neurônio Biológico	55
Figura 35: Potencial de ação representado pelo potencial de membrana no axônio de	e um
neurônio típico. T_n é a duração do impulso nervoso, T_a é o período de refração absolu	uta e
T_r o período de refração relativa	. 57
Figura 36: Relação entre a freqüência de pulsos de um neurônio e a intensidade do estín	nulo
de longa duração	58
Figura 37: Neurônio artificial ou Perceptron	58
Figura 38: Funções de Ativação	59
Figura 39: Grafo de fluxo de sinal do Perceptron	61
Figura 40: Curva de erro	63
Figura 41: Mapeamento do domínio X para o intervalo Y	64
Figura 42: Funções de Base Radial	66
Figura 43: Estrutura de uma rede RBF	66
Figura 44: Estrutura de Reconhecimento de Padrões do HMM	71
Figura 45: Estrutura de Reconhecimento de Padrões da RBF	71
Figura 46: Gráfico de Ocupação de um codebook de 32 centróides	75
Figura 47: 80 iterações de um HMM de 5 estados e VQ de 32, que mostram um p	onto
ótimo em 5 iterações	. 76
Figura 48: Figura com três Gaussianas como exemplo ilustrativo	78
Figura 49: VMSE por número de iterações de uma RBF treinada para Ritmo Normal co	om 4
curvas gaussianas	79
Figura 50: Gráfico em colunas dos resultados dos HMMs com VQ de 32 centróides	82
Figura 51: Gráfico em colunas dos resultados dos HMMs com VQ de 64 centróides	. 83
Figura 52: Gráfico em colunas dos resultados dos HMMs com VQ de 128 centróides	. 84
Figura 53: Gráfico em colunas dos resultados dos modelos RBF	. 85

Figura 54: Comparação em gráfico em colunas dos melhores resultados de HMM e	dos
melhores resultados de RBF	86
Figura 55: Comparação em gráfico em colunas dos piores resultados de HMM e dos pi	ores
resultados de RBF	86
Figura 56: Comparação entre HMM de 5 estados e VQ de 64 centróides com a RBF e	de 4
Gaussianas na Fibrilação Atrial	89
Figura 57: Resultados da RBF para Fibrilação Ventricular	90
Figura 58 A: Fibrilação Atrial	90
Figura 58 B: Fibrilação Ventricular	. 90

Lista de Tabelas

Tabela 1: Definição de TP, FN, FP, TN	80
Tabela 2: Resultados de HMM com VQ de 32 centróides e 5, 6 e 7 estados	81
Tabela 3: Resultados de HMM com VQ de 64 centróides e 5, 6 e 7 estados	83
Tabela 4: Resultados de HMM com VQ de 128 centróides e 5, 6 e 7 estados	84
Tabela 5: Resultados da Rede Neural RBF com 4, 6, 8 e 10 gaussianas	85

Lista de Acrônimos

- A/D Conversor Analógico Digital.
- AAMI Association for the Advancement of Medical Instrumentation.
- AED Automatic External Defibrillator.
- AHA American Heart Association.
- ANN Artificial Neural Network.
- AV Nodo Átrio Ventricular.
- AVF Augmented Vector Foot.
- AVL Augmented Vector Left.
- AVR Augmented Vector Right
- BD Braço Direito.
- BE Braço Esquerdo.
- BPM Batimentos por Minuto.
- DEA Desfibrilador Externo Automático.
- DF-38 e DF-39 Padrões desenvolvidos pela AAMI para desfibriladores.
- ECG Eletrocardiograma.
- FFT Fast Fourier Transform.
- FIR Finite Impulse Response.
- FN Falso Negativo.
- FP Falso Positivo.
- FV Fibrilação Ventricular.
- HMM Hidden Markov Models.
- IA Inteligência Artificial.
- IIR Infinite Impulse Response.
- LBG Linde Buzo Gray.
- LMS Least Mean Square.
- MIT Massachusetts Institute of Technology.
- PD Perna Direita.
- PE Perna Esquerda.
- QRS Complexo formado pelas ondas eletrocardiográficas Q, R e S.
- RBF Radial Basis Function.
- RCP Ressuscitação cardio pulmonar.
- RNA Rede Neural Artificial.

TV – Taquicardia Ventricular.

VMSE – Validation Mean Square Error.

- VN Verdadeiro Negativo.
- VP Verdadeiro Positivo.
- VQ Vector Quantization.

INTRODUÇÃO

Hoje em dia, a realidade nos mostra que a população vem sofrendo sérios danos à saúde em razão de vários fatores. Ocorre que o estresse, o sedentarismo, a má alimentação, entre outros, contribuem para o alto índice de problemas cardíacos. Em razão disso, as pesquisas médica e farmacêutica vêm sendo alvos constantes de enormes investimentos financeiros por parte de grandes indústrias e governos. Todas essas grandes pesquisas visam proporcionar uma melhor qualidade de vida às pessoas, minimizando os danos gerados pelos fatores acima referidos.

Cabe ressaltar que, em função de todos os aspectos mencionados, as pesquisas médicas e de engenharia na área de cardiologia estão continuamente em desenvolvimento. Destaca-se a área de diagnósticos que visa, principalmente, a rapidez na detecção de doenças cardíacas e em muitas vezes sem a necessidade imediata do médico ou enfermeiro em ambientes hospitalares ou até fora deles.

Os meios para o auxílio ao diagnóstico são muitos, entre eles podem ser citados os sistemas de I. A. (Inteligência Artificial), uma vez que possuem alta capacidade de aprendizagem e são poderosas ferramentas utilizadas como reconhecedores de padrões, preditores de sinais, etc.

No 1° capítulo, o trabalho aborda o sistema cardiovascular, explicando o eletrocardiograma, apresentando as principais arritmias e suas diferenças. No 2° capítulo é apresentado o conceito de desfibrilação elétrica, e quando ela é necessária. Por seguinte, no 3° capítulo, é feita uma abordagem teórica em processamento de sinais incluindo os reconhecedores utilizados, no caso HMM e RBF. No 4° capítulo é explanada a proposta deste trabalho, para que fique claro os objetivos. No 5° capítulo é abordada a metodologia, junto com a base de dados, arritmias utilizadas, preparação dos reconhecedores, etc. Finalmente, no 6° capítulo, são apresentados os resultados, medidas e diferenças entre os sistemas reconhecedores, etc.

Objetivos

Este trabalho tem como objetivo principal um estudo e desenvolvimento de sistemas de reconhecimento automático de arritmias cardíacas utilizando-se dos algoritmos reconhecedores de padrões HMM (*Hidden Markov Model*) e RBF (*Radial Basis Functions*). No que tange aos objetivos específicos, destacam-se: analisar teoricamente o coração no intuito de identificar os tipos de arritmias (Fibrilação Atrial, Taquicardia Ventricular e Fibrilação Ventricular) e suas características principais; selecionar os pacientes para coleta de dados, que foram adquiridos do banco de dados de sinais biológicos, PhysioNet [1] e gerar e analisar os resultados obtidos pela metodologia empregada nesta pesquisa.

Justificativas

A AHA (American Heart Association) estima que somente nos Estados Unidos cerca de 250.000 pessoas morrem por ano devido a ataques cardíacos. Destes, cerca de 10.000 pessoas poderiam ser salvas se tivessem recebido imediatamente tratamento de desfibrilação elétrica [2]. Destaca-se que os equipamentos DEA (Desfibriladores Externos Automáticos) são projetados para serem utilizados por pessoas com pouco treinamento em ressuscitação cardio pulmonar, podendo os DEAs serem encontrados em locais de grande população, como por exemplo, ao lado de extintores de incêndio [2]. Estes equipamentos analisam o ritmo cardíaco para identificar se existem arritmias que necessitam de desfibrilação imediata (Taquicardia Ventricular e Fibrilação Ventricular) [3], estes, portanto, justificam a relevância de um reconhecedor de padrões [4, 5, 6, 7].

Além disso, existem outros equipamentos comerciais para diagnóstico de arritmias cardíacas capazes de reconhecer não somente aquelas que necessitam de desfibrilação elétrica imediata, mas também outras arritmias, expandindo o leque de diagnósticos e auxiliando profissionais de ambientes hospitalares a tomarem decisões com uma maior agilidade.

Em virtude de tais aspectos, conclui-se que a presente pesquisa apresenta sua relevância teórica e prática, uma vez que, cada vez mais, estes equipamentos são necessários, principalmente para a redução da taxa de mortalidade e agilidade nos diagnósticos.

1 SISTEMA CARDIOVASCULAR

O coração, também chamado de miocárdio é um órgão muscular oco que se localiza sob o osso esterno, ligeiramente deslocado para a esquerda. Em uma pessoa adulta, tem o tamanho aproximado de um punho fechado e pesa cerca de 400 gramas. É constituído de três músculos cardíacos principais: Músculo Atrial, Músculo Ventricular e Fibras Musculares excitatórias/condutoras [8].

Existe no coração quatro câmaras: dois átrios e dois ventrículos. Os átrios são divididos em átrio direito e esquerdo e tem a função de receber o sangue proveniente das veias cavas e da veia pulmonar e enviá-los ao ventrículo. Os ventrículos que também são divididos em direito e esquerdo tem a função de receber sangue dos átrios e enviá-los ao que chamamos de **pequena circulação** (sistema pulmonar) e **grande circulação** (sistema circulatório), onde acontecerão as trocas através dos capilares [8].

Entre o átrio direito e o ventrículo direito encontra-se a válvula tricúspide e entre o átrio esquerdo e o ventrículo esquerdo tem-se a válvula bicúspide ou mitral. Entre o átrio esquerdo e a veia pulmonar encontra-se a válvula pulmonar e entre o ventrículo esquerdo e a artéria aorta encontra-se a válvula aórtica Estas válvulas têm a função de reter sangue, produzir pressão e evitar refluxo de sangue [8, 9].



Figura 1: Fisiologia do coração [10]

O ciclo cardíaco começa com um impulso elétrico no nodo sinusal (fibra muscular) que se propaga através dos átrios até o nodo Átrio-Ventricular (Nodo AV). Neste meio tempo o átrio esquerdo recebe sangue oxigenado através das veias pulmonares e passa o fluxo para o ventrículo esquerdo. O átrio direito recebe sangue venoso através da veia cava superior e inferior repassando o fluxo para o ventrículo direito. As válvulas tricúspide e mitral estão abertas e as válvulas pulmonar e arterial estão fechadas [10].

Para que ocorra tempo suficiente dos átrios se contraírem antes dos ventrículos (existe uma contração final dos átrios, pois o enchimento de sangue nos ventrículos faz com que a pressão aumente forçando o átrio a uma contração para conseguir fechar as válvulas tricúspide e mitral), ocorre um atraso de um décimo de segundo no nodo AV. O sinal elétrico propaga-se pelas fibras de Purkinje que excitam todas as partes dos ventrículos. Após a contração dos átrios, as válvulas pulmonar e aórtica se abrem devido ao aumento de pressão nos ventrículos. Os ventrículos então se contraem enviando sangue para o sistema pulmonar e circulatório [8, 10, 11, 12]. A contração do miocárdio é chamada de sístole e o relaxamento do mesmo é chamado de diástole

1.1 Nodo Sinusal

O nodo sinusal encontra-se no átrio direito e é responsável pelo ritmo do coração, também considerado como um marcapasso natural. É o que da início a cadeia de estimulação elétrica do coração com um potencial de ativação [10, 11, 12, 13].

1.2 Sinal Cardíaco e Complexo QRS

O eletrocardiograma mostrado na figura 2 é formado por um conjunto de ondas: onda P, Q, R, S, T. A onda P corresponde à despolarização dos átrios (contração) com aproximadamente 0.1 segundos e com uma tensão de 0.1 a 0.3 mV. As ondas QRS também chamadas de Complexo QRS correspondem a despolarização dos ventrículos (contração) com uma duração de 0.1 segundos e uma tensão em torno de 1mV. Também no complexo QRS se encontra a repolarização dos átrios (relaxamento), mas com uma intensidade muito menor, ficando assim invisível. A onda T corresponde a repolarização dos ventrículos com aproximadamente 0.2 segundos e uma tensão em torno de 0.2 mV [8, 10, 13].

Raramente se encontra um onda U que representa uma repolarização lenta dos músculos papilares dos ventrículos (músculos que se contraem impedindo a retorno de sangue aos átrios) [13].



Figura 2: Sinal Cardíaco e Complexo QRS [11]

1.3 Derivações

Na eletrocardiografia prática, aceita-se como verdadeiras as seguintes proporções:

- O tronco humano é uma esfera homogênea, de tamanho infinito.
- O coração está no centro, ocupando o tamanho de um ponto.



Figura 3: Triângulo de Einthoven [11]

Assim, o conceito de Triângulo de Einthoven mostrado na figura 3 pressupõe que a união das extremidades (braços e pernas) forma um triângulo, e que o coração, considerado um ponto, ocupe o centro do triângulo e da esfera (tronco) [11]. Nas derivações I, II e III mostradas na figura 4, 5 e 6 respectivamente, mostram as ondas cardíacas captadas por meio de eletrodos colocados no braço direito (BD), no braço esquerdo (BE) e na perna esquerda (PE). Há ainda um quarto eletrodo, que é colocado na perna direita (PD) para funcionar como terra, e não captar o fluxo elétrico das ondas cardíacas [11].



Figura 4: Derivada I– Capta o diferencial de potencial elétrico entre os eletrodos BD–BE[11]



Figura 5: Derivada II-Capta o diferencial de potencial elétrico entre os eletrodos BD-PE[11].



Figura 6:Derivada III-Capta o diferencial de potencial elétrico entre os eletrodos BE-PE[11].

As derivações AVR (*Augmented Vector Right*), AVL (*Augmented Vector Left*) e AVF (*Augmented Vector Foot*) mostradas na figura 7, também são periféricas, só que modificadas (amplificadas). Nelas permanecem colocados os eletrodos no BD (AVR), no BE (AVL) e na PE (AVF), porém com tensão amplificada.



Figura 7: Derivações AVR, AVL e AVF [11]

Existem também as derivações precordiais mostradas na figura 8, registradas a partir de seis diferentes pontos do tórax, próximos da localização do coração. Apesar de muito próximas, cada uma dessas derivações também apresentam um padrão eletrocardiográfico próprio, que decorre da variação da posição dos eletrodos, colocados em sucessão da direita para a esquerda (de V1 a V6) [11].



Figura 8: Derivações precordiais [11]

A derivação mais utilizada é a Derivada II, ou D2, que está praticamente em todos os eletrocardiogramas do nosso banco de dados e que por esta razão foi escolhida neste trabalho.

1.4 Arritmias Cardíacas

Arritmias cardíacas são aquelas formas de onda diferentes da forma original de um ECG. Mostraremos aqui as arritmias cardíacas mais usuais.

