

Dissertação de Mestrado

# Um Sistema Adaptativo para Detecção de Ondas de Eletrocardiografia

Bruno Raphael Pastor de Melo  
bruno.raphael@gmail.com

Orientadora:  
Roberta Vilhena Vieira Lopes

Co-Orientador:  
Luiz Claudius Coradine

Maceió, Setembro de 2011

Bruno Raphael Pastor de Melo

# Um Sistema Adaptativo para Detecção de Ondas de Eletrocardiografia

Dissertação apresentada como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre pelo Curso de Mestrado em Modelagem Computacional de Conhecimento do Instituto de Computação da Universidade Federal de Alagoas.

Orientadora:

Roberta Vilhena Vieira Lopes

Co-Orientador:

Luiz Claudius Coradine

Maceió, Setembro de 2011

**Catálogo na fonte**  
**Universidade Federal de Alagoas**  
**Biblioteca Central**  
**Divisão de Tratamento Técnico**  
**Bibliotecária Responsável: Maria Auxiliadora G. da Cunha**

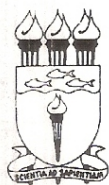
M528u    Melo, Bruno Raphael Pastor de Melo.  
          Um sistema adaptativo para detecção de ondas de eletrocardiografia  
          / Bruno Raphael Pastor de Melo. – 2011.  
          63 f. : il.

          Orientadora: Roberta Vilhena Vieira Lopes.  
          Co-Orientador: Luiz Claudius Coradine.  
          Dissertação (mestrado em Modelagem Computacional de Conhecimento)  
          – Universidade Federal de Alagoas. Instituto de Computação. Maceió, 2011.

          Bibliografia: f. 58-63.

          1. Algoritmo genético. 2. Processamento de sinais. 3. Bioinformática.  
          4. Detecção de ondas. 5. Eletrocardiografia. I. Título.

CDU: 004.9



UNIVERSIDADE FEDERAL DE ALAGOAS/UFAL  
Programa de Pós-Graduação em Modelagem Computacional de Conhecimento  
Avenida Lourival Melo Mota, Km 14, Bloco 09, Cidade Universitária  
CEP 57.072-900 – Maceió – AL – Brasil  
Telefone: (082) 3214-1364



Membros da Comissão Julgadora da Dissertação de Mestrado de Bruno Raphael Pastor de Melo, intitulada: “Um Sistema Adaptativo para Detecção de Ondas de Eletrocardiografia”, apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Modelagem Computacional de Conhecimento da Universidade Federal de Alagoas em 22 de setembro de 2011, às 16h00min, na sala de aula do Mestrado em Modelagem Computacional de Conhecimento.

#### COMISSÃO JULGADORA

*Roberta Vilhena Vieira Lopes*

**Profa. Dra. Roberta Vilhena Vieira Lopes**

UFAL – Instituto de Computação

Orientadora

*Luis Cláudio Coradine*

**Prof. Dr. Luis Cláudio Coradine**

UFAL – Instituto de Computação

Co-orientador

*Manoel Agamemnon Lopes*

**Prof. Dr. Manoel Agamemnon Lopes**

UFAL – Centro de Ciências Agrárias

Examinador

*Guilherme de Alencar Barreto*

**Prof. Dr. Guilherme de Alencar Barreto**

UFC – Departamento de Engenharia de Teleinformática

Examinador

# Agradecimentos

À prof.<sup>a</sup> Dra. Roberta Vilhena V. Lopes e ao prof. Dr. Luis Claudius Coradine, por todo apoio, incentivo e compartilhamento de conhecimento que me deram durante a realização deste trabalho.

Aos professores Manoel Agamemnon e Guilherme Barreto, membros da banca examinadora, pelas sugestões fornecidas.

Aos funcionários da UFAL, especialmente aos do Instituto de Computação, pelos serviços prestados.

Ao corpo docente do Mestrado em Modelagem Computacional de Conhecimento, pelos ensinamentos passados e que foram essenciais para o meu desenvolvimento.

Aos amigos e companheiros de mestrado, pelas muitas horas de convívio que muito contribuíram para o meu desenvolvimento pessoal e intelectual.

A Fundação de Amparo à Pesquisa e a CAPES que financiaram meus estudos.

A minha esposa Karen Kristina, pelo amor e compreensão.

A toda minha família e a Deus.

Obrigado.

# Resumo

A eletrocardiografia (ECG) é um importante exame para o apoio no diagnóstico de problemas cardíacos que proporcionou importantes avanços na forma como os problemas cardíacos são monitorados e diagnosticados, possibilitando avanços na medicina e na construção de ferramentas de auxílio no tratamento de pacientes. Os sistemas de monitoramento destinados aos exames eletrocardiográficos permitem que os pacientes sejam acompanhados por médicos e enfermeiros de forma ininterrupta e mais precisa, possibilitando um tratamento mais eficaz. Como estes sistemas não apresentam uma garantia de 100% de acerto, este trabalho propõe um novo algoritmo que tem como objetivo ajudar a melhorar o percentual de acerto nas detecções das ondas que compõe este tipo de exame. Esta dissertação apresenta o emprego do algoritmo genético baseado em tipos abstratos de dados (GAADT) para a construção de um algoritmo e sistema de detecção de diferentes tipos de ondas de um exame eletrocardiográfico, o qual poderá, entre outros fins, ser aproveitado em um sistema de monitoramento de arritmias cardíacas. O sistema foi desenvolvido utilizando as amostras de exames obtidas através do *MIT-BIH Database*. Os resultados obtidos foram analisados e comparados com os de outros trabalhos e *softwares*, o que possibilitou uma avaliação da qualidade dos resultados e, conseqüentemente, do algoritmo construído.