1.4.1 Taquicardia Sinusal

É a freqüência cardíaca normal com um ritmo elevado, acima de 120 bpm (Batimentos por Minuto). O ECG é normal com todas as ondas aparecendo. Crianças podem ter taquicardia sinusal, pessoas fazendo exercício, ansiedade, emoções [10, 11, 14].



Figura 9: Taquicardia Sinusal [11]

1.4.2 Bradicardia

É a frequência cardíaca normal em um ritmo muito baixo, abaixo de 60 bpm. O ECG é normal com todas as ondas aparecendo. Atletas geralmente têm bradicardia e qualquer pessoa durante o sono. Quando acentuada pode causar tonturas [10, 11, 13, 14].



Figura 10: Bradicardia Sinusal [11]

1.4.3 Extrassístoles

Batimentos precoces que se originam fora do marcapasso sinusal. Será mostrado a seguir os tipos de extrassístoles.

1.4.3.1 Extrassístole Atrial

Onda P' de morfologia diferente da onda P sinusal ocorrendo antes do batimento esperado. O complexo QRS geralmente é normal. Comum em pessoas normais, desencadeada por tensão emocional, excesso de cafeína, bebidas alcoólicas [11, 13].



Figura 11: Extrassístole Atrial [11]

1.4.3.2 Extrassístole Juncional ou Nodal

Ritmo irregular, aparecendo onda P' negativa, pois ocorre despolarização atrial retrógrada. Bem menos comum que a extrassístole atrial, também desencadeada por tensão emocional, café, fumo, álcool [11, 13].



Figura 12: Extrassístole Juncional ou Nodal [11]

1.4.3.3 Extrassístole Ventricular

Batimento precoce que se origina nos ventrículos, tendo ritmo irregular, onda P sinusal geralmente está oculta pelo QRS alargado da extrassístole. Muito comum em pessoas normais e não tem prognóstico [11, 13].



Figura 13: Extrassístole Ventricular [11]

1.4.4 Taquicardia Atrial

Ritmo com seqüência cardíaca acima de 100 bpm, precedido por onda P' com morfologia e polaridade diferentes da onda P sinusal e seguidos de complexos QRS. Ocorre em pessoas normais [10, 11].



Figura 14: Começo de Taquicardia Atrial [14]

1.4.5 Taquicardia Supraventricular

Taquicardia com QRS estreito, regular, sem ondas P precedendo o QRS e com freqüência cardíaca entre 120 bpm e 220 bpm. Ocorre em pessoas normais e em cardiopatias diversas [10, 11].



Figura 15: Taquicardia Supraventricular [14]

1.4.6 Fibrilação Atrial

É a arritmia clinicamente significante mais comum, com prevalência em 0,4% da população geral. Os átrios despolarizam-se 400 a 700 vezes por minuto. Temos ausência da onda P e oscilação, ou também serrilhado, na linha base, assim como também variação de tempo nos intervalos R-R [11, 13].



Figura 16: Fibrilação Atrial [14]

1.4.7 Flutter Atrial

O flutter é uma arritmia restrita ao átrio direito. As ondas P' são iguais pois têm origem no mesmo foco ectópico, mas não são ondas P verdadeiras. Assemelha-se a dentes de serra, sua principal característica.



Figura 17: Flutter Atrial [14]

1.4.8 Taquicardia Ventricular

É a ocorrência de 3 ou mais batimentos de origem ventricular com freqüência acima de 120 bpm. Está associado a cardiopatias graves. Pode levar a uma fibrilação ventricular. A Taquicardia Ventricular com instabilidade hemodinâmica ou a Taquicardia Ventricular sem pulso aparente, deve ser tratada imediatamente, caracterizando parada cardíaca [10, 11, 12, 13, 14].



Figura 18: Taquicardia Ventricular [11]

1.4.9 Fibrilação Ventricular

Parada cardíaca. Atividade contrátil cessa e o coração apenas tremula. Não há pulso nem batimento cardíaco. Presente em 85% dos ECGs de parada cardíaca [13]. Tem um ritmo irregular sem ondas P, QRS ou T. Cada minuto de demora para desfibrilar equivale a perda de 10% de chance de reverter a situação [10, 11, 13, 14].



Figura 19: Fibrilação Ventricular [14]

1.4.10 Assistolia

É a ausência de ritmo sinusal e atividade elétrica [10, 11, 13, 14].



Figura 20: Assistolia [14]

2 DESFIBRILAÇÃO ELÉTRICA

2.1 Conceito

As referências históricas das manobras de reanimação datam da Antigüidade. O primeiro relato de sucesso em RCP (Reanimação Cardiopulmonar) encontra-se na Bíblia, quando o profeta Elias reanimou o filho da viúva de Sarepta, no primeiro livro dos Reis 17:17-22. Esta descrição antecede a reanimação que Eliseu, discípulo de Elias, realiza no filho da mulher Sunamita, narrada no segundo Livro dos Reis 4:34-35 [16].

Outros relatos esporádicos ocorreram através da história, entre os quais o uso da flagelação com o açoite, trotar sobre um cavalo com a vítima debruçada sobre este, rolar a vítima sobre um barril e outros, todos sem qualquer base científica, porém com alguns relatos de sucesso [16].

No século anterior surgiram vários métodos de ventilação e relatos na literatura, Hake em 1874 e Keen em 1904, de sucesso, utilizando-se a massagem cardíaca interna. Crile e Dolley em 1906 descreveram o método experimental de reanimação usando compressão seqüêncial, ventilação artificial e o uso de adrenalina parenteral. Zoll em 1956 reverteu a fibrilação ventricular através da desfibrilação elétrica, sem toracotomia (abertura do tórax). Safar em 1958 publicou estudos sobre o controle das vias aéreas e ventilação boca a boca [16].

A primeira reunião de consenso sobre RCP realizou-se com a participação da National Academy of Sciences e da National Research Council dos Estados Unidos da América (EUA) em 1966; a esta, outras sucederam-se. Apesar da diferença de infraestrutura entre os países adotaram-se, quase que mundialmente, como referência para RCP, as recomendações da American Heart Association (AHA) na conferência de 1992 [16, 17].

2.2 Consequências da Desfibrilação

A desfibrilação elétrica despolariza a maioria das células do coração, que reestabilizam as contrações sincronizadas e o ritmo normal.

É comprovado hoje que, a cada descarga elétrica no músculo cardíaco, este tem seu tempo de vida reduzido. E se ocorrer descarga elétrica na onda T, pode fortemente induzir a uma fibrilação ventricular [9]. Por isso as descargas elétricas são dadas apenas quando necessário. Outras conseqüências são:

- Aumento da Creatina Kinase (derivada da musculatura esquelética) – que em geral não mascara o diagnóstico de infarto cardíaco[9].

- Alteração no nível de potássio intracelular após trauma elétrico, podendo contribuir para a intratabilidade da fibrilação ventricular[9].

- Hipercalcemia após choques intensos repetitivos[9].

- Arritmias pós-desfibrilação[9].

- Assistolia ou parada cardíaca são raros mas podem ocorrer em distúrbios severos do sistema de condução [9].

2.3 Arritmias onde Desfibrilação é Adequada

A desfibrilação elétrica é adequada em apenas duas arritmias: Taquicardia Ventricular do tipo com instabilidade hemodinâmica ou do tipo sem pulso e Fibrilação Ventricular. Outras arritmias não oferecem risco de vida imediato [9, 10, 11, 13, 14].

3 PROCESSAMENTO DE SINAIS



Figura 21: Diagrama de Blocos de um Sistema de Processamento de Sinais e Reconhecimento de Padrões

Na figura 21 é mostrado um sistema de reconhecimento de padrões, onde pode-se ver os seguintes blocos:

- Aquisição: Aquisição de sinais bioelétricos, digitalizados. Tendo em vista que é necessário a amplificação do sinal, a existência de filtros analógicos *anti-aliasing* e conversores A/D (Analógico Digital).

 Extração de Parâmetros: Técnicas de redução de dimensionalidade. No caso do HMM, é utilizado a Quantização Vetorial. No caso da RBF, não é utilizado nenhuma técnica de extração de parâmetros.

- **Reconhecedor de Padrões:** O algoritmo reconhecedor, composto de um modelo para cada padrão a ser reconhecido. Neste projeto são quatro modelos: Ritmo Normal, Fibrilação Atrial, Taquicardia Ventricular e Fibrilação Ventricular.

- **Decisão:** Sistema decisor. Tendo em vista que no bloco anterior existem quatro modelos reconhecedores, um para cada padrão, cada um tendo um escore de saída, o bloco decisor compara os escores de acordo com uma métrica, podendo ser a menor, e indica o modelo vencedor. Este bloco será visto junto com o bloco reconhecedor de padrões.

3.1 Aquisição de sinais

Nesta seção são detalhados os componentes que fazem parte do bloco de aquisição de sinais bioelétricos, mostrado na figura 21.

3.1.1 Tensões

A tensão medida diretamente nos eletrodos do paciente fica geralmente em torno de 1mV pico a pico, um sinal muito baixo, sendo necessário um circuito amplificador de boa sensibilidade [11, 18, 19]. No PhysioNet, na digitalização, pode haver diferentes níveis de quantização, de 12 bits, 14 bits, etc e diferentes níveis de amplificação. Para evitar esse problema, utilizamos a normalização em amplitudes de 0 a 1.

3.1.2 Faixa de Freqüências

De acordo com a norma DF-39 e DF-80, disponibilizadas pela AAMI (Association for the Advancement of Medical Instrumentation) para monitoramento do ECG do paciente, as componentes principais são mostrados na faixa de 0.67Hz a 40Hz, enquanto monitoramento para **diagnóstico** em várias derivações a faixa de freqüência vai de 0.05Hz até 150Hz, sempre eliminando a freqüência de 50/60 Hz [20, 21].

3.1.3 Frequência de Amostragem

De acordo com o Teorema de Nyquist mostrada em 3.1-1, onde F_s é a freqüência de amostragem e F_{MAX} é a freqüência máxima do sinal, e sabendo que a freqüência máxima do sinal que queremos amostrar é 40Hz, então por conseqüência delimitamos nossa freqüência de amostragem acima de 80Hz, escolhendo 250Hz, sabendo que no PhysioNet temos eletrocardiogramas com diferentes freqüências de amostragem, como 125 Hz, 250 Hz e 360 Hz, sendo a mais comum 250 Hz [22].

$$F_s > 2F_{MAX} \tag{3.1-1}$$

3.1.4 Filtros Digitais

Foi utilizado um filtro do tipo FIR (Finite Impulse Response) passa-faixa nas freqüências de corte de 2 Hz a 40 Hz com ordem 100 com a freqüência de amostragem de 250Hz.

Abaixo está a equação de diferenças de um filtro FIR:

$$y(n) = \sum_{k=0}^{M-1} b_k x(n-k)$$
(3.1-2)

Ou sua equivalente na transformada z:

$$H(z) = \sum_{k=0}^{M-1} b_k z^{-k}$$
(3.1-3)

Onde b_k representa os coeficientes do filtro calculado, z^{-k} representa o atraso de k amostras, M representa a ordem do filtro e y(n) a saída do filtro, representado na forma direta pela figura 22 [23]:



Figura 22: Estrutura de um Filtro FIR na forma direta [24]

A estrutura do filtro FIR de M = 5, onde x(n) representa o sinal de entrada, y(n) representa o sinal de saída, *b0* até *b4* os coeficientes do filtro e z^{-1} o atraso de 1 amostra [24].

A figura 23 mostra as características de ganho e fase de um filtro digital, no caso um filtro FIR passabanda com as freqüências de corte de 2Hz a 40Hz; características essas que determinam o uso de um filtro para a aplicação correspondente. A figura 24 mostra a FFT (Fast Fourier Transform) de um sinal cardíaco normal não filtrado, e filtrado com o mesmo filtro da figura 23, onde podemos perceber a atenuação a partir de 40 Hz.



Figura 23: Ganho e Fase de um filtro FIR passabanda de 2 Hz a 40 Hz.



Figura 24: FFT (Fast Fourier Transform) de sinais de ECG sem filtro e com filtro FIR passabanda de 2Hz a 40 Hz.

3.1.5 Distorção de Forma de Onda causada pelos Filtros FIR e IIR

A escolha do filtro é muito importante, pois dependendo do filtro utilizado, temos distorção de forma de onda, e devemos equilibrar a mesma com a atenuação do filtro. A figura 25 mostra a distorção de forma de onda causada por um filtro FIR passabanda com freqüências de corte de 2Hz a 40Hz com 100 coeficientes, comparada com um filtro do tipo IIR butterworth de ordem 4 e freqüências de corte de 2Hz a 40Hz.



Figura 25: Distorção de forma de onda de um filtro IIR (Infinite Impulse Response) butterworth passa-banda de ordem 4 de 2 Hz a 40 Hz comparada com um filtro FIR passabanda de ordem 100 de 2 Hz a 40 Hz.

3.2 Extração de Parâmetros

Este capítulo visa o estudo detalhado do bloco de extração de parâmetros, usado exclusivamente neste trabalho para o HMM discreto.

3.2.1 Quantização Vetorial

Neste capítulo será analisada a técnica de extração de parâmetros para o algoritmo reconhecedor HMM. A quantização vetorial, também chamada de Quantização de Blocos, atua em vetores de N dimensões que se encontram em um determinado espaço vetorial delimitado por células ou *clusters*. Essa limitação em células é feita a partir das **magnitudes** das distâncias euclidianas entre os vetores. Cada célula tem um vetor (code-vector) de N dimensões representante, também chamado de centróide, e cada centróide é representado por um código numérico de 1 a M, onde M é o número máximo de células que subdivide o nosso espaço. Para treinar os M centróides N-dimensionais, ou seja, para poder dividir o espaço vetorial em uma maneira ótima, podem ser aplicados 2 tipos de algoritmos de treinamento baseados em distâncias euclidianas, o algoritmo K-means e o algoritmo LBG (Linde-Buzo-Gray) que serão explicados adiante. Estes algoritmos fornecem uma tabela-código (codebook) que contém todos os M centróides [25, 26].



Figura 26: Exemplo de Quantização Vetorial em duas dimensões
3.2.2 Algoritmo K-MEANS

Este algoritmo utiliza o critério da distorção média global, e se utiliza da seguinte regra de Nearest Neighbor, chamando de $q(\bullet)$ a operação de quantização, y_i o i-ésimo centróide do codebook e x o vetor a ser quantizado:

$$q(x) = y_i$$
, se e somente se $d(x, y_i) \le d(x, y_i)$ (3.2 – 1)

Onde a distância euclidiana num espaço p-dimensional é mostrada abaixo:

$$d(x, y) = \sum_{i=1}^{p} (x_i - y_i)^2$$
, para todo $j \neq i$ (3.2 – 2)

O algoritmo de k-means tem os seguintes passos [25]:

I. Inicialização

É escolhido um método para gerar os M centróides, podendo ser um método randômico.

II. Recursão

- Classificar cada um dos vetores de treinamento em alguma célula usando a regra de Nearest Neighbor, ou seja, o vetor que for mais próximo de um centróide em termos de distância, pertencerá aquela célula correspondente.
- 2. Computar a distorção média global por:

$$D = \frac{1}{T} \sum_{n=1}^{T} d[x_n, y_n]$$
 (3.2-3)

Onde y_n é o code-vector representante de cada vetor x_n , e *T* é o número de vetores de treino. A distorção média global pode ser considerada a média das distorções locais de cada célula.

A atualização dos centróides é a média dos vetores de cada célula, ou seja:

$$\overline{y_i} = \frac{1}{m} \sum_{1}^{m} \overline{x_m}$$
(3.2-4)

Onde *m* é o número de vetores existentes em uma célula.

III. Término

Determinar a diferença entre a distorção média global obtida na iteração atual e a obtida na iteração anterior e comparar a um limiar pré-estabelecido, ou quando atingir o número de iterações estabelecido.

3.2.3 Algoritmo LBG

O algoritmo de Yoseph Linde, Andrés Buzo e Robert Gray é uma extensão do algoritmo K-MEANS, gerando vários codebooks. O codebook inicial é formado por apenas dois centróides correspondentes a duas células, então o algoritmo procede de forma similar ao K-means. Em seguida, o algoritmo executa uma "divisão" de cada um dos centróides, gerando um codebook de quatro centróides, que deverão ser atualizados e assim por diante [25].

O algoritmo procede, sendo que o número M de centróides deve ser escolhido com base em $M = 2^m$, onde m é um valor pré-definido.

I. Inicialização

É escolhido um método para gerar os B=2 centróides iniciais, podendo ser um método randômico.

II. Recursão

1. Classificar os vetores em células usando o método Nearest Neighbor.

2. Atualizar os centróides das células computando a distorção local de cada centróide e a distorção média global.

3.Determinar a diferença entre a distorção média global, obtida na iteração atual com a obtida na iteração anterior e compará-la a um limiar pré-estabelecido.

III.Término

4. Se *B* for menor que *M*: Acrescentar *B* novos centróides ao codebook, duplicando o número de centróides e o número de células e retornar ao passo 2. Caso contrário: Termine.

A divisão do codebook se faz com um fator γ chamado de fator de perturbação (de um valor típico de 10^{-2}), que determina uma pequena alteração nos centróides de todos os agrupamentos a serem divididos, de acordo com o algoritmo abaixo [25]:

$$y_{n+B} = y_n (1 - \gamma)$$
 $0 \le n \le B$ $(3.2 - 5)$

Onde *B* é o número de centróides da iteração.

3.2.4 Método de Busca da Quantização Vetorial

O método de busca exaustiva se faz por meio do cálculo da distância euclidiana do vetor a cada centróide do codebook, determinando assim o centróide correspondente ao vetor, visto que este deve ter a menor distância calculada entre todos os centróides do codebook.

3.3 Reconhecimento de Padrões

Nesta seção são descritos os sistemas de reconhecimento de padrões HMM discreto e rede neural artificial do tipo RBF. Estes sistemas são usualmente utilizados na pesquisa e na indústria com vários objetivos, entre eles o reconhecimento de padrões.

3.4 Cadeias de Markov de Tempo Discreto

Considere um sistema que pode ser descrito em qualquer tempo estando em um dos N estados indexados por {1,2,...,N}, conforme Figura 27 (onde N = 5). Em tempos discretos regulares, o sistema sofre uma troca de estados (sendo possível permanecer no mesmo estado) de acordo com um conjunto de probabilidades associadas ao estado. Os instantes de tempo associados à troca de estados são denotados por t = 1,2,..., e é denotado o tempo t do estado atual como q_t . Note que a expressão de probabilidade condicional P(X | Y) pode ser lida da seguinte forma: "A probabilidade de ocorrer X, dado que ocorreu Y". Para a descrição de probabilidades totais do sistema, seria necessário a especificação do estado atual, assim como de seus predecessores. Para o caso especial das Cadeias de Markov de primeira ordem, onde a probabilidade em t+1 depende somente do estado em t [25, 27], a dependência probabilística é truncada, ficando apenas com os estados predecessores, ou seja:



Figura 27: Modelo Ergódico de HMM [27]

$$P[q_t = j | q_{t-1} = i, q_{t-2} = k, ...] = P[q_t = j | q_{t-1} = i]$$
(3.4 - 1)

A equação (3.4-1) é também chamada de probabilidade de transição de estados, e é denotada por

$$a_{ii} = P[q_t = j \mid q_{t-1} = i], \qquad 1 \le i, j \le N, \qquad (3.4-2)$$

com as seguintes propriedades,

$$a_{ij} \ge 0$$

 $\sum_{j=1}^{N} a_{ij} = 1$, (3.4 - 3)

Tendo a forma matricial

$$A = \begin{bmatrix} a_{11} & \dots & a_{1j} \\ \dots & \dots & \dots \\ a_{i1} & \dots & a_{ij} \end{bmatrix}, \qquad 1 \le i, j \le N.$$
(3.4 - 4)

O estado inicial do sistema é definido por

$$\pi_i = P[q_1 = i], \qquad 1 \le i \le N . \tag{3.4-5}$$

e a sequência de observações até o tempo t é denotada por O_t .

Dada a cadeia de Markov acima, a probabilidade de ocorrer uma seqüência de observações qualquer $O = x_i, x_j, x_k, \dots$ é dada por [27]:

$$P(O) = P\{x_i, x_j, x_k, \dots\} = \pi_i a_{ii} a_{ik} \dots$$
(3.4-6)

Esse processo estocástico descrito acima, é chamado de Modelo de Markov Observável, pois as saídas dos processos é o próprio conjunto de estados a cada instante de tempo t, onde cada estado corresponde a um evento observável. Consideramos um simples Modelo de Markov do clima visto na figura 28, onde assumimos que uma vez por dia, o clima é observado em Chuva, Nublado e Sol, tendo os respectivos estados 1, 2 e 3.



Figura 28: Modelo Ergódico de um HMM para Chuva, Nublado e Sol [27].

As probabilidades de transição de estados, são definidas pela matriz A

$$A = \{a_{ij}\} = \begin{bmatrix} 0.4 & 0.3 & 0.3 \\ 0.2 & 0.6 & 0.2 \\ 0.1 & 0.1 & 0.8 \end{bmatrix}$$

Então a probabilidade de que o clima de oito dias consecutivos seja "sol-solchuva-chuva-sol-nublado-sol"[27], é calculada pelo vetor de observações O, definido como O = (sol, sol, sol, chuva, chuva, sol, nublado, sol) ou ainda O = (3,3,3,1,1,3,2,3), calculado como:

$$\begin{split} P(O \mid Modelo) &= P[3,3,3,1,1,3,2,3 \mid Modelo] \\ &= P[3]P[3 \mid 3]P[3 \mid 3]P[1 \mid 3]P[1 \mid 1]P[3 \mid 1]P[2 \mid 3]P[3 \mid 2] \\ &= \pi_3 a_{33} a_{33} a_{31} a_{11} a_{13} a_{32} a_{23} \\ &= 1.536 \times 10^{-4} \end{split}$$

3.5 Modelos de Markov Ocultos

Vimos até agora que as Cadeias de Markov têm em cada estado correspondente, um evento observável. Nesta seção, nós estendemos este conceito para o caso onde cada estado tem uma função de distribuição de probabilidades e onde as saídas de alguns estados **não** são diretamente observáveis, mas podem ser observáveis apenas através de um conjunto de processos estocásticos que produzem uma seqüência de observações.

Para visualizarmos o HMM, assumiremos o seguinte cenário. Duas pessoas separadas por uma sala com paredes, onde uma pessoa não enxerga a outra. Em uma das salas a pessoa faz experimentos de "cara-coroa" usando uma ou mais moedas. Esta pessoa **não** contará à outra que moeda ela usou a cada vez, apenas contará o resultado de cada movimento de moeda. Está então um experimento de "cara-coroa" **oculto** sendo realizado [27]. Dado este cenário, como construir um HMM para explicar as seqüências de observações de caras e coroas? É o que explicaremos adiante.

3.5.1 Parâmetros de um modelo HMM discreto



Para se definir um modelo HMM, vamos utilizar a estrutura de primeira ordem abaixo:

Figura 29: Exemplo de estrutura de HMM

Onde os estados estão representados de 1 a 4 e $b_j(k)$ é a probabilidade de observar o símbolo k dado que estamos no estado j, ou seja, a distribuição de probabilidade dos

resultados *k* no estado *j*, que formará a matriz B vista mais adiante. Os coeficientes $a_{11}...a_{44}$ são as probabilidades de transição de estados, que formam a matriz A representada abaixo junto com a matriz B:

$$A = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & 0 & 0\\ 0 & a_{22} & a_{23} & 0\\ 0 & 0 & a_{33} & a_{34}\\ 0 & 0 & 0 & a_{44} \end{bmatrix}$$
$$B = \begin{bmatrix} b_1(1) & \dots & b_1(M)\\ \dots & \dots & \dots\\ b_N(1) & \dots & b_N(M) \end{bmatrix}$$

Sendo $1 \le k \le M$ e $1 \le j \le N$.

Tendo as seguintes propriedades:

$$\sum_{j=1}^{N} a_{ij} = 1 \qquad e \qquad \sum_{k=1}^{M} b_{j}(k) = 1$$

Definiremos as notações abaixo para melhor visualizar e entender o sistema [25, 27, 28, 29]:

- $\lambda = (A, B, \pi)$: representação do modelo HMM.
- N : número de estados de um modelo.
- q_t : estado no tempo t.

- $V = \{v_1, ..., v_M\}$: conjunto de M resultados esperados (também chamado de conjunto de símbolos ou alfabeto).

- M : número de símbolos do alfabeto.

 $-O = \{O_1, ..., O_T\}$: seqüência de observações, ou de resultados v_k gerados pelo modelo.

 $-\pi = {\pi_i}, \pi_i = P(q_1 = i) : \pi \notin a$ matriz de probabilidades iniciais, onde $\pi_i \notin probabilidade de estar no estado$ *i*no começo*t*=1

 $-A = \{a_{ij}\}, a_{ij} = P(q_{t+1} = j | q_t = i) : A$ é a matriz de probabilidade de transição de estados, onde a_{ij} é a probabilidade de estar no estado *j* no tempo *t*+*1* dado que estamos no estado *i* e tempo *t*.

 $-B = \{b_j(k)\}, b_j(k) = P(v_k | q_i = j): B$ é a matriz de probabilidade de observações e $b_j(k)$ é a probabilidade de observação do símbolo (resultado) v_k dado que estamos no estado *j*. A matriz *B* define o tipo de distribuição de probabilidade de cada estado.

3.5.2 Os Três problemas básicos de HMM

Problema 1 – Dado o modelo $\lambda = (A, B, \pi)$ e a seqüência de observações $O = O_1 \dots O_T$, como computar $P(O \mid \lambda)$, a probabilidade de ocorrer a seqüência de observações, dado o modelo [27]?

Problema 2 – Dado o modelo $\lambda = (A, B, \pi)$, e a seqüência de observações $O = O_1 \dots O_T$, como escolher a seqüência de estados $q = q_1 \dots q_T$ que é ótima em algum sentido, ou seja, que melhor "explica" as observações [27]?

Problema 3 – Como ajustar os parâmetros do modelo $\lambda = (A, B, \pi)$ para maximizar $P(O \mid \lambda)$ [27]?

Solução para problema 1: A forma mais direta de calcular $P(O|\lambda)$ é enumerar cada seqüência possível de estados de tamanho T (número de observações). Existem então N^T possíveis seqüências de estados. Considere uma seqüência de estados

$$q = (q_1, q_2, ..., q_T)$$

Onde q_1 é o estado inicial. A probabilidade da seqüência de observações O dado uma seqüência de estados é:

$$P(O \mid q, \lambda) = \prod_{t=1}^{T} P(O_t \mid q_t, \lambda)$$
(3.5 - 1)

Onde assumimos independência estatística das observações. Então temos:

$$P(O \mid q, \lambda) = b_{q1}(O_1) \cdot b_{q2}(O_2) \dots \cdot b_{qT}(O_T)$$
(3.5 - 2)

A probabilidade de cada seqüência de estado q pode ser escrita como:

$$P(q \mid \lambda) = \pi_{q1} a_{q1q2} a_{q2q3} \dots a_{qT-1qT}$$
(3.5-3)

A probabilidade de O e q ocorrerem simultaneamente é o produto dos dois termos anteriores:

$$P(O,q \mid \lambda) = P(O \mid q, \lambda)P(q \mid \lambda)$$
(3.5-4)

A probabilidade $P(O \mid \lambda)$ é então calculada como:

$$P(O \mid \lambda) = \sum_{q_{1,q_{2},..,q_{T}}} P(O \mid q, \lambda) P(q \mid \lambda)$$

=
$$\sum_{q_{1,q_{2},..,q_{T}}} \pi_{q_{1}} b_{q_{1}}(O_{1}) a_{q_{1}q_{2}} b_{q_{2}}(O_{2}) ... a_{q_{T-1}q_{T}} b_{q_{T}}(O_{T})$$
(3.5 - 5)

A interpretação para a equação é a seguinte: Inicialmente (tempo t = 1) estamos no estado q_1 com probabilidade π_{q1} e é gerado o símbolo O_1 (neste estado) com probabilidade $b_{q1}(O_1)$. A transição de tempo é feita, t = 2 e é feita a transição para o estado q_2 com probabilidade a_{q1q2} , é gerado o símbolo O_2 com probabilidade $b_{q2}(O_2)$. Sabendo que a transição de tempo existem N estados possíveis, e para cada estado deve ser feita 2^T computações matemáticas, então se considerarmos uma seqüência de observações de 100 amostras e 5 estados, teremos que fazer $2 \times 100 \times 5^{100} \cong 10^{72}$ computações, o que inviabiliza o procedimento. Por esta razão está descrito a seguir 2 procedimentos matemáticos que resolvem o problema, procedimento Forward e o procedimento Backward. Ambos calculam a probabilidade do modelo λ descrever a seqüência de observações $O = O_1...O_T$. Mostraremos ambos algoritmos a seguir [27]:

Algoritmo Forward:

É definida uma variável forward $\alpha_i(i)$ e utilizado o seguinte algoritmo [25]:

I. Inicialização

$$\alpha_1(i) = \pi_i b_i(O_1) \qquad 1 \le i \le N \tag{3.5-6}$$

II. Recursão

$$\alpha_{t+1}(j) = \left[\sum_{i=1}^{N} \alpha_{t}(i)a_{ij}\right] b_{j}(O_{t+1}) \qquad 1 \le t \le T - 1 \\ 1 \le j \le N \qquad (3.5 - 7)$$

III. Término

$$P(O \mid \lambda) = \sum_{i=1}^{N} \alpha_T(i)$$
(3.5 - 8)



Figura 30: Algoritmo Forward [25]

Na inicialização, o algoritmo calcula as probabilidades iniciais no tempo t = 1 para cada estado do modelo. Durante a recursão, as probabilidades calculadas na iteração anterior, serão somadas no cálculo das probabilidades do instante atual. Ao final, no tempo t = T, a probabilidade total calculada, para a seqüência de observações *O* dado o modelo λ , é a soma de todas as probabilidade calculadas para todos os estados.