**Palavras-chave:** Algoritmo Genético, Processamento de Sinais, Bioinformática, Detecção de Ondas, Eletrocardiografia

# Abstract

*The electrocardiography (ECG) is an important exam to support the diagnosis of heart problems which provided important advances in how heart problems are diagnosed and monitored, making possible advances in medicine and building tools to aid in the treatment of patients. Monitoring systems for electrocardiographic examinations allow patients to be monitored by doctors and nurses on an ongoing basis and more accurate, allowing a more effective treatment. As these systems do not have a guarantee of 100 % accuracy, this paper proposes a new algorithm that aims to help improve the percentage of correct detections in the waves that make up this type of examination. This paper presents the use of genetic algorithm based on abstract data types (GAADT) for the construction of an algorithm and system for detecting different types of waves of an ECG examination, which may, inter alia, be used in a system monitoring of cardiac arrhythmias. The system was developed using samples obtained from examinations of the MIT-BIH Database. The results were analyzed and compared with those of other works and software, which allowed an assessment of the quality of results and, consequently, the algorithm built.*

**Keywords:** Genetic Algorithm, Signal Processing, Bioinformatic, Wave Detection, Electrocardiography

# Sumário

<b>1</b>	<b>Introdução</b>	<b>1</b>
1.1	Sistemas de Monitoramento . . . . .	1
1.2	Motivação do Trabalho . . . . .	3
1.3	Objetivos . . . . .	4
1.3.1	Geral . . . . .	4
1.3.2	Específico . . . . .	5
1.4	Metodologia . . . . .	5
1.5	Organização da Dissertação . . . . .	7
<b>2</b>	<b>Fundamentos de Eletrocardiografia</b>	<b>8</b>
2.1	Introdução . . . . .	8
2.2	Eletrocardiograma . . . . .	9
2.2.1	Plano Frontal . . . . .	12
2.2.2	Plano Horizontal . . . . .	14
2.3	Filtro para ECG . . . . .	16
2.3.1	Remoção da Linha de Base . . . . .	18
2.3.2	Remoção de Ruídos . . . . .	20
2.3.3	Prós e Contras . . . . .	21
<b>3</b>	<b>Algoritmos de Detecção de Ondas para o ECG</b>	<b>22</b>
3.1	Introdução . . . . .	22
3.2	Algoritmos de Detecção de Complexos QRS . . . . .	23
3.2.1	Algoritmo Baseado em Transformadas . . . . .	24
3.2.2	Algoritmo Baseado em Filtros Digitais . . . . .	27
3.2.3	Algoritmo de Primeira Derivada . . . . .	28
3.3	Algoritmos de Detecção de Ondas P e T . . . . .	29
<b>4</b>	<b>O GAADT para o Problema</b>	<b>31</b>
4.1	Introdução . . . . .	31
4.2	O GAADT . . . . .	32
4.2.1	Tipos Básicos do GAADT . . . . .	33
4.2.2	Operadores Genéticos . . . . .	34
4.2.3	Ambiente . . . . .	38
4.2.4	O Algoritmo . . . . .	38
4.3	O GAADT para o problema . . . . .	39
4.3.1	Tipos Básicos . . . . .	40
4.3.2	Operadores Genéticos . . . . .	43



---

<b>5</b>	<b>O Sistema</b>	<b>46</b>
5.1	Introdução . . . . .	46
5.1.1	MatLab . . . . .	46
5.1.2	MIT-BIH Database . . . . .	48
5.1.3	GAADT . . . . .	49
5.2	Descrição dos Módulos do Sistema . . . . .	49
5.3	Resultados . . . . .	53
<b>6</b>	<b>Conclusão</b>	<b>57</b>

# Lista de Figuras

1.1	Módulos de um sistema de monitoramento . . . . .	3
2.1	Regiões importantes do coração. Fonte: (Melco, 2006) . . . . .	9
2.2	Formato do trecho de um rolo do papel que é utilizado para a escrita dos sinais obtidos em um ECG. . . . .	10
2.3	Ondas não filtradas de um ECG. Fonte: (Köhler et al., 2002) . . . . .	10
2.4	Alguns segmentos e intervalos que fazem parte de um sinal de ECG. Fonte: (Encydia, 2011) . . . . .	11
2.5	Triângulo de Eithoven. . . . .	12
2.6	Distribuição dos eletrodos nas derivações do plano frontal. . . . .	13
2.7	Derivações do plano frontal. D1, D2 e D3 - Derivações bipolares. aVR, aVL e aVF - Derivações Unipolares. Fonte: (Mazzutti, 2006) . . . . .	13
2.8	Disposição de eletrodos para aquisição das Derivações do Plano Horizontal (V1, V2, V3, V4, V5, e V6). Fonte: (Volpato, 2008) . . . . .	14
2.9	Formato das ondas nas derivações do plano horizontal. . . . .	14
2.10	Exemplos de diferentes tipos de ruídos que podem afetar um sinal de ECG. Fonte: (Hughes, 2006) . . . . .	17
2.11	Alteração da linha de base em um sinal de ECG. Fonte: (Aguiar, 2006) . . . . .	18
2.12	Filtros seletivos de frequência. Classificam-se como: a) filtro passa-altas; b) filtro passa-baixas; c) filtro passa-faixa; d) filtro rejeita-faixa. Fonte: (Volpato, 2008) . . . . .	19
3.1	Estrutura compartilhada entre algoritmos de detecção de complexos QRS. Fonte: (Köhler et al., 2002) . . . . .	24
3.2	Trecho inicial de um dos exames da base de dados de arritmias do MIT. Fonte: (Madeiro et al., 2009) . . . . .	26
3.3	Uso da Transformada Wavelet para o sinal da figura 3.2. Fonte: (Madeiro et al., 2009) . . . . .	26
3.4	Uso da Transformada de Hilbert para o sinal da figura 3.2. Fonte: (Madeiro et al., 2009) . . . . .	27
3.5	Aplicação de primeira derivada a ECG. a) Sinal Original b) Sinal depois de aplicada a primeira derivada, onde se observa a simples amplificação do sinal original. Fonte: (Volpato, 2005) . . . . .	28

---

3.6	Resultados obtidos em cada etapa do algoritmo, <b>(a)</b> Dados do ECG, <b>(b)</b> ECG filtrado, <b>(c)</b> Localização dos complexos QRS, <b>(d)</b> sinal do ECG sem as ondas do complexo QRS, <b>(e)</b> inclinação do sinal do ECG sem os complexos QRS, <b>(f)</b> localização das ondas T, <b>(g)</b> sinal do ECG sem as ondas P e os complexos QRS, <b>(h)</b> inclinações do sinal do ECG sem as ondas T e os complexos QRS, <b>(i)</b> Localização das ondas P. Fonte: (Mehta & Lingayat, 2008) . . . . .	30
4.1	Localização em uma amostra de onda de um complexo QRS com os pontos S, M e F, os quais são responsáveis pela determinação das informações das ondas. . . . .	41
4.2	Operação de cruzamento realizada em dois cromossomos. . . . .	44
4.3	Exemplo de troca de nomes realizada na operação de mutação. . . . .	45
5.1	Tela inicial do sistema . . . . .	47
5.2	Janela para escolha da amostra que será submetida ao processamento . . .	47
5.3	Amostra de número 100 que foi carregada no sistema e obtida através do <i>MIT-BIH Database</i> . . . . .	48
5.4	Intervalos de subida (em verde) e descidas (em vermelho) obtidos pelo pré-processamento realizado em ambas as derivações de uma amostra carregada no sistema detector de ondas. . . . .	50
5.5	Ondas detectadas pelo sistema utilizando o registro de número 100 do <i>MIT-BIH database</i> . Cada cor representa um tipo de onda, sendo o vermelho destinado ao complexo QRS, a cor magenta para a onda P e a azul para a onda T. . . . .	52
5.6	Marcação dos picos nas ondas detectadas pelo sistema utilizando o registro de número 100 do <i>MIT-BIH database</i> . Cada cor representa um tipo de onda, sendo o vermelho destinado ao complexo QRS, a cor magenta para a onda P e a azul para a onda T. . . . .	52

# Lista de Tabelas

3.1	Comparativo entre os equipamentos Agilent e Mortara. fonte (Melco & Moscato, 2007). . . . .	23
5.1	Comparativo entre os resultados obtidos com a primeira análise feita antes de ajustes no algoritmo e a segunda análise que foi efetuada após os ajustes finais no algoritmo. . . . .	54
5.2	Resultados detalhados da detecção dos complexos QRS obtidos em análise feita antes da versão ajustada do algoritmo. . . . .	54
5.3	Média de erros obtidas com diferentes abordagens. . . . .	55
5.4	Média de erros obtidas com cada tipo de onda. . . . .	55
5.5	Comparativo entre os resultados obtidos no trabalho e os apresentados em (Madeiro et al., 2004). . . . .	55

# Capítulo 1

## Introdução

### 1.1 Sistemas de Monitoramento

Sistemas de monitoramento são tipos de sistemas destinados à captação e/ou interpretação de informações de forma contínua e durante algum intervalo de tempo. Estes sistemas estão sendo empregados nas mais diversas áreas, como na área de supervisão de processos (Moreira, 2007), hidrologia (van Dijk & Renzullo, 2011) e automação industrial (Raut & Malik, 2011), e uma das áreas que vem ganhando destaque é a médica, onde estes sistemas permitem que paciente sejam acompanhados por médicos e enfermeiros de forma ininterrupta e com redução nos gastos (Martincoski, 2003) (Feghali et al., 2006) (Bhardwaj et al., 2007) (Pereira, 2008) (Ubeyli, 2009).

Na medicina os sistemas de monitoramento estão sendo empregados principalmente para acompanhar os sinais vitais dos pacientes, os quais precisam estar sendo sempre analisados e onde qualquer alteração pode desencadear em um estado clínico mais preocupante e que poderá necessitar de uma intervenção médica com urgência. O grande benefício que estes tipos de sistemas proporcionam é a oportunidade de ter um acompanhamento contínuo e automatizado dos pacientes, possibilitando ao médico a atuação no momento mais necessário e com a atenção voltada aos pacientes que estão realmente precisando. Estes sistemas normalmente possuem módulos responsáveis em alertar os profissionais adequados, como médicos e enfermeiros, no momento mais oportuno e por meios diversos, como emails, mensagens para celular e ligações automáticas.

Os sistemas de monitoramento podem ser divididos em tipos que se distinguem pela forma de uso, como os sistemas que são aplicados para tratamentos *homecare*<sup>1</sup>, onde o paciente pode ser supervisionado em domicílio, e os que são voltados para um acompanhamento de pacientes que estão situados nos próprios leitos do hospital. O uso de equipamentos portáteis de monitoramento de sinais vitais fora de hospitais e consultórios

---

<sup>1</sup>modalidade contínua de serviços na área de saúde, cujas atividades são dedicadas aos pacientes/clientes e a seus familiares em um ambiente extra-hospitalar (Leme, 2011).

médicos permite um melhor acompanhamento do estado de saúde dos pacientes, além de possibilitar a redução dos custos de internação e cuidados médicos (Vasconcelos Jr, 2005), onde possibilitam que um acompanhamento diferenciado seja realizado e assim também ajudam a diminuir os custos do tratamento com a desocupação de um leito que seria destinado para o paciente que, com este equipamento portátil, poderá ser monitorado em casa. Outras vantagens trazidas por estes tipos de sistemas são a diminuição de riscos de infecção hospitalar, uma melhor qualidade no atendimento e a humanização do atendimento ao paciente (Bonho et al., 2006), onde o fato de estar em casa ao lado da família irá ter uma chance maior de contribuir com o tratamento ao afetar o lado psicológico e emocional do paciente.

Já os sistemas que são utilizados dentro das clínicas e hospitais são menos portáteis, mas podem também fornecer acesso remoto às informações. Um médico que esteja fora do hospital pode ser avisado à distância através do celular ou da internet sobre alterações no estado clínico de seus pacientes, ou até visualizar como o mesmo está se comportando em um determinado momento. Estes sistemas também podem monitorar informações com uma maior cautela, pois os pacientes normalmente já se encontram em uma situação mais delicada e precisarão de intervenções médicas com qualquer agravamento.