Algoritmo Backward:

De forma similar, agora assumindo o tempo contrário, é definido uma variável backward $\beta_T(i)$ e utilizado o seguinte algoritmo [25]:

I. Inicialização

$$\beta_T(i) = 1$$
, $1 \le i \le N$ (3.5–9)

II. Recursão

$$\beta_{t}(i) = \sum_{j=1}^{N} a_{ij} b_{ij}(O_{t+1}) \beta_{t+1}(j) \qquad \begin{array}{c} T-1 \ge t \ge 1\\ 1 \le i \le N \end{array}$$
(3.5 - 10)

III. Término

$$P(O \mid \lambda) = \sum_{i=1}^{N} \beta_{1}(i)$$
 (3.5 - 11)

Solução para problema 2: Para achar a única e melhor seqüência de estados $q = (q_1, q_2, ..., q_T)$ para a seqüência de observações $O = O_1 ... O_T$, ou seja, buscar o caminho "ótimo" percorrido pelo modelo HMM, isto é, de max $[P(O | \lambda)]$. Um dos meios consiste em escolher, durante o cálculo de $P(O | \lambda)$, os estados que apresentam individualmente a máxima probabilidade acumulada associada a seqüência O, dado o modelo λ . Em outras palavras, pode-se calcular, sucessivamente para cada observação O, a probabilidade do estado que possuir a maior probabilidade acumulada até a observação atual. O algoritmo de *Viterbi*, proposto em 1967, realiza a estimação da seqüência de estados $q = (q_1, q_2, ..., q_T)$ de acordo com o seguinte algoritmo [25, 27]:

1. Inicialização

$$\Phi_1(i) = \pi_i b_i(O_1) ; \qquad 1 \le i \le N$$

$$\psi_1(i) = 0$$
(3.5 - 12)

2. Recursão

$$2 \le t \le T$$

$$\Phi_{t}(j) = \max[\Phi_{t-1}(i)a_{ij}]b_{j}(O_{t}); \quad 1 \le j \le N$$

$$1 \le i \le N$$

(3.5 - 13)

 $\psi_t(j) = \max_i$

Onde max é o índice (estado) *i* que maximiza $\Phi_i(j)$.

3.Término

$$\max[P(O/\lambda)] = \max \ [\Phi_T(i)]; \quad 1 \le i \le N \tag{3.5-14}$$
$$q_t = \max_i$$

4. Seqüência de estados percorrida

$$q_t = \psi_{t+1}(q_{t+1}); \quad T-1 \ge t \ge 1$$
 (3.5-15)



Figura 31: Algoritmo de Viterbi [25]

Assim, na etapa de inicialização, a probabilidade de cada estado é calculada para tempo t=1. Na etapa de recursão é escolhida a máxima probabilidade obtida no instante anterior t-1, e tal probabilidade é usada para calcular a probabilidade dos estados, no tempo atual t. Pode-se perceber que, em cada iteração, somente os resultados que obtiverem máxima probabilidade é que propagarão a probabilidade calculada até o instante atual, descrevendo assim, um caminho, de máxima probabilidade, entre todos os estados. Deste modo, a matriz $\Psi_t(i)$ guarda o estado anterior t-1, em que foi obtida a máxima probabilidade.

Ao final, a probabilidade máxima obtida pela seqüência *O* segundo o modelo λ é a probabilidade máxima calculada entre todos os estados do modelo para tempo t=T. Pode-se igualmente determinar a seqüência de estados "ótima" percorrida, com o auxílio da matriz $\Psi_i(i)$.

Solução para problema 3: Para a estimação dos parâmetros **A**, **B** e π , deve-se assumir previamente a topologia para o modelo $\lambda(A, B, \pi)$, incluindo número de estados e tamanho das seqüências de observações. Para esta solução é utilizado o estimador de máxima verossimilhança, ou MLE (*Maximum Likelihood Estimation*) de Baum-Welch, baseado no clássico trabalho de Baum e seus colegas[27].

Assim, a estimação é obtida pelo emprego de amostras de treinamento que serão avaliadas pela probabilidade do modelo acompanhar a ocorrência das seqüências de treinamento, isto é, o cálculo de $P(O|\lambda)$. A probabilidade $P(O|\lambda)$ pode ser determinada pela expressão da probabilidade pelos algoritmos de **forward** e **backward**, como visto anteriormente, isto é, a determinação da similaridade do modelo com a seqüência de observações *O*, segundo sua ocorrência com o tempo crescente (iniciando em *t*=1 até *t*=*T*), ou a avaliação da similaridade do modelo com a seqüência *O*, assumindo tempo decrescente (*t*=*T* até *t*=1).

Uma vez que a matriz A é a matriz das probabilidades de transição a_{ij} , a estimação destas probabilidades de transição serão obtidas a partir das seqüências de treinamento e levando em conta a probabilidade **forward** $\alpha_i(i)$ e **backward** $\beta_i(i)$ calculada para um dado estado do modelo durante uma seqüência de treinamento[25, 27, 28, 30].

Os elementos da matriz A e B podem ser estimados pela expressão abaixo:

$$\bar{a}_{ij} = \frac{numero_de_transições_esperadas_do_estado_i_para_o_estado_j}{numero_de_transições_esperadas_do_estado_i}$$

$$\bar{b}_{ij} = \frac{numero_esperado_de_vezes_no_estado_i_observando_o_símbolo_V_k}{numero_esperado_de_vezes_no_estado_j}$$

E após derivações e outras transformações matemáticas detalhadas em [28], chegamos ao seguinte algoritmo [25]:

I. Inicialização

Arbitra-se valores iniciais para as matrizes A e B.

II. Recursão

$$\overline{\pi}_{i}(i) = \frac{\alpha_{0}(i)\beta_{0}(i)}{\sum_{j=1}^{N}\alpha_{T}(j)}$$
(3.5 - 16)

$$\bar{a}_{ij} = \frac{\sum_{t=1}^{T-1} \alpha_{t-1}(i) a_{ij} b_j(O_t) \beta_t(j)}{\sum_{t=1}^{T-1} \alpha_{t-1}(i) \beta_{t-1}(i)} \qquad 1 \le i \le N$$

$$1 \le j \le N \qquad (3.5 - 17)$$

$$1 \le k \le M$$

$$\overline{b}_{j}(k) = \frac{\sum_{t=1}^{T} \alpha_{t}(i)\beta_{t}(i)\delta_{t}(O_{t}, V_{k})}{\sum_{t=1}^{T} \alpha_{t}(i)\beta_{t}(i)}$$
(3.5 - 18)

Assumir para as matrizes A e B os valores \overline{a}_{ij} e $\overline{b}_j(k)$ calculados. Onde M é o número de símbolos, N é o número de estados e onde o coeficiente $\delta_t(O_t, V_k)$ é definido por [27]:

$$\delta_t(O_t, V_k) = \begin{cases} 1 \to O_t = V_k \\ 0 \to outro \end{cases}$$

III. Término

Ajustar a matriz B substituindo cada elemento $b'_{j}(k) = 0$ por $b'_{j}(k) = \varepsilon$, onde ε é um limiar escolhido, por exemplo 10^{-4} .

Na figura 32, verificamos todo o sistema reconhecedor de HMM discreto, visto em diagrama de blocos, onde observa-se o sistema de treinamento e de validação comutado por chaves [25].



Figura 32: Estrutura de Treinamento e Teste de HMM

3.6 Redes Neurais Artificiais

O cérebro humano é uma massa cinzenta e gelatinosa pesando aproximadamente 1,5 Kg e consome aproximadamente um quinto da energia do corpo humano. É constituído por aproximadamente 100 bilhões de células nervosas e tem 100 trilhões de pontos de interconexão, característica que ressalta o seu alto desempenho através do seu alto grau de processamento paralelo. O cérebro consegue resolver problemas complexos muitas vezes mais rápido do que os velozes computadores atuais, mesmo que a sua velocidade de processamento cerebral seja inferior $(10^{-3} \text{ segundos})$ aos processadores digitais $(10^{-9} \text{ segundos})$ [13].

O sistema nervoso pode ser visto de uma forma simplificada em blocos com a seguinte descrição:



Figura 33: Diagrama de Blocos de um sistema de rede neural

As RNAs (Redes Neurais Artificiais) são sistemas adaptativos, geralmente nãolineares, que aprendem a mapear funções a partir de um conjunto de vetores de entrada. O processo de adaptação ocorre por meio de regras bem definidas que compõem a fase de treinamento. Essas regras adaptam os parâmetros livres, isto é, pesos sinápticos até o momento em que a rede alcance os critérios de parada, como por exemplo erro mínimo ou número de épocas [13, 31].

3.6.1 Formas de Treinamento

A característica de aprendizagem da rede neural é determinada pelo algoritmo de treinamento. Existem três principais métodos de aprendizagem:

Supervisionado: possui um "tutor" que indica os padrões de saída, sendo que a RNA é treinada tendo sempre em vista diminuir o erro entra a saída desejada e a que ela mesma calculou [13, 31].

Não-supervisionado (auto-organizado): não utiliza de um "supervisor" para indicar os padrões de saída, mas baseia-se matematicamente nos vetores de treinamento.

Híbrido: combina os dois métodos anteriores.

A seguir está apresentada algumas das principais regras de aprendizagem para as RNAs:

Regra de correção de erro: cada vetor de entrada possui uma saída desejada *d*. Contudo, durante o processo de aprendizagem algumas saídas *y* da RNA não são iguais as desejadas *d*. Desta forma, o erro (d - y) deve ser aplicado aos pesos, produzindo então uma adaptação que busca a minimização do erro [13, 31].

Aprendizagem de Hebb: Hebb em 1949, concluiu em seus estudos que: se os neurônios anteriores e posteriores ligados a sinapse são ativados de forma síncrona (ambos positivos ou negativos), isso faz com que a intensidade da sinapse aumente. No sentido oposto, ou seja, se a ativação das sinapses ocorre de forma assíncrona (um potencial negativo e outro positivo, ou vice-versa), então essa sinapse é seletivamente enfraquecida ou eliminada. O ajuste é realizado de forma local dependendo somente dos neurônios anteriores e posteriores ligados à sinapse [13, 31].

Aprendizagem competitiva: a abordagem competitiva tem como principal característica a unicidade da saída vencedora, mais conhecida como "vencedor leva tudo". Este método baseia-se matematicamente nos dados de entrada e faz com que esses sinais sejam agrupados pela rede e representados por uma unidade vencedora [13, 31].

3.6.2 O Neurônio Biológico e o Perceptron



Figura 34: Neurônio Biológico[32]

A célula nervosa, ou o neurônio, mostrado na figura 34, foi identificado anatomicamente e descrito com notável detalhe pelo neurologista espanhol Ramón y Cajal no século 19. A partir do corpo celular, ou *soma*, (o centro dos processos metabólicos da célula nervosa), projetam-se extensões filamentares, os dendritos e o axônio [32]. Frequentemente os dendritos cobrem um volume muitas vezes maior do que o próprio corpo celular e formam uma *árvore dendrital*. O axônio serve para conectar a célula nervosa a outras do sistema nervoso. O neurônio possui geralmente um único axônio, embora esse possa apresentar algumas ramificações. Alguns tipos de neurônios, a grande maioria dos que constituem o sistema nervoso central dos vertebrados, possui uma capa segmentada de mielina, que serve para acelerar a transmissão da informação pelo axônio [32].

As manifestações elétricas de neurônios biológicos foram observadas pela primeira vez no século 19 por BuBois Reymond com o auxílio de galvanômetros. O funcionamento dessas células começou a ser melhor entendido com a invenção, no final do século 19 por Crookes, do tubo de raios catódicos e com a sua aplicação à observação da atividade elétrica nervosa, principalmente por Erlanger e Gasser, na década de 1920. Essas investigações lhes renderam o prêmio Nobel de fisiologia em 1944. Nas duas décadas seguintes, como resultado do trabalho de vários pesquisadores, passou-se a entender o neurônio biológico como sendo basicamente o dispositivo computacional elementar do sistema nervoso, que possuía entradas e uma saída. As entradas ocorrem através das conexões sinápticas, que conectam a árvore dendrital aos axônios de outras células. Os sinais que chegam a esses axônios são pulsos elétricos conhecidos como *impulsos nervosos* ou *potenciais de ação*, que constituem a

informação que o neurônio processará, de alguma forma, para produzir como saída um impulso nervoso no seu axônio [32].

A grosso modo, podemos dizer que as sinapses são regiões eletroquimicamente ativas, compreendidas entre duas membranas celulares: a membrana *pré-sináptica*, por onde chega um estímulo proveniente de uma outra célula, e a membrana *pós-sináptica*, que é a do dendrito. Nesta região intersináptica, o estímulo nervoso que chega na sinapse é transferido à membrana dendrital através de substâncias conhecidas como *neurotransmissores*. O resultado dessa transferência é uma alteração no potencial elétrico da membrana pós-sináptica. Dependendo do tipo de neurotransmissor, a conexão sináptica será excitatória ou inibitória. Uma conexão excitatória provoca uma alteração no potencial da membrana que contribui para a formação de um impulso nervoso no axônio de saída enquanto que uma conexão inibitória age no sentido oposto.

O axônio de um neurônio é um tubo filamentar delimitado pela membrana celular. Assim existe uma região interior e outra exterior. Em repouso, isto é sem a presença de um impulso nervoso, o interior da membrana está a um potencial eletronegativo em relação ao exterior. Este é o *potencial de repouso* da membrana. Quando o potencial da membrana está menos eletronegativo que o potencial de repouso, diz-se que ela está *despolarizada*. O impulso nervoso, ou *potencial de ação* é uma onda de despolarização que se propaga pela membrana [32].

A formação de um potencial de ação na membrana axonial ocorre quando a membrana sofre uma despolarização suficientemente acentuada para cruzar um determinado valor conhecido como *limiar de disparo*. Neste momento, através de um processo ativo, a membrana se despolariza rapidamente, muito além do valor do limiar e em seguida retorna, bem mais lentamente, ao valor de repouso. Após a ocorrência de um impulso nervoso, a membrana entra em um período conhecido como *período de refração absoluta*, durante o qual é incapaz de produzir um outro potencial de ação, como mostra a figura 35 [32].



Figura 35: Potencial de ação representado pelo potencial de membrana no axônio de um neurônio típico. T_n é a duração do impulso nervoso, T_a é o período de refração absoluta e T_r o período de refração relativa [32].

Quando um estímulo chega à sinapse, o seu efeito na membrana pós-sináptica será provocar uma polarização cujo sinal dependerá do tipo de neurotransmissor e cuja magnitude dependerá da concentração deste, da dimensão geométrica da sinapse, e da distância ao axônio do neurônio. A polarização pós-sináptica ocorre imediatamente após a chegada do impulso nervoso na sinapse e se propaga por toda a membrana até o local em que poderá interferir no surgimento do potencial de ação e, com o tempo decai de maneira aproximadamente exponencial, sendo este fenômeno conhecido como *integração temporal*. Por outro lado, o potencial de ação é provocado no axônio de um neurônio pelo efeito combinado de todos os estímulos excitatórios e inibitórios que chegam a sua árvore dendrital, sendo esta característica conhecida como *integração espacial* [32].

A existência de um período refratário absoluto Ta para a geração de um novo potencial de ação, após a ocorrência de um impulso nervoso de duração Tn, necessariamente limita a freqüência máxima de pulsos no axônio em $f_{max} = 1/(Ta + Tn)$ [32].

Por sua vez, durante o período refratário relativo, a ocorrência de impulsos nervosos com freqüência crescente só é possível com o aumento da despolarização, isto é do estímulo primário. Dessa forma, pode-se dizer que o neurônio opera como um dispositivo que codifica em *freqüência de pulsos* o resultado da integração espacial/temporal dos estímulos, como mostra a figura 36 [32].



Figura 36: Relação entre a freqüência de pulsos de um neurônio e a intensidade do estímulo de longa duração [32].



Figura 37: Neurônio artificial ou Perceptron [31]

Na figura 37, no neurônio artificial, as entradas $x_1...x_m$ representam a árvore dendrital, os pesos sinápticos $w_{k0...}w_{km}$ representam o tipo de neurotransmissor e sua concentração na junta sináptica, e o somatório representa o corpo celular [31]. A função φ , conhecida como função de ativação, pode possuir algumas características indicadas na figura 38, como por exemplo, a saturação fora da faixa de argumento [31]. As funções de ativação da figura 38 não serão utilizadas nas RBFs da metodologia, apenas têm o objetivo de embasar teoricamente o perceptron e seu algoritmo de convergência.



Figura 38: Funções de ativação [31]

A primeira função de ativação é também chamada de função de ativação threshold, assume 1 para positivo e zero para negativo, e foi utilizado no neurônio booleano de McCulloch. Nesta função de ativação, apenas a saturação é preservada. Possui a seguinte função [31]:

$$\varphi(v) = \begin{cases} 1 & se \ v_k \ge 0 \\ 0 & se \ v_k < 0 \end{cases}$$
(3.6 - 1)

A segunda função de ativação, chamada de Piece-Wise linear ou também chamada de pseudo-linear, onde preserva a saturação. Tem a seguinte expressão [31]:

$$\varphi(v) = \begin{cases} 1, \to & v \ge +\frac{1}{2} \\ v + \frac{1}{2}, \to & v > -\frac{1}{2} \\ 0, \to & v \le -\frac{1}{2} \end{cases}$$
(3.6 - 2)

A terceira função de ativação, denominada sigmoidal, podendo ser do tipo logística ou tangente hiperbólica, além de preservar a saturação, ainda é não-linear. Tem como expressão a função logística [31, 33]:

$$\varphi(v) = \frac{1}{1 + \exp(-av)}$$
(3.6-3)

Onde *a* é o parâmetro de inclinação da função logística acima. A função tangente hiperbólica tem como expressão [31, 33]:

$$\varphi(v) = \tanh(v) \tag{3.6-4}$$

Definimos então a função que descreve o nosso perceptron [31, 33]:

$$v_{k} = \sum_{j=0}^{m} w_{kj} x_{j}$$
(3.6-5)
$$y_{k} = \varphi(v_{k})$$
(3.6-6)

3.6.3 Lei de aprendizado do perceptron

O algoritmo LMS (Least Mean Square), também conhecido como *regra delta*, apresentado pelo artigo de Widrow e Hoff em 1960, é simples de implementar, apesar de ser altamente eficaz em suas aplicações e foi desenvolvido para o treino de um neurônio **linear**, enquanto que o perceptron foi desenvolvido para o neurônio **não-linear** [31, 32]. O algoritmo LMS e o perceptron são naturalmente relacionados.



Figura 39: Grafo de fluxo de sinal do Perceptron [31]

Abaixo a equação que define o neurônio com o bias:

$$v_k = \sum_{j=1}^m w_{kj} x_j + b_k \tag{3.6-9}$$

O algoritmo LMS tem o objetivo de minimizar o erro de saída do neurônio, para isso, é utilizada uma função de custo baseado no erro, onde devemos também minimizar essa função de custo J [31, 33, 34]:

$$J = J(\underline{w}(n)) = \frac{1}{2}e(n)^{2}$$
 (3.6 - 10)

Onde w(n) é o vetor de pesos sinápticos e e(n) é o erro da saída desejada com relação à saída calculada a cada iteração *n*.

Temos que a variação dos pesos sinápticos é definida por [31]:

$$\Delta \underline{w}(n) = -\eta \Delta J(\underline{w}(n)) \tag{3.6-11}$$

Onde η é a taxa de aprendizado.

Sabendo que:

$$\Delta J(\underline{w}(n)) = \frac{\partial J(\underline{w}(n))}{\partial \underline{w}(n)}$$
(3.6 - 12)

e

$$e(n) = d(n) - y(n) = d(n) - \underline{x}^{T}(n)\underline{w}(n)$$
(3.6 - 13)

Onde d(n) é a saída desejada, y(n) é a saída calculada e $\underline{x}^{T}(n)$ é o vetor de entrada. Através de substituições chegamos à:

$$\Delta J(\underline{w}(n)) = -e(n)\underline{x}(n) \tag{3.6-14}$$

E finalmente à equação de atualização do pesos sinápticos:

$$\Delta \underline{w}(n) = \underline{w}(n+1) = \underline{w}(n) + \eta e(n)\underline{x}(n) \qquad (3.6-15)$$

Com isto, podemos definir o algoritmo de convergência para um perceptron [31]:

I. Inicialização:

Iniciar o vetor \underline{w} , sendo que $\underline{w} \rightarrow 0$.

II. Recursão

$$y(n) = \varphi(\underline{w}^{T}(n)\underline{x}(n)) \qquad \qquad 0 \le n \le N \qquad (3.6 - 16)$$

$$w(n+1) = \underline{w}(n) + \eta [d(n) - y(n)] \underline{x}(n)$$
(3.6 - 17)

Onde *N* é o número de iterações e onde φ é a função de ativação.

III. Término

Quando o erro na saída atinge um limiar especificado.

3.6.4 Curva de Erro e Razão de Aprendizado



Figura 40: Curva de erro

Uma curva de erro, como pode ser vista na figura 40, é uma maneira de visualizar a eficiência de aprendizagem no decorrer dos ciclos de treinamento. A escolha do valor da razão de aprendizagem é essencial para uma melhor convergência do sistema. Uma razão de aprendizado muito pequena significa uma lenta convergência do algoritmo até um erro mínimo. Por outro lado, uma razão de aprendizado muito grande, faz com que as correções nos pesos sinápticos sejam muito grandes, fazendo com que o sistema fique oscilatório e instável [35].

3.6.5 Redes RBF

Nesta etapa, veremos em um prisma diferente as redes neurais, visualizando o seu planejamento como um problema de aproximação de curvas em espaços de alta dimensão. De acordo com este ponto de vista, o aprendizado é equivalente a encontrar uma superfície em um espaço multidimensional que provê o melhor "encaixe" para os dados de treino, com o critério de "encaixe" sendo medido em algum sentido estatístico[31]. Correspondentemente, generalizando, é equivalente a usar estas superfícies multidimensionais para mapear os dados de validação.

Para fazer este mapeamento de uma dimensão à outra, são utilizadas funções de nominadas *funções de base radial*.

As redes neurais do tipo RBF (Radial Basis Functions) são redes supervisionadas, consideradas aproximadoras universais. Uma rede RBF possui em sua arquitetura uma camada escondida definida por um conjunto de funções de base radial. No treinamento é ajustada uma superfície não-linear ao conjunto de dados, em um espaço de multidimensional, de acordo com algum critério estatístico [31].

Existem duas abordagens para se chegar ao desenvolvimento do algoritmo de treinamento das RBFs[31]. O primeiro são os métodos baseados no *problema do mapeamento* e o segundo é o método baseado na *teoria da regularização*. O algoritmo detalhado mais adiante é baseado no problema do mapeamento.

É necessário mapear os dados de uma dimensão *m0* para uma dimensão unitária, como mostra a figura 41, escrita como:

$$s:\mathfrak{R}^{m_0}\to\mathfrak{R}^1$$



Figura 41: Mapeamento do domínio X para o intervalo Y [31]

O problema do mapeamento pode ser descrito como:

"Dado N pontos diferentes $\{x_i \in \Re^{m_0} | i = 1, 2...N\}$ e um correspondente de N números reais $\{d_i \in \Re^1 | i = 1, 2...N\}$ ache a função $F : \Re^N \to \Re^1$ que satisfaça a condição de mapeamento:" [31]

$$F(\underline{x}_i) = d_i, i = 1, 2, \dots N$$
 (3.6 - 18)

A técnica de funções de base radial, consiste em escolher uma função F que tenha a seguinte forma:

$$F(\underline{x}) = \sum_{i=1}^{N} w_i \varphi(\|\underline{x} - \underline{x}_i\|)$$
(3.6 - 19)

Onde $\varphi(||x - x_i||) | i = 1, 2, ..., N \text{ é um conjunto de } N$ funções arbitrárias, conhecidas como funções de base radial, e onde ||.|| denota o uso de norma euclidiana. Os pontos conhecidos $x_i \in \Re^{m_0}, i = 1, 2, ..., N$ são tomados como os centros das funções de base radial [31].

Obtemos então as seguintes equações lineares com os coeficientes (pesos sinápticos) desconhecidos:

$$\begin{bmatrix} \varphi_{11}, \dots, \varphi_{1N} \\ \dots \\ \varphi_{N1}, \dots, \varphi_{NN} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \omega_1 \\ \dots \\ \omega_N \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} d_1 \\ \dots \\ d_N \end{bmatrix}$$
(3.6-20)

Os N por 1 vetores d e w representam o vetor de saída desejada e vetor de pesos sinápticos respectivos, onde N é o tamanho do treino de amostras. Deixe Φ denotar a matriz N por N dos elementos φ_{ii} :

$$\underline{\Phi} = \{ \varphi_{ii} \mid (j,i) = 1, 2, \dots, N \}$$
 (3.6 – 21)

Esta matriz é chamada de matriz de mapeamento. Nós podemos escrevê-la de uma forma mais compacta [31]:

$$\underline{\Phi}\underline{w} = \underline{x} \tag{3.6-22}$$

Assumindo que Φ é não-singular e assim a matriz Φ^{-1} existe, podemos achar a solução para a equação acima para os pesos:

$$\underline{w} = \underline{\Phi}^{-1} \underline{x} \tag{3.6-23}$$

Originalmente, esta abordagem utilizava tantas funções de base radial quantos fossem os padrões do conjunto de dados representativo da função a ser aproximada, e tinha algumas desvantagens, como por exemplo o alto custo computacional. Então, em 1988, Broomhead e Lowe sugeriram modificações, e uma delas é que nem todo vetor de entrada tenha uma função de base radial associada. Isto faz com que o sistema de equações lineares seja sobredeterminado, ou seja, mais equações do que incógnitas [36].

A abordagem de Broomhead e Lowe resultou em uma significativa redução de custo computacional e no aumento da capacidade de generalização das redes RBF [36].

Em 1986 Miccheli apresentou um teorema que prova a não-singularidade de uma matriz de mapeamento Φ , com isso, obteve-se um conjunto de funções de base radial que se

encaixam neste teorema (MICHELLI, *apud*. HAYKIN, Simon, 1999, p.286) [36]. A figura 42 apresenta algumas funções de base radial, onde $\xi = x - \mu$, e onde x representa uma variável aleatória, μ representa a média e σ representa o desvio padrão.

Lâmina <i>spline</i> fina	$\phi(\zeta) = \frac{\zeta}{\sigma^2} \log\left(\frac{\zeta}{\sigma}\right)$
Multi-Quadrática	$\phi(\zeta) = \sqrt{\zeta^2 + \sigma^2}$
Multi-quadrática inversa	$\phi(\zeta) = \frac{1}{\sqrt{\zeta^2 + \sigma^2}}$
Gaussiana	$\phi(\zeta) = \exp\left(-\frac{\zeta^2}{2\sigma^2}\right)$

Figura 42: Funções de Base Radial [36]

A seguir é descrito mais detalhes sobre as RBFs e seu algoritmo de treino supervisionado, baseado no método do Gradiente Estocástico, definido em [36], que dará a base para as RBFs utilizadas na metodologia e nos resultados, que são de 4, 6, 8 e 10 funções gaussianas.



Figura 43: Estrutura de uma rede RBF [36]

A camada de saída da rede neural é formada por um único neurônio linear. O neurônio que compõe a camada de saída é definido como um combinador linear das funções de base radial. A saída y da rede RBF é, portanto, a soma das saídas de cada função de base radial, ponderadas pelos respectivos pesos sinápticos w_k , de tal forma que a combinação linear é expressa por [36]:

$$y(n) = \sum_{k=0}^{K-1} w_k(n) \varphi_k(\underline{u}, \underline{t}_k, \sigma_k^2) \qquad (3.6 - 24)$$

Na equação acima o termo $\varphi_k(\underline{u}, \underline{t}_k, \sigma_k^2)$ é a k-ésima função de base radial, que é definida por [36]:

$$\varphi_k(n) = \exp\left[-\frac{1}{\sigma_k^2(n)} \left\|\underline{u}(n) - \underline{t}_k(n)\right\|^2\right]$$
 (3.6 - 25)

Onde $\underline{u}(n)$ representa o vetor de entrada u no instante n, $\underline{t}_k(n)$ representa o vetor centro da k-ésima função de base radial k=0,1,...,K, e $\sigma_k^2(n)$ é a variância associada a cada uma das funções no instante n [36].