Muitos tipos de exames médicos já fazem uso de sistemas de monitoramento, onde esta tecnologia vêm agregando qualidade agilidade na captação e processamento das informações e assim facilitam o acompanhamento dos pacientes e aumentam suas chances de sobrevivência ao permitir que os médicos se antecipem no diagnóstico de problemas e em seus devidos tratamentos. Como exemplo de monitoramentos médicos, temos os voltados para exames de eletroencefalograma (EEG) (Laione & Marques, 2001) e ECG (Jin et al., 1999) (Souza et al., 2006) e também os sinais vitais que são monitorados pela maioria dos sistemas, que tratam de informações como a temperatura corporal, a pressão arterial, as frequências respiratória e cardíaca e também a saturação de oxigênio no sangue (Silveira, 2007).

Existem basicamente três grandes módulos que compõe um sistema completo de monitoramento (Figura 1.1). O primeiro módulo utilizado servirá para a captação e comunicação à distância, quando o sistema tratado é um tipo de sistema distribuído. O segundo módulo fica encarregado de realizar um pré-processamento dos dados coletados para que este seja tratado e possa ficar com uma forma otimizada e que irá ser compatível com o modo que ele será analisado na busca das informações relevantes para o sistema. O último módulo é o responsável pela análise final dos dados e visa encontrar os possíveis problemas ao qual o sistema foi concebido para buscar. Este último módulo também poderá ficar responsável pelos alarmes e alertas que podem ser enviados ao encontrar alguma informação relevante.

Há também sistemas de monitoramento desenvolvidos com a finalidade de apoiar o diagnóstico médico para problemas cardíacos, onde o paciente fica conectado a um equi-

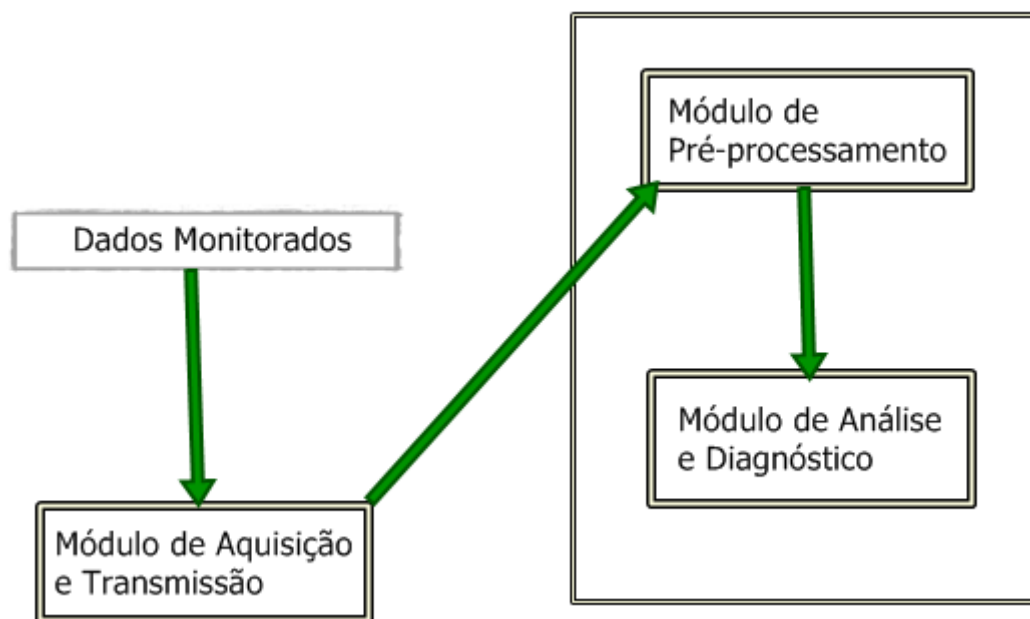


Figura 1.1: Módulos de um sistema de monitoramento

pamento e este fica encarregado de registrar todas as informações do paciente durante o tempo em que ele esteja em funcionamento (Bhardwaj et al., 2007) (Kutlu & Kuntalp, 2011). Estes registros podem ser coletados para depois serem submetidos a uma análise, a qual pode ser feita por algum outro sistema ou um profissional da área de saúde.

Este trabalho descreve a implementação de um sistema detector de ondas, o qual equivale a um módulo de pré-processamento de dados para um sistema de monitoramento que esta sendo desenvolvido pelo Instituto de Computação da Universidade Federal de Alagoas em parceria com o Centro de Informática da Universidade Federal de Pernambuco no projeto PROCAD NF-1493/2007 financiado pela Fundação CAPES <sup>2</sup>.

Este sistema detector tem como finalidade efetuar a análise de dados obtidos a partir de exames de eletrocardiografia (ECG) e encontrar as ondas que constituem os períodos do eletrocardiograma. O algoritmo principal do trabalho é um tipo de algoritmo genético e as amostras dos exames utilizados foram coletados pelo *Massachusetts Institute of Technology* (MIT), o qual também os fornece de forma gratuita através do *PhysioBank* (PhysioNet/MIT, 2010a). O exame possui amostras com 30 minutos e 5 segundos de duração e foram coletados de pacientes com problemas cardíacos variados e de diferentes sexos e faixas etárias.

## 1.2 Motivação do Trabalho

As doenças cardiovasculares (DCV) são responsáveis por um elevado número de danos causados à civilização, incluindo-se nesse contexto um alto índice de óbitos. De acordo

<sup>2</sup>CAPES - Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior

com os dados da Organização Mundial de Saúde (OMS), aproximadamente 17 milhões de mortes por ano têm como origem as DCVs (Coutinho, 2008). A eletrocardiografia é uma parte fundamental da avaliação cardiovascular, sendo uma ferramenta de investigação de arritmias cardíacas e, também, útil para diagnosticar desordens cardíacas como o infarto do miocárdio. O ECG é um método não-invasivo, seguro, de simples realização e de baixo custo, sendo indicado no estudo de arritmias, de distúrbios de condução e na análise de quadros isquêmicos. Os sinais oriundos de um exame de ECG são variantes no tempo, e medem a atividade elétrica do coração dos pacientes examinados, onde cada batida do coração é compreendida por um número de estágios cardiológicos distintos (Hughes, 2006).