É mostrado a seguir os passos para o treinamento supervisionado da RBF [31] definidos nas divisões de inicialização, recursão e término pelo algoritmo do Gradiente Estocástico [36]:

I. Inicialização:

1. Inicializar os centros das funções de base radial e iterar utilizando algoritmo K-MEANS.

2. Inicializar os pesos sinápticos com zero.

3. Inicializar as variâncias dos centros como sendo o quadrado da maior distância euclidiana entre os centros, isto é max{ $\|\underline{t}_i - \underline{t}_j\|^2$ }, comum para todas as variâncias.

II. Recursão:

4. Calcular a saída da rede através de:

$$y(n) = \sum_{k=0}^{K-1} w_k(n) \varphi_k(n) + w_b B = \sum_{k=0}^{K-1} w_k(n) \exp\left[-\frac{1}{\sigma_k^2(n)} \left\|\underline{u}(n) - \underline{t}_k(n)\right\|^2\right] + w_b B \qquad (3.6 - 26)$$

Onde w_b é o peso sináptico do *bias*, *B* é o valor do *bias*, *N* é o número de vetores de treino e n = 0,1,...N-1.

5. Determinar o erro através da equação 3.6 - 13:

$$e(n) = d(n) - y(n)$$

Onde d(n) é a saída desejada do vetor de entrada e y(n) é a saída calculada.

6. Atualizar os pesos sinápticos w_k e w_b de acordo com:

$$w_k(n+1) = w_k(n) + \mu_w e(n)\varphi_k(n)$$
(3.6 - 27)

$$w_{b}(n+1) = w_{b}(n) + \mu_{w}e(n)B \qquad (3.6-28)$$

Atualizar os centros de funções de base radial \underline{t}_k através de [36]:

$$\underline{t}_{k}(n+1) = \underline{t}_{k}(n) + 2\mu_{t}e(n)w_{k}(n)\varphi_{k}(n)\frac{\underline{u}(n) - \underline{t}_{k}(n)}{\sigma_{k}^{2}(n)}$$
(3.6 - 29)

Atualizar as variâncias dos centros das funções de base radial σ_k^2 através de [36]:

$$\sigma_k^2(n+1) = \sigma_k^2(n) + \mu_{\sigma} e(n) w_k(n) \varphi_k(n) \frac{\left\|\underline{u}(n) - \underline{t}_k(n)\right\|^2}{\left(\sigma_k^2(n)\right)^2} \qquad (3.6 - 30)$$

7. Determinar o Erro Médio Quadrático de Aproximação através de [36]:

$$MSEA = \frac{1}{N} \sum_{n=0}^{N-1} (d(n) - y(n))^2$$
(3.6 - 31)

III. Término

8. Fazer os passos anteriores até chegar a um limite pré-definido de MSEA (Mean Square Error de Aproximação) [36].

3.6.6 Padronização

Suponha que uma rede neural tenha duas entradas, a primeira com uma magnitude muito maior que a segunda. Durante o treinamento, a rede irá ajustar os valores para a primeira entrada muito mais do que para a segunda entrada, então o erro praticamente não se ajustará pela segunda entrada. Naturalmente, não queremos que nosso classificador prefira umas das entradas apenas pela magnitude [35].

Para evitar esta dificuldade, os padrões de entrada devem ser deslocados para que a média do arquivo de treino seja zero. Além disso, todo o arquivo de dados deve ser escalonado para ter a mesma variância em cada componente (geralmente 1.0). Matematicamente, significa dizer que deve ser subtraída a média de cada componente (entrada da rede) e dividida pelo desvio padrão de cada componente [35].

Isto deve ser feito antes do treino do sistema, e naturalmente os vetores de validação também devem ser submetidos à padronização [35].

4 PROPOSTA DE TRABALHO

A proposta do presente trabalho é fazer um estudo e desenvolvimento de sistemas para o reconhecimento de arritmias cardíacas através de algoritmos reconhecedores de padrões. Para tanto foi preciso fazer pesquisas específicas sobre as arritmias cardíacas, banco de dados, algoritmos, bem como desenvolver uma metodologia para obtenção de resultados.

Os padrões eletrocardiográficos utilizados são o Ritmo Normal, a Fibrilação Atrial, a Taquicardia Ventricular e a Fibrilação Ventricular. No que tange as arritmias, destacam-se a Taquicardia Ventricular sem pulso, isto é, com ausência de pulso do paciente e a Fibrilação Ventricular. Ambas são chamadas de parada cardíaca, e em razão disso, exigem tratamento desfibrilatório imediato. Os equipamentos DEA, por sua vez, fazem a discriminação destas duas arritmias dentre outras para aplicar devidamente o choque, podendo serem utilizados por pessoas com pouco treinamento ressuscitatório.

Além disso, a Fibrilação Atrial, que é a arritmia mais comum na população mundial, incorpora a gama de arritmias a serem reconhecidas neste trabalho. Cabe ressaltar que além dos equipamentos DEA, existem outros equipamentos comerciais que utilizam uma gama maior de arritmias para diagnósticos.

Conforme já mencionado em outras ocasiões, o uso dos sistemas reconhecedores HMM e RBF são muito empregados em diversas aplicações, na área científica e industrial. O HMM por exemplo, é muito utilizado por sua portabilidade em equipamentos. O HMM mencionado é do tipo discreto, ou seja, o vetor de observações de entrada é discreta, ou quantizada, que é feita utilizando a extração de parâmetros do tipo Quantização Vetorial.

Todos os dados, tanto para treino como para validação, são coletados no banco de dados PhysioNet, onde existem coletados centenas de pacientes, tendo muitas vezes seus eventos analisados e registrados. Entres os bancos de dados do PhysioNet, se encontram também bancos de dados do MIT (Massachussets Institute of Technology), European Society of Cardiology, Creighton University, entre outros.

Nos sistemas reconhecedores, não foi utilizado nenhum tipo de sincronismo, como por exemplo, ondas R-R, provenientes dos complexos QRS, pois o objetivo também foi analisar o desempenho frente a variações de freqüência cardíaca e deslocamento de sinal no tempo.

Os eletrocardiogramas dos pacientes foram filtrados para eliminar as freqüências mais baixas, ou seja, a variação de linha base, fruto de artefatos, como respiração, e também foram filtradas freqüências mais altas.



Figura 44: Estrutura de Reconhecimento de Padrões do HMM

Cada modelo HMM é treinado somente com o seu padrão para ser reconhecido, ou seja, o algoritmo de Baum-Welch, altera seus parâmetros somente para um tipo de padrão.



Figura 45: Estrutura de Reconhecimento de padrões da RBF

Diferentemente do HMM, no caso da RBF, cada modelo é treinado em duas classes, um padrão a ser reconhecido e outro a ser descartado, por exemplo, para treinarmos o modelo que irá reconhecer a Fibrilação Atrial, treinamos o modelo para classificar a mesma em um grupo e para classificar os outros padrões em outro grupo. Para discriminarmos as classes, mudamos o valor da saída desejada no treino. As figuras 44 e 45 mostram as estruturas de reconhecimento em blocos dos sistemas de HMM e RBF respectivamente.

Deste modo, procurando atingir o objetivo deste trabalho, a presente proposta realizará os sistemas reconhecedores HMM e RBF, variando os parâmetros de dimensionamento do projeto de cada um deles. Desta forma deseja-se obter uma descrição tão completa quanto possível da influência desses parâmetros no desempenho comparativo entre esses algoritmos de reconhecimento.

Espera-se assim, não só efetivamente implementar um reconhecedor de arritmias cardíacas com adequada taxa de acerto na identificação das arritmias, como também estabelecer elementos úteis para futuros trabalhos que necessitem projetar sistemas de auxílio ao diagnóstico de doenças cardíacas, sejam esses portáteis ou processados via sistema computacional robusto.
5 METODOLOGIA

Este capítulo descreve e analisa a metodologia empregada para atingir os objetivos propostos. Este processo metodológico teve início na preparação do conjunto de dados do PhysioNet. No sistema de HMM, foi então utilizado a Quantização Vetorial para extração de parâmetros e então utilizado o sistema reconhecedor de padrões HMM, que foi limitado em iterações e número de estados como veremos adiante. No sistema RBF, o qual não necessita de extração de parâmetros nesta proposta, o sistema reconhecedor foi limitado em número de iterações também, como mostramos adiante.

5.1 Base de Dados

Esta etapa é de extrema importância, talvez a mais difícil, que é ter uma base de dados que consiga suprir a necessidade de padrões que um pesquisador necessita. Explicamos então abaixo as fontes para nosso projeto.

O PhysioNet [1] é um concentrador de bases de dados na internet no *site* <u>www.physionet.org</u>, onde existem vários eletrocardiogramas digitalizados, muitos deles com anotações de ritmos onde podemos facilmente adquiri-los e manejá-los. A freqüência de amostragem varia para as diferentes seleções, sendo necessário cuidado ao selecionar o arquivo.

Entre os bancos de dados do PhysioNet, se encontram banco de dados do MIT (Massachussets Institute of Technology), European Society of Cardiology, Creighton University, entre outros.

No banco de dados Arrhythmia Database do MIT por exemplo, pode-se ver informações online sobre os pacientes (idade, sexo, tipos de arritmias, etc) em <u>http://www.physionet.org/physiobank/database/html/mitdbdir/</u>.

5.2 Reconhecimento Automático de Arritmias Cardíacas

Além do ritmo cardíaco normal, serão reconhecidas as seguintes arritmias:

- Fibrilação Atrial

- Taquicardia Ventricular

- Fibrilação Ventricular

5.3 Preparação do banco de dados

A nossa base de dados, retirada do PhysioNet, compõem-se das arritmias já citadas acima, decomposta em vetores de 4 segundos cada. Cada vetor de 4 segundos é treinado ou validado pelo sistema de reconhecimento em questão. A opção de usar 4 segundos, vem de que, 1 segundo seria muito pouco, visto que se um ritmo cardíaco tiver freqüência de batimento menor que 60 batimentos por minuto, teríamos então 1 segundo em que teríamos apenas as ondas P e T, ou menos, cujo sistema poderia interpretar erroneamente. Mas também a utilização de um vetor muito grande, como por exemplo, 10 segundos, o qual poderia existir a presença de extrassístoles ventriculares por exemplo, dificultaria também o reconhecimento. A opção foi feita nos 4 segundos. Além disso, para aumentarmos a quantidade de vetores, aplicou-se uma janela com 4 segundos de duração com sobreposição de 3 segundos em janelamentos consecutivos, aumentando assim o banco de dados em 4 vezes.

Em outros casos, algumas arritmias se parecem muito com outras, como por exemplo a Fibrilação Atrial e o Flutter Atrial, embora no PhysioNet, os médicos avaliem e registrem corretamente. Outros casos são a Fibrilação Ventricular e a Taquicardia Ventricular, onde apesar da fibrilação ventricular ter um ritmo irregular, muitas vezes ela se parece com uma oscilação, o que acontece com a Taquicardia Ventricular muitas vezes também. Estes detalhes influenciam em muito a precisão do sistema, e tentou-se evitar ao máximo neste trabalho.

Foram selecionados 12 pacientes para cada arritmia, sendo 6 para treino e 6 para validação. Para cada paciente, foi coletado em torno de 3 minutos.

Os sinais da base de dados utilizada, tanto para teste quanto para treinamento e para todos os padrões considerados, possuíam diferentes freqüências cardíacas, no entanto não foi adotado nenhum recurso adicional para sincronização de ondas tanto para o treinamento quanto para o teste, tais como: detecção do complexo QRS [37], alteração da escala de tempo em vetores R-R, quantização adicional de parâmetros do ciclo cardíaco dentre outros tipos de

artifícios. Ressalta-se assim que a implantação do sistema tanto no treinamento quanto nos testes foram a partir das ondas eletrocardiográficas puras, sem nenhuma manipulação algébrica, exceto a normalização de amplitudes de 0 a 1.

5.4 Preparação dos Codebooks para HMM discreto

Na preparação do HMM discreto é necessário um quantizador vetorial que nos retorne um codebook de *N* centróides, com 10 coeficientes cada, o que significa dizer que se escolhermos 32 centróides, todas as arritmias podem ser representadas por 32 curvas de 10 coeficientes cada. Uma boa distribuição no gráfico de ocupação do codebook, é saudável para o HMM, pois não existem centróides pouco povoados que aparecem muito pouco no sistema reconhecedor. O algoritmo quantizador utilizado foi o LBG. Abaixo, mostramos o histograma de um codebook de 32 centróides, cada centróide com 10 coeficientes.



Figura 46: Gráfico de Ocupação de um codebook de 32 centróides

5.5 Preparação do treino de HMM discreto

Para treinarmos o algoritmo de HMM discreto, será utilizado o ambiente Matlab. Algumas funções específicas existentes em Matlab para treinamento de HMMs discreto foram utilizadas, como o algoritmo de Baum-Welch e o algoritmo de Viterbi. A estrutura da figura 29 define o nosso modelo left-right com a possível adição de estados. Para treinarmos as matrizes $A \ e \ B$ serão geradas matrizes $A \ e \ B$ randômicas respeitando as condições de probabilidades de transição zero da matriz A, e sempre respeitando que a soma das probabilidades para cada estado deve ser 1 para as matrizes $A \ e \ B$, em seguida as matrizes iniciais $A \ e \ B$ serão treinadas com o algoritmo de Baum-Welch para os devidos padrões de arritmias. O algoritmo de Viterbi é o que calculará a probabilidade de saída de cada vetor de observações de entrada, em cada modelo, dado a matriz $A \ e \ B$ treinadas para o modelo, e o vetor inicial π . Os vetores de treino e validação são formados por 4 segundos ou 1000 amostras de eletrocardiogramas, já que estamos trabalhando com 250 Hz de freqüência de amostragem. Para delimitarmos o número de iterações do algoritmo de Baum-Welch, faremos uma avaliação de teste fechado e teste aberto, de acordo com o número de iterações, como mostrado na figura 47:



Figura 47: 50 iterações de um HMM de 5 estados e VQ de 32, que mostram um ponto ótimo em 5 iterações

Analisando a figura 47, em 5 iterações, temos o máximo de 81,2% no teste aberto, enquanto que no teste fechado em 5 iterações temos 96,3%, sendo que o ponto máximo seria em 9 iterações, com 97%. Como nesse caso a diferença de teste fechado não é relevante em termos de porcentagem, delimitamos nossos HMMs com o máximo de 5 iterações.

Outro ponto que devemos analisar no HMM discreto, é a convergência da contagem de estados, ou seja, se o algoritmo consegue contar os estados até o final do vetor apresentado ao sistema reconhecedor.

Foi analisada a seqüência de estados e as saídas da contagem Viterbi nos casos para 5 estados, 6 estados, 7 estados e 8 estados, todos com 32 centróides. O resultado obtido foi que para 5, 6 e 7 estados o sistema convergia, isto é, contava todos os estados. No caso de 8 estados, percebemos que o sistema não convergia, isto é, não contava até o oitavo estado, chegando no máximo no estado 7. Limitamos então o nosso sistema para até no máximo 7 estados.

5.6 Preparação do treino da RBF

Para as redes neurais do tipo RBF são utilizados vetores de 4 segundos cada ou 1000 amostras. Cabe ressaltar que as curvas gaussianas terão a média, como um vetor de 1000 coeficientes. Os vetores de entrada então, são normalizados de 0 a 1, o que possibilitará uma equalização de amplitudes, visto que os pacientes foram retirados do PhysioNet, de banco de dados internos variados.

Foi utilizado o programa de treinamento da RBF com fontes em linguagem C, disponível em [38] por CASTRO, Maria C. F. e CASTRO, Fernando C., os quais teve seus parâmetros de atualização de variâncias, pesos sinápticos e centros gaussianos, ajustados para o valor de 0.1, um valor que se mostrou adequado experimentalmente para maior estabilidade no processo de aprendizagem das redes. Este programa também utiliza uma parte não treinada dos vetores para gerar o VMSE (Validation Mean Square Error) [38], que mede a convergência do treino perante vetores não vistos pelo programa ou de validação. A proporção utilizada foi de 70 % para treino e 30 % para validação necessária ao programa.

Foi desenvolvido um programa em Matlab que utiliza os parâmetros treinados do programa, estaticamente.

O número de curvas gaussianas utilizadas foi de 4, 6, 8 e 10. Com essas curvas, obtêm-se o comportamento da RBF frente aos padrões apresentados à rede na validação. A

figura 48 exibe o modelo de uso do sistema RBF utilizado neste trabalho, ilustrativamente com 3 gaussianas.

No treino das redes neurais, cada modelo reconhecedor deve ser treinado para classificar o padrão específico e os padrões restantes, como por exemplo, para um modelo reconhecer somente o Ritmo Normal, ele deve ser treinado para classificar o mesmo em um grupo e o restante em outro grupo. Essa discriminação de classes, faz-se com saídas desejadas diferenciadas. Então convencionamos neste trabalho que as classes a serem reconhecidas têm saída desejada 1, e as classes a serem rejeitadas têm saída desejada 100. Ao fazermos a comparação do modelo vencedor, comparamos o menor valor, mesmo ocorrendo valor negativo. O menor valor de todos os modelos será o modelo vencedor. Para delimitarmos um número máximo de iterações, pegamos o exemplo de um modelo RBF treinado para Ritmo Normal, e plotamos 1000 iterações. Como mostra a figura 49, percebe-se que a partir de 400 iterações, a saída VMSE estabiliza, sendo que tomamos como número máximo para o restante dos modelos o valor de 500 iterações.



Figura 48: Figura com três funções de base radial como exemplo ilustrativo



Figura 49: VMSE por número de iterações de uma RBF treinada para Ritmo Normal com 4 curvas gaussianas

6 RESULTADOS

As tabelas abaixo mostram os resultados dos sistemas HMMs com diferentes codebooks (onde foram treinados codebooks de 32, 64 e 128 centróides) e diferentes números de estados. Por sua vez o sistema com Redes Neurais RBFs têm seus resultados expressos pela variação do número de gaussianas empregadas.

Os resultados podem ser expressos em sensitividade¹ e especificidade, que são medidas usadas para comparar a precisão dos algoritmos. Sendo:

- FP = Falso Positivo;

- FN = Falso Negativo;

- VP = Verdadeiro Positivo;

- VN = Verdadeiro Negativo;

A definição de FP, FN, VP e VN está definida na tabela (1) [7]:

	Grupo da Arritmia +	Grupo Arritmias -
Saida Arritmia +	VP	FP
Saida Arritmia -	FN	VN

Tabela 1: Definição de TP, FN, FP, TN.

A sensitividade é definida como a taxa percentual de identificação correta da arritmia apresentada ao sistema, isto é, a capacidade do sistema reconhecer o sintoma, ou padrão correto e é expressa por [39]:

¹ O termo sensibilidade é mais usualmente aplicado quando os testes se referem à medidas que envolvam opinião ou ainda a captação e compreensão feita a partir do ser humano. Neste caso, há um envolvimento de caráter pessoal e emocional, o que leva o termo sensibilidade.

$$Sensitividade = \frac{VP}{FN + VP} \times 100$$

Observa-se que a sensitividade é uma medida de segurança, visto que inclui o número de vezes onde o sistema erroneamente não reconheceu a arritmia correta (FN).

A especificidade é definida como a taxa percentual de rejeição a erros do sintoma, ou padrão, isto é, a capacidade do sistema de rejeitar corretamente os padrões que não estão sendo apresentados ao sistema e é expressa por[39]:

$$Especificidade = \frac{VN}{FP + VN} \times 100$$

Do mesmo modo que a sensitividade, a especificidade é outro índice de segurança, visto que inclui em sua medida o número de vezes em que o sistema erroneamente identificou um padrão diferente do apresentado no momento.

Os dois índices em conjunto avaliam de forma completa a precisão do sistema, e são usualmente empregados na avaliação de equipamentos médico-hospitalares, principalmente os de auxílio ao diagnóstico.

	HMM - 5 EST	ADOS / VQ 32	HMM - 6 EST	ADOS / VQ 32	HMM - 7 ESTADOS / VQ 32					
	Sensitividade	Especificidade	Sensitividade	Especificidade	Sensitividade	Especificidade				
		TESTE FECHADO								
NORMAL	99,7776%	99,6043%	99,7331%	99,8549%	95,4626%	99,9349%				
FIB. ATRIAL	99,0751%	99,7648%	99,6532%	99,8202%	99,4220%	99,7095%				
TAQ. VENT.	87,7584%	99,9184%	89,2987%	99,9728%	90,3932%	99,8369%				
FIB. VENT.	99,0056%	95,8550%	99,4829%	96,3611%	99,2045%	95,4036%				
TOTAL	96,3762%	98,5856%	97,0277%	98,9992%	96,1930%	98,5613%				
	TESTE ABERTO									
NORMAL	92,3488%	82,1490%	92,0819%	80,4505%	84,6530%	83,0775%				
FIB. ATRIAL	60,2080%	99,7511%	59,9616%	99,7372%	60,0924%	99,5713%				
TAQ. VENT.	84,5219%	97,2551%	85,4133%	99,1031%	85,7374%	96,8610%				
FIB. VENT.	91,5706%	96,8955%	92,1272%	97,2237%	92,1272%	95,0903%				
TOTAL	81,6933%	94,0001%	81,9884%	94,0581%	80,3501%	93,6387%				

6.1 Resultados com HMM

Tabela 2: Resultados de HMM com VQ de 32 centróides e 5, 6 e 7 estados.

Podemos perceber na tabela 2 de HMM com 32 centróides no quantizador vetorial, que o modelo reconhecedor de Fibrilação Atrial tem uma sensitividade baixa de no máximo 60,20% em teste aberto e que o modelo reconhecedor de Ritmo Normal tem especificidade baixa de 82,14% em teste aberto, o que nos indica que quando o sistema recebe um padrão de Fibrilação Atrial, em muitas vezes ele interpreta como Ritmo Normal. Entretanto, no contexto geral, o sistema apresenta boa sensitividade e boa especificidade. O resultado total é a soma de todos os VPs e FNs para sensitividade e a soma de todos os VNs e FPs para especificidade, sabendo assim que os valores totais diferem um pouco da média das sensitividades e especificidades de cada modelo.



Figura 50: Gráfico em colunas dos resultados dos HMMs com VQ de 32 centróides

A figura 50 mostra que basicamente os sistema de 5, 6 e 7 estados tiveram resultados muito próximos, não existindo diferença significativa para um sistema com codebook de 32 centróides. Cabe ressaltar que todos os gráficos de resultados mostrados são referentes aos testes abertos dos modelos reconhecedores de padrões.

	HMM - 5 EST	ADOS / VQ 64	HMM - 6 EST	ADOS / VQ 64	HMM - 7 EST	ADOS / VQ 64			
	Sensitividade	Especificidade	Sensitividade	Especificidade	Sensitividade	Especificidade			
	TESTE FECHADO								
NORMAL	99,8665%	99,7493%	99,8221%	99,9868%	99,4662%	99,8419%			
FIB. ATRIAL	99,2678%	99,7925%	99,9615%	99,7925%	99,6917%	99,6680%			
TAQ. VENT.	92,0146%	99,2796%	85,1236%	99,9592%	87,5557%	99,9320%			
FIB. VENT.	97,4145%	97,3051%	99,4431%	94,9795%	99,1647%	95,8003%			
TOTAL	97,1091%	99,0124%	96,0708%	98,5679%	96,4577%	98,8021%			
	TESTE ABERTO								
NORMAL	92,3488%	86,2624%	91,6370%	86,1729%	91,1477%	89,5822%			
FIB. ATRIAL	60,2465%	99,7511%	59,9769%	99,5713%	60,0539%	99,3777%			
TAQ. VENT.	86,3047%	90,1074%	82,7796%	94,1296%	82,9011%	93,8443%			
FIB. VENT.	82,6640%	97,3742%	92,2863%	95,4322%	90,9742%	91,8490%			
TOTAL	79,8718%	93,3643%	81,2150%	93,8178%	80,8182%	93,6532%			

Tabela 3: Resultados de HMM com VQ de 64 centróides e 5, 6 e 7 estados.



Figura 51: Gráfico em colunas dos resultados dos HMMs com VQ de 64 centróides

Podemos perceber as mesmas características dos resultados anteriores de 32 centróides nestes resultados de 64 centróides mostrados na tabela 3 e na figura 51, a baixa sensitividade do modelo de Fibrilação Atrial e a baixa especificidade do modelo de Ritmo Normal.

	HMM - 5 EST	ADOS / VQ 128	HMM - 6 EST/	ADOS / VQ 128	HMM - 7 EST	ADOS / VQ 128			
	Sensitividade	Especificidade	Sensitividade	Especificidade	Sensitividade	Especificidade			
	TESTE FECHADO								
NORMAL	99,9110%	99,9736%	99,9555%	99,9868%	99,8221%	99,9472%			
FIB. ATRIAL	99,9229%	99,8063%	99,9615%	99,8340%	99,8459%	99,7787%			
TAQ. VENT.	93,3522%	99,8641%	94,7304%	99,9728%	92,2578%	99,9049%			
FIB. VENT.	99,1249%	97,7565%	99,4431%	99,5839%	99,2442%	97,3871%			
TOTAL	98,0660%	99,3402%	98,5138%	99,8310%	97,7809%	99,2432%			
	TESTE ABERTO								
NORMAL	92,3488%	97,9433%	92,3488%	97,0468%	92,2153%	93,7401%			
FIB. ATRIAL	60,1310%	99,7511%	60,0154%	99,8340%	60,0154%	99,7511%			
TAQ. VENT.	86,7099%	82,6607%	87,7634%	91,2760%	86,6694%	89,6182%			
FIB. VENT.	89,7416%	95,2817%	90,1392%	87,9103%	89,1849%	92,3550%			
TOTAL	81,7544%	93,8988%	82,0902%	94,0010%	81,5407%	93,8578%			

Tabela 4: Resultados de HMM com VQ de 128 centróides e 5, 6 e 7 estados.



Figura 52: Gráfico em colunas dos resultados dos HMMs com VQ de 128 centróides.

Nestes resultados de 128 centróides mostrados na tabela 4 e figura 52, temos uma alteração de especificidade, que acaba sendo baixa para os modelos de Taquicardia Ventricular. Isso se causa, provavelmente porque o aumento de centróides, na etapa de quantização vetorial, que define o número de curvas com que se consegue representar o sinal, tem o efeito de aproximar os centróides no espaço euclidiano, induzindo erros de rejeição.

Todavia, convém utilizar um número inferior à 8 estados, visto que no treinamento foi observada uma falta de convergência para modelos superiores à 7 estados.

6.2 Resultados com Redes Neurais RBF

	RBF - 4 GAUSSIANAS		RBF - 6 GAUSSIANAS		RBF - 8 GAUSSIANAS		RBF - 10 GAUSSIANAS		
	Sensitividade	Especificidade	Sensitividade	Especificidade	Sensitividade	Especificidade	Sensitividade	Especificidade	
				TESTE	FECHADO				
NORMAL	99,3327%	99,3150%	98,3541%	99,2119%	96,8416%	99,5031%	98,7100%	99,1321%	
FIB. ATRIAL	97,8035%	98,5199%	96,2235%	97,7729%	98,4586%	93,4569%	96,5318%	98,0772%	
TAQ. VENT.	90,2310%	98,0563%	91,4066%	98,8582%	90,1500%	99,3340%	92,9064%	98,4912%	
FIB. VENT.	89,6181%	96,2791%	90,4932%	96,1560%	89,6977%	96,5390%	89,9364%	96,8399%	
TOTAL	94,1572%	98,0356%	94,0350%	97,9877%	93,7602%	97,1902%	94,4320%	98,1265%	
	TESTE ABERTO								
NORMAL	84,6085%	79,8964%	86,0320%	79,6698%	85,9875%	80,1257%	87,9448%	82,5359%	
FIB. ATRIAL	62,7119%	96,0448%	61,0940%	96,0586%	63,1356%	90,3056%	61,4792%	97,0129%	
TAQ. VENT.	82,2528%	99,3477%	83,4279%	97,1871%	82,5770%	97,9617%	84,8460%	93,7627%	
FIB. VENT.	83,7773%	96,2664%	75,9443%	96,1433%	66,4811%	96,6493%	76,1829%	96,8135%	
TOTAL	78,0197%	92,8798%	76,2084%	92,2535%	74,1020%	91,2598%	77,1650%	92,5268%	

Tabela 5: Resultados da Rede Neural RBF com 4, 6, 8 e 10 gaussianas.

Nos resultados da rede neural do tipo RBF mostrados na tabela 5, percebe-se a baixa sensitividade do modelo de Fibrilação Atrial, semelhante aos modelos de HMM, porém com uma porcentagem maior que os modelos de HMM, o que nos leva a concluir que a rede neural RBF consegue generalizar mais a sensitividade, mesmo tendo o total de sensitividade e especificidade menor em todos os modelos de gaussianas.



Figura 53: Gráfico em colunas dos resultados dos modelos RBF.

No geral, a RBF apresenta pouca variação (menos de 5 %) de sensitividade e especificidade em relação ao número de gaussianas, conforme mostra a figura 53.

Portanto, observa-se que existem dificuldades para ambos algoritmos de reconhecimento, que é o caso da sensitividade na Fibrilação Atrial, e além disso, existem outras características dos modelos HMM e das redes neurais RBF que serão exploradas mais adiante.