Buscando a diminuição nos índices de óbitos causados pelas DCVs, novas técnicas para o tratamento destes problemas andam sendo propostas e servindo como objetos de estudo. Elas são realizadas tanto na fase de captação e processamento do sinal quanto na área de detecção e diagnóstico de arritmias e os sistemas de monitoramento de ECG permite que seja feito um estudo contínuo do comportamento cardíaco e assim pode determinar de forma antecipada quando alguma alteração mais grave está prestes a acontecer, permitindo que o paciente receba um tratamento mais rápido e suas chances de sobrevivência sejam ampliadas.

Nestes sistemas a detecção de ondas é uma parte crucial, pois sua eficácia irá influenciar diretamente nas demais etapas, como a análise de arritmias, e a utilização de um módulo detector de ondas com um algoritmo deficiente comprometerá toda a execução do sistema, podendo inclusive torná-lo inutilizável. Diante da importância da detecção correta das ondas de um ECG para estes sistemas e também da quantidade de pessoas que podem ser beneficiadas por eles, este trabalho tem como motivação a implementação de um sistema detector de ondas de ECG que utiliza um algoritmo genético baseado em tipos abstratos de dados (GAADT) (Vieira, 2003) para realizar seu processamento principal que apresente resultados aceitáveis e que possa ser aproveitado na construção de sistemas de monitoramento mais robustos.

## 1.3 Objetivos

### 1.3.1 Geral

Dentre as perspectivas de trabalho, pretende-se incluir em um sistema de monitoramento de sinais vitais a detecção de problemas cardíacos, a partir de sinais eletrocardiográficos, como um aparato para auxiliar os profissionais da área de saúde no acompanhamento de pacientes e na tomada de decisões.



### 1.3.2 Específico

Especificar o algoritmo genético baseado em tipos abstratos de dados de uma forma que atenda às necessidades do problema abordado neste trabalho. O algoritmo deve representar cada uma das principais ondas que compõe um período do ECG (onda P, T e complexo QRS) e também tem que possuir definições de operações que sejam capazes de fazer as combinações necessárias para se obter os resultados desejados na detecção destas ondas.

Implementar o detector de ondas com o algoritmo especificado e utilizá-lo com a base de dados de sinais de ECG do MIT para verificar seu desempenho. As amostras de exames do ECG devem ser submetidas a uma série de situações, utilizando filtros ou combinações de diferentes derivações do ECG, para se obter uma variedade maior de resultados que possam ser posteriormente comparadas entre si para se extrair as melhores abordagens e depois submetê-las à comparações com diferentes trabalhos.

Comparar os resultados obtidos na execução do projeto implementado com os resultados apresentados por outras abordagens já estabelecidas e conceituadas no meio acadêmico. Esta comparação será feita focando em resultados obtidos com a utilização da mesma base de dados adotada neste trabalho e servirá como uma validação para o trabalho.

## 1.4 Metodologia

As ondas de um sinal de ECG geralmente são simples de serem detectadas e interpretadas a olho nu, porém um processamento automático exige uma série de técnicas computacionais que sejam capazes de filtrar as informações relevantes para o problema e assim reconhecer os padrões de cada tipo de onda para poder determiná-las. Uma das grandes dificuldades para este processo decorre das interferências encontradas nos sinais, que podem ocorrer devido a falhas nos equipamentos de captação ou até movimentos feitos pelo paciente durante a captação dos dados, e isto muitas vezes inclui a atividade respiratória do mesmo.

A ausência de estabilidade durante a atividade cardíaca do paciente também é outro fator que dificulta a detecção das ondas, para isto é importante a utilização de filtros que tentem manter uma linha de base padrão para as ondas e assim possa facilitar o trabalho de detecção (Kirkland & Monroe, 2001) (Coradine et al., 1997). Outro problema está no tipo de derivação que foi escolhida para a captação dos dados, pois cada derivação tenta visualizar as informações por pontos de vista distintos, e isto faz com que cada tipo de sinal obtido tenha uma característica própria que pode facilitar ou dificultar a visualização de determinadas atividades cardíacas, as quais resultam em ondas no sinal captado.

Para alcançar os objetivos deste trabalho, foram realizados levantamentos bibliográficos na área para formar um embasamento científico, podendo assim realizar a pesquisa

e desenvolver o sistema proposto, seguindo os conceitos básicos já estabelecidos no meio acadêmico.

Durante a pesquisa formou-se uma frente de pesquisando buscando cujo objetivo era desenvolver um algoritmo evolucionário que fosse capaz de detectar as arritmias presentes em um exame de eletrocardiograma. O algoritmo para este fim buscou utilizar o *ecgpuwave*, que é um detector de ondas de ECG cujo código está disponível na lista de *softwares* do *PhysioToolkit*, a qual é uma larga coleção de *softwares* fornecidas pela *PhysioNet* do MIT (PhysioNet/MIT, 2010b). O detector de arritmias chegou a ser implementado e testado, mas logo nos resultados iniciais verificamos que os resultados não chegaram a um nível mínimo de aceitação e que muitos problema estavam ocorrendo devido aos resultados deste detector de ondas.

Conforme o estudo bibliográfico foi avançando, detectamos que muitos algoritmos desenvolvidos para a detecção de ondas apresentavam pontos em comum, porém poucos abordavam derivações diferentes para encontrar as informações das ondas. Então por conta dos problemas encontrados e da possibilidade de gerar um algoritmo diferenciado para a detecção de ondas de um ECG, o objetivo principal deste trabalho passou a ser a geração de um sistema detector de ondas de eletrocardiograma que utiliza um algoritmo evolutivo baseado em tipos abstratos de dados para poder determinar quais são os tipos das ondas encontradas e suas informações relevantes.