Figura 54: Comparação em gráfico em colunas dos melhores resultados de HMM e dos melhores resultados de RBF.



Figura 55: Comparação em gráfico em colunas dos piores resultados de HMM e dos piores resultados de RBF.

Observando as figuras 54 e 55, pode-se concluir que o desempenho total dos sistemas de reconhecimento de arritmias tanto por modelos HMM discretos quanto RBF, apresentam praticamente nenhuma alteração comparando-se isoladamente seu melhor e seu pior desempenho. Mesmo os parâmetros de sensitividade e especificidade permaneceram praticamente inalterados com variação percentual para ambos inferior a 5 %.

CONCLUSÃO

A partir de todos os aspectos estudados no teor do presente trabalho, dentre os quais se destacam o sistema cardiovascular, desfibrilação elétrica, processamento de sinais e algoritmos reconhecedores de padrões, foi possível concluir que os sistemas reconhecedores apresentam desempenhos bastantes satisfatórios para o reconhecimento do Ritmo Normal, da Fibrilação Atrial, Taquicardia Ventricular e Fibrilação Ventricular.

Cabe destacar que a base de dados do PhysioNet foi utilizada para treinar e validar os sistemas. Esta base de dados é internacionalmente difundida para a realização de pesquisas na área de sinais biológicos.

Neste trabalho, algoritmos de detecção de complexos QRS não foram utilizados, e nenhuma forma de sincronismo com o mesmo, como por exemplo, vetores formados por intervalos R-R, do complexo QRS. Cabe ressaltar que um dos objetivos deste trabalho foi explorar e analisar os desempenhos dos algoritmos frente as variações de freqüências de batimentos cardíacos e sem nenhum tipo de sincronização.

Pôde-se perceber que ambos os sistemas tiveram baixa sensitividade para o modelo de Fibrilação Atrial em teste aberto, sendo que o HMM teve esta sensitividade um pouco menor em todos os modelos. Também percebeu-se que houve baixa especificidade para o modelo de Ritmo Normal, tanto no HMM quanto na RBF, o qual neste caso, significa que ao ser submetido um vetor de Fibrilação Atrial, o sistema muitas vezes identificava como Ritmo Normal.

Em HMM discreto, percebemos que com o aumento do número de centróides do espaço vetorial, o sistema tem a resposta ligeiramente melhorada, provavelmente devido ao envolvimento deste aumento no treinamento das distribuições dos estados.

Nas redes neurais RBF, percebemos que a sensitividade dos modelos de Fibrilação Atrial foi mais alta que os modelos HMM, pelo qual concluímos que a RBF consegue generalizar mais a sensitividade para os padrões utilizados. Analisando o ritmo da Fibrilação Atrial, observamos que existem duas características principais, a primeira é com relação à onda P, inexistente e tendo em seu lugar uma onda serrilhada, decorrente de vários focos excitatórios nos átrios. Outra característica é sua freqüência cardíaca irregular, sem um intervalo constante de tempo entre as ondas R, fato este principal que dificultou a identificação dos sistemas, sendo isto verificado pelas sensitividades e especificidades medidas.



Comparação entre HMM e RBF na Fibrilação Atrial

Figura 56: Comparação entre HMM de 5 estados e VQ de 64 centróides com a RBF de 4 Gaussianas na Fibrilação Atrial.

Observando a figura 56, verifica-se que ambos os sistemas reconhecedores têm desempenho reduzido na sensitividade da Fibrilação Atrial, apresentando valores percentuais bem inferiores aos medidos nos demais padrões.



Figura 57: Resultados da RBF para Fibrilação Ventricular.

Além disso, observa-se na figura 57, que os modelos RBF apresentam uma variação expressiva na taxa percentual de sensitividade, em relação à quantidade de gaussianas empregadas no reconhecimento da Fibrilação Ventricular. Tal variação não ocorre nos sistemas HMM, o que denota uma maior vulnerabilidade da RBF para este tipo de sinal.



Figura 58 A: Fibrilação Atrial [14]



Figura 58 B: Fibrilação Ventricular [14]

As figuras 58 A e 58 B apresentam respectivamente a Fibrilação Atrial e a Fibrilação Ventricular. Nota-se que o tipo de sinal da Fibrilação Atrial (58 A), como dito anteriormente, não possui uma freqüência cardíaca regular. Tal comportamento parece fragilizar o desempenho de ambos reconhecedores. No entanto na figura 58 B os reconhecedores tipo HMM não apresentaram alteração de desempenho aparente, com relação à sensitividade, enquanto a RBF, como já dito, apresentou variabilidade de desempenho dependendo do número de gaussianas empregada. Tal tipo de comportamento em ambos os sistemas e em observação aos padrões cardíacos em questão, sugerem que no caso da Fibrilação Ventricular (58 B), a etapa de Quantização Vetorial permitiu uma melhor robustez do reconhecedor como um todo devido ao processo de representação de quaisquer elementos componentes da onda pelos seus respectivos centróides. O mesmo não ocorre com a RBF, que por ser um reconhecedor de função de distribuição de probabilidade contínua, recebe diretamente o sinal, e para tal, os vetores média, pesos sinápticos e variâncias foram calculados na etapa de treinamento. Assim, explica-se que, dependendo do número de gaussianas teremos um número variável de resultados por gaussiana, principalmente na Fibrilação Ventricular e deste modo também alterando o resultado final.

Observa-se que ambos reconhecedores apresentam um bom desempenho e não apresentam diferenças relevantes que possam conduzir à escolha de uma técnica ou de outra. A escolha neste caso deverá ser mais em função dos padrões cardíacos a serem analisados, juntamente com as suas características de comportamento temporais e morfológicos, atentando-se para as fragilidades aqui mencionadas. Neste sentido, pode-se lançar mão de técnicas adicionais de sincronização de ondas, ajustes de escala de tempo e quantização de parâmetros, entre outras técnicas adicionais de modo a aumentar a robustez do sistema.

Outros aspectos significativos e intenções futuras baseadas neste trabalho, será determinar qual dos algoritmos analisados será mais adequado para equipamentos portáteis industriais e qual o mais indicado para sistemas complexos de auxílio ao diagnóstico.

Por último, os resultados aqui obtidos deverão servir como orientação segura para qualquer pesquisador que no futuro necessite desenvolver e implementar um sistema de reconhecimento de doenças cardíacas.

TRABALHOS FUTUROS

Além da base teórica e resultados práticos obtidos no decorrer deste trabalho, restam ainda possibilidades de continuação nesta área de pesquisa e estudos futuros utilizando diferentes métodos, entre eles:

- Criar um banco de dados nacional com doenças cardíacas e avaliadas por profissionais da área.

- Utilizar Wavelets ou outra técnica adicional que dispense o uso de sincronismo ou detecção de QRS e que conduzam a uma melhoria nos sistemas de reconhecimento de doenças cardíacas.

- Utilização de outras topologias de redes neurais, como por exemplo, as redes nãosupervisionadas de Kohonen.

- A busca de um algoritmo completo para criação em hardware de um sistema de reconhecimento de arritmias cardíacas para uso em equipamentos.

REFERÊNCIAS

- [1] PHYSIONET, disponível em <u>http://www.physionet.org</u>. Acessado em: Out de 2005.
- [2] WELCH ALLYN. AED10 Automated External Defibrillator User's Manual. [S. l.]: [S.ed.], [S. d.]. 66 p.
- [3] MHRA 04119. Comparative specifications of Defibrillators. Reino Unido: MHRA, 2004. 35 p.
- [4] JEKOVA, Irena; MITEV, Petar. Detection of Ventricular Fibrillation and Tachycardia form the surface ECG by a set of parameters acquired from four methods. *Institute of Physics Publishing, Physiological Measurement*, n. 23, 2002, p 629-634.
- [5] JEKOVA, Irena; KRASTEVA, Vessela. Real time detection of ventricular fibrillation and tachycardia. *Institute of Physics Publishing, Physiological Measurement*, n. 25, 2004, p.1167-1178.
- [6] HAI, Huang; HONGBO, Xie; ZHIZHONG, Wang. Discrimination of VT and VT with Method of Detrend Fluctuation Analysis. In: *Proceedings of the 2004 International Conference on Intelligent Mechatronics and Automation*. Cbengdu, China: [S.ed.], 2004, p.881-884.
- [7] BOTSIVALY, M.; KOUTSOURAKIS, C.; SPYROPOULOS, B.. Evaluation of a new technique for the Detection of Ventricular Fibrillation and Ventricular Tachycardia. *Proceedings of the 22 Annual EMBS International Conference*. Chicago, IL: [S. ed.], 2000, p.938-941.
- [8] FUSTER, Valentin. *Hurst's the Heart*. 10 ed. New York, NY: McGraw-Hill, 2004. 2472 p.
- [9] HURST, J.; LOGUE, R. *The Heart.* 2 ed. New York, NY: McGraw-Hill Book Company, 1973. 1681 p.
- [10] JATENE, Adib D.; RAMIRES, José A. F., *Cardiologia Básica*. São Paulo: Editora Roca, 1999. 125 p.

- [11] GONÇALVES, Maria A. Noções *Básicas de Eletrocardiogramas e arritmias*. São Paulo: SENAC, 1995. 115 p.
- [12] DUBIN, Dale. *Interpretação Rápida do ECG*. 3 ed.: Editora de Publicações Científicas, 1996. 295 p.
- [13] LETTNIN, Djones V. Proposta de um núcleo de IP para classificação de Sinais Cardíacos Baseado em técnicas de Redes Neurais e de Tolerância a Falhas. Porto Alegre: PUCRS, 2004. Dissertação de Mestrado em Engenharia Elétrica. Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica, Porto Alegre, 2004. 153 p.
- [14] PHIBBS, Brendan. *The Cardiac Arrhythmias*. 3 ed.: The C.V. Mosby Company, 1978. 241 p.
- [15] BÍBLIA. Português. *Bíblia Sagrada*. Traduzida por João Ferreira de Almeida. São Paulo: Sociedade Bíblica do Brasil, 2005. 1144 p.
- [16] COELHO, OR; CIRILLO, W; BARBEIRO, RMD; BARBEIRO, AS. Parada Cardíaca e Ressuscitação Cardiopulmonar: Conceituação e Histórico. [S. 1.]: Timerman A, 1998.
- [17] AMERICAN HEART ASSOCIATION. Guideline for Cardiopulmonary Resuscitation and Emergency Cadiovascular Care Supplementum 24. *In: Circulation*, v. 112, Issue 24, dec. 2005.
- [18] COHEN, Arnon. Biomedical Signal Processing. v. I. [S. 1.]: CRC Press, 1988. 167 p.
- [19] BRONZINO, Joseph D.. *The Biomedical Engineering Handbook*. [S. 1]: CRC Press, 1995. 2862 p.
- [20] AMERICAN NATIONAL STANDARDS INSTITUTE, INC. ANSI/AAMI DF80:2003. Medical Electrical equipment – Part 2-4: Particular requirements for the safety of cardiac defibrillators (including automated external defibrillators). [S.I]: [S. ed], 2003. 67 p.
- [21] TEXAS INSTRUMENTS. Information for Medical Applications. In: Texas Instruments, 2Q, 2004.
- [22] HAYES, Monson H. Schaum's outline of theory and problems of Digital Processing. New York, NY: McGraw-Hill, 1999. 432 p.
- [23] PROAKIS, John G.; MANOLAKIS, Dimitris G. *Digital Signal Processing Principles, Algorithms, and Applications.* 3 ed. New Jersey, NY: Prentice Hall, 1996. 757 p.
- [24] INGLE, Vinay K.; PROAKIS, John G. *Digital Signal Processing Using Matlab V.4*. Boston, MA: PWS Publishing Company, 1997. 420 p.

- [26] MADEIRO, F.; VILAR, R. M.; NETO, B. G.; ALENCAR, M. S. An Algorithm for Voice Waveform VQ codebook design on PCA. *Revista da Sociedade Brasileira de Telecomunicações*. [S. 1], dez. 2002, v. 15, n.2, p.59-69.
- [27] RABINER, Lawrence; JUANG, Biing. *Fundamentals of Speech Recognition*. New Jersey: Prentice Hall, 1993. 507 p.
- [28] DELLER, John R.; PROAKIS, John G.; HANSEN, John H. L. *Discrete-Time Processing of Speech Signals*. [S. l.]: Macmillan Publishing Company, 1993. 908 p.
- [29] BARDONOVA, Jana; PROVAZNIK, Ivo; NOVAKOVA, Marie; VESELA, Renata. Detection of Myocardial Ischemia Using Hidden Markov Models. In: *Proceedings of the 25 Annual International Conference of the IEEE EMBS*. Cancun, Mexico: [S. ed], 2003, p.2869-2872.
- [30] BECCHETTI, Cláudio; RICOTTI, Lucio P. Speech Recognition Theory and C++ implementation. [S.1.] John Wiley and Sons, 1999. 407 p.
- [31] HAYKIN, Simon. *Neural Networks: a comprehensive foundation.* 2 ed. New Jersey: Prentice Hall, 1999. 842 p.
- [32] KOVÁCS, Zsolt L. *Redes Neurais Artificiais Fundamentos e Aplicações.* 2 ed. São Paulo, SP. Editora Collegium Cognitio, 1996. 174 p.
- [33] HASSOUM, Mohamad H. Fundamentals of Artificial Neural Networks. MIT Press, 1995. 511 p.
- [34] ROGERS, Joey. *Object-Oriented Neural Networks in C++*. [S. l.]: Academic Press, 1997. 310 p.
- [35] DUDA, Richard O.; HART, Peter E.; STORK, Davis G. *Pattern Classification*. John Wiley & Sons, 2001. 654 p.
- [36] CASTRO, Maria C. F. Predição Não-Linear de Séries Temporais Usando Redes Neurais RBF por Decomposição em Componentes Principais. São Paulo: UNICAMP, 2001. Tese de Doutorado apresentada à Universidade Estadual de Campinas – UNICAMP, Faculdade de Engenharia Elétrica e de Computação. Campinas, SP, 2001. 192 p.
- [37] TOMPKINS, Willis J.; PAN, Jiapu. A Real-Time QRS Detection Algorithm. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, v. 32, n. 3, March 1985, p.230-236.
- [38] CASTRO, Maria C. F.; CASTRO, Fernando C. *Programa de Rede Neural RBF em linguagem C*. Disponível em: <<u>http://www.ee.pucrs.br/~decastro/C/RBFTrainer.zip</u>> Acesso em: out. 2005.

[39] GAO, Dayong; MADDEN, Michael; CHAMBERS, Des; LYONS, Gerard. Bayesian ANN Classifier for ECG Arrhythmia Diagnostic System: A Comparison Study. *Proceedings of International Joint Conference on Neural Networks*, Montreal, Canadá, 31 Julho – 4 de Agosto de 2005.