Para realizar a detecção de ondas de um exame eletrocardiográfico é necessário ter estas informações para que possam ser tratadas pelo detector e assim as ondas poderão ser determinadas. Então para realizar este trabalho, foi necessário escolher alguma amostra deste tipo de exame, os dados que foram adotados para serem analisados neste trabalho foram fornecidos pelo PhysioBank do MIT, o qual é uma base de dados consolidada que contém amostras de exames de ECG que são fornecidas gratuitamente e podem ser acessadas pela *internet*.

Para a implementação do detector a ferramenta escolhida para sua construção foi a linguagem MatLab (The MathWorks, 2011a) junto com seu ambiente de trabalho, o qual permite que os dados sejam trabalhados e analisados. Para a manipulação das amostras de exames foi instalado o pacote *WFDB Toolbox for Matlab* que também é fornecido pelo MIT e que faz a instalação de uma extensão de biblioteca no MatLab que possui um conjunto de ferramentas que são apropriados para a manipulação das amostras de exames que foram escolhidas para serem tratadas pela sistema implementado neste trabalho.

A abordagem escolhida para o desenvolvimento do algoritmo principal do trabalho irá fazer o uso do GAADT e visa realizar uma mesclagem de diferentes derivações do ECG. Com esta mesclagem espera-se conseguir informações mais claras e que possam facilitar a determinação da ocorrência das ondas. O uso do GAADT deverá tornar o sistema diferenciado de muitas abordagens utilizadas para estes tipos de algoritmos, as quais utilizam técnicas de inteligência artificial com o uso de redes neurais, transformadas de wavelet ou

transformadas de Fourier para a detecção das ondas (Sahambi et al., 1997) (Sahambi et al., 2000) (Addison et al., 2000) (Hughes, 2006) (Madeiro et al., 2004) (Madeiro et al., 2008) (Coutinho, 2008) (Pachauri & Bhuyan, 2009) (Rosa & Matta, 1999).

## 1.5 Organização da Dissertação

Esta dissertação encontra-se organizada da seguinte forma. O primeiro capítulo apresenta uma introdução para o problema tratado, com os objetivos, as justificativas e a metodologia adotada no tratamento deste problema. No segundo capítulo teremos alguns conceitos importantes para o entendimento do que consiste um exame de eletrocardiograma e como a utilização de filtros para os sinais captados poderá ajudar na interpretação dos dados. O terceiro capítulo mostrará alguns algoritmos utilizados para a detecção de ondas de ECG, além de técnicas adotadas neste processo. O quarto capítulo está voltado para o *Algoritmo Genético Baseado em Tipos Abstratos de Dados* e sua adaptação para o problema de detecção de ondas. O quinto capítulo trará informações sobre o trabalho desenvolvido, como a implementação do sistema, a forma que ele foi concebido, a qualidade dos resultados obtidos e as limitações do sistema. Por último teremos um capítulo que exibirá a conclusão obtida após a realização deste trabalho.

# Capítulo 2

## Fundamentos de Eletrocardiografia

Este capítulo está dividido em três seções. A primeira das seções (2.1) apresenta algumas definições sobre a anatomia do coração e de como é o seu funcionamento. A segunda sessão (2.2) falará sobre o exame de eletrocardiograma e sua importância para o monitoramento dos sinais vitais de um paciente. A última sessão (2.3) mostrará como a utilização de filtros podem beneficiar a análise dos dados do sinal obtido pelo ECG, exemplificando os resultados obtidos com alguns dos filtros abordados.

### 2.1 Introdução

O coração é um órgão oco que está localizado no tórax entre os pulmões, por trás do osso esterno. Sua função é análoga à de uma bomba, cujas atividades de contração (sístole) e de relaxamento (diástole) das suas válvulas fazem com que o sangue circule pelas veias e artérias. São quatro as válvulas cardíacas, sendo dois átrios e dois ventrículos. Quando os átrios entram em diástole, os ventrículos devem estar em sístole, e vice-versa. As diástoles permitem a entrada de sangue para o interior das válvulas, enquanto que as sístoles expõem-no delas (Volpato, 2008).

O ritmo cardíaco é resultado da despolarização das células do miocárdio, devida a potenciais elétricos gerados espontânea e ciclicamente pelo Nódulo Sinusal<sup>1</sup>. Os potenciais despolarizam as células do miocárdio sequencialmente, causando as sístoles. Os átrios entram em sístole logo em seguida à geração do potencial, que só chega ao miocárdio ventricular via Nódulo Átrio-Ventricular<sup>2</sup>. Este possui baixa velocidade de condução elétrica, o que garante que os ventrículos permaneçam em diástole até que os átrios concluem suas sístoles. Após a passagem pelo Nódulo Átrio-Ventricular, o potencial segue seu percurso

---

<sup>1</sup>Nódulo Sinusal (SA) - Agrupamento de células diferenciadas, localizado entre a veia cava superior e o átrio direito

<sup>2</sup>Nódulo Átrio-Ventricular (AV) - Agrupamento de células diferenciadas, localizado aproximadamente no centro das quatro válvulas

pelo Feixe de His<sup>3</sup> e Fibras de Purkinge<sup>4</sup>, espalhando-se pelo miocárdio ventricular e causando as sístoles ventriculares (Volpato, 2008), ver figura 2.1.

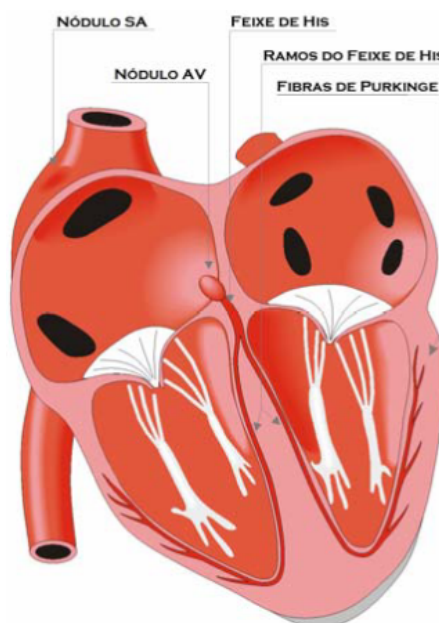


Figura 2.1: Regiões importantes do coração. Fonte: (Melco, 2006)

## 2.2 Eletrocardiograma

O eletrocardiograma é considerado um exame padrão para o diagnóstico não invasivo das arritmias e distúrbios de condução, além de ser muito importante nos quadros isquêmicos coronarianos, constituindo-se em um marcador de doença do coração (Sociedade Brasileira de Medicina, 2003). O ECG tornou-se um método tradicional usado no diagnóstico destes tipos de doenças por ser não-invasivo, barato, seguro, reproduzível, de fácil obtenção e que fornece importantes apontamentos para análises e diagnósticos de muitas anomalias cardíacas. Pode ser digitalmente armazenado, visualizado em monitores, ou analogicamente escrito em papel.

O exame é apresentado em gráficos pautados por pequenos quadrículos de lado igual a 1 milímetro, cuja largura corresponde a 0.04 segundos e cuja altura corresponde a 0.1 miliVolt, ver figura 2.2. É comum exemplificar-se o ECG com a Derivação Bipolar do Plano Frontal II, com as seguintes ondas: P, Complexo QRS, e T (Coutinho, 2008), ver figuras 2.3 e 2.4.

<sup>3</sup>Feixe de His - é uma coleção de células musculares cardíacas especializadas em condução elétrica que transmitem impulsos elétricos que vêm do nóculo atrioventricular. Fonte: (Dale Dubin, 2004)

<sup>4</sup>Fibras de Purkinge - constituem um sistema especial de condução do estímulo elétrico no coração, permitindo que este se contraia de maneira coordenada. É composto de fibras musculares cardíacas especializadas, as quais são largas e que intervêm na condução elétrica do nóculo AV para os ventrículos. A sua velocidade de transmissão é de 1.5 a 4 m/seg, fazendo uma transmissão elétrica rápida para os ventrículos. Fonte: Wikipedia.

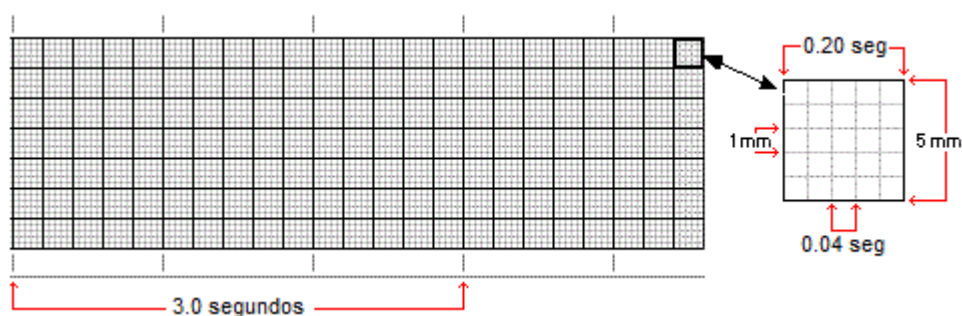


Figura 2.2: Formato do trecho de um rolo do papel que é utilizado para a escrita dos sinais obtidos em um ECG.

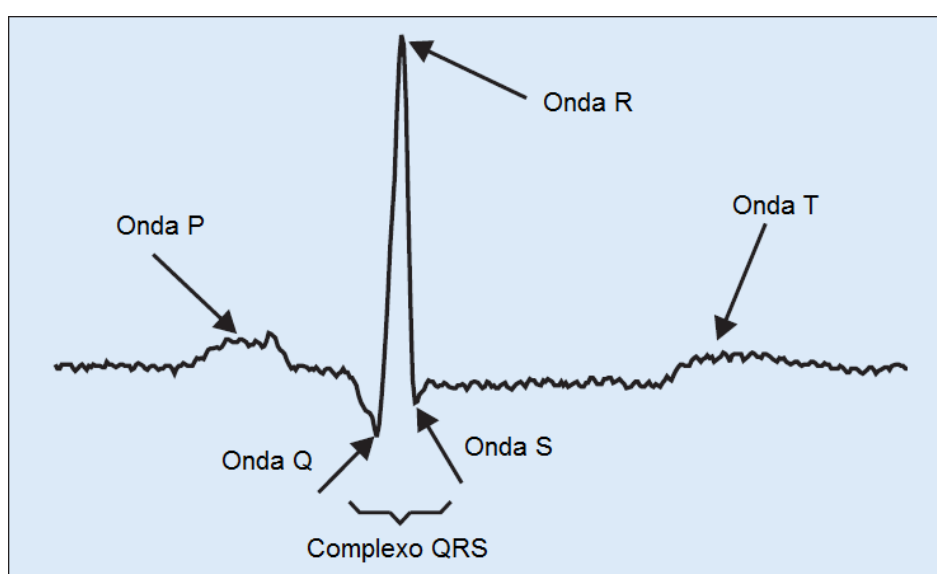


Figura 2.3: Ondas não filtradas de um ECG. Fonte: (Köhler et al., 2002)

O exame de ECG pode ser útil para realizar análises das seguintes informações (Encydia, 2011):

- Determinar se o coração funciona normalmente ou sofre de anomalias;
- Indicar bloqueios coronários arteriais (durante ou após um ataque cardíaco);
- Pode-se utilizar para detectar alterações eletrolíticas de potássio, sódio, cálcio, magnésio ou outros elementos;
- Uma variedade de alterações do ritmo e condução do estímulo;
- A extensão, localização e evolução de lesões isquêmicas do miocárdio;
- Mostrar a condição física de um paciente durante um teste de esforço;
- Fornecer informações sobre as condições físicas do coração;
- A influência de determinados fármacos.

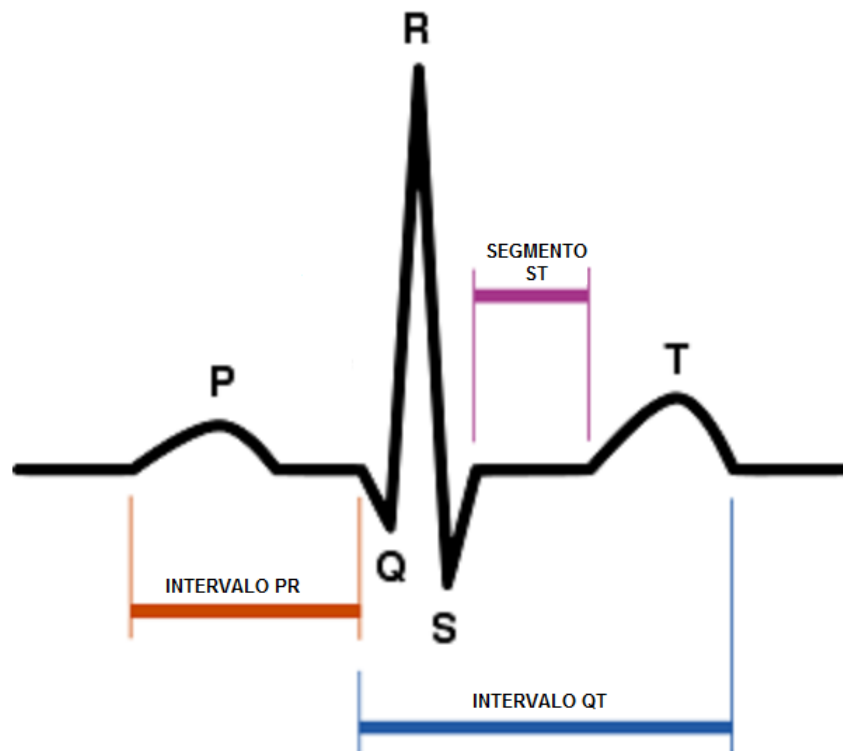


Figura 2.4: Alguns segmentos e intervalos que fazem parte de um sinal de ECG. Fonte: (Encydia, 2011)

Um sinal típico de ECG para um batimento cardíaco normal (ou ciclo cardíaco) consiste de uma onda P, um complexo QRS e uma onda T. Uma pequena onda (onda U) também pode ser visível, porém muitas vezes ela é ocultada pelas demais ondas (UIC, 2010). Para as ondas características da derivação Bipolar do Plano Frontal II, admite-se as seguintes medidas de tempo e voltagem (Coutinho, 2008):

- Onda P: correspondente às sístoles (despolarização) atriais, possui duração entre 0.08 a 0.1s e voltagem inferior a 0.25mV;
- Complexo QRS: correspondente às sístoles (despolarização) ventriculares, possui duração entre 0.04 a 0.12s. A voltagem do pico R é normalmente menor do que 1.6mV. O módulo da voltagem do pico Q ou do pico S é geralmente menor do que 25% da voltagem do pico R;
- Onda T: correspondente às diástoles (repolarização) ventriculares, normalmente possui voltagem entre 0.1-0.5mV;
- Onda U: deriva das diástoles (repolarização) atriais e não costuma ser registrada, pois é encoberta pela despolarização ventricular, que é um evento elétrico concomitante e mais potente;

- Intervalo P-R: duração entre 0.12 a 0.20s;
- Intervalo Q-T: duração menor do que 0.4s;
- Segmento S-T: duração entre 0.05-0.15.

Define-se derivação de ECG como uma função de voltagem em função do tempo. Adquire-se uma derivação a partir de uma linha imaginária que une dois pontos particulares do corpo humano, onde são postos eletrodos <sup>5</sup> que detectam as diferenças de potencial do sinal bioelétrico cardíaco. As derivações padrão de aquisição de ECG são subdivididas em dois grupos: Derivações do Plano Frontal e Derivações do Plano Horizontal.

## 2.2.1 Plano Frontal

### 2.2.1.1 Derivações Bipolares

As Derivações Bipolares do Plano Frontal I, II e III (ou simplesmente derivações I, II e III) são adquiridas postando-se eletrodos nos seguintes pontos do corpo humano: pulso esquerdo, pulso direito e tornozelo esquerdo. As linhas imaginárias que unem estes pontos formam um triângulo, com o coração posicionado no centro, chamado Triângulo de Einthoven (ver figura 2.5).

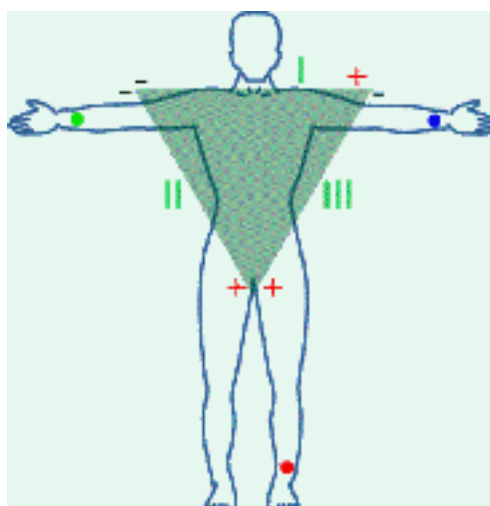


Figura 2.5: Triângulo de Eithoven.

A derivação I é adquirida com um eletrodo negativo no pulso direito e um eletrodo positivo no pulso esquerdo. A derivação II é adquirida com um eletrodo positivo na perna esquerda e um eletrodo negativo no pulso direito e a derivação III é adquirida com um eletrodo positivo na perna esquerda e um eletrodo negativo no pulso esquerdo (ver figura 2.6).

<sup>5</sup>Placas capazes de captar o fluxo elétrico



Outra prática de aquisição destas derivações posta os eletrodos no tórax, formando o mesmo triângulo, ao invés de usar os pulsos e o tornozelo. Assim adquirem-se as denominadas Derivações Bipolares do Plano Frontal Torácicas ou Derivações Bipolares do Plano frontal Modificadas.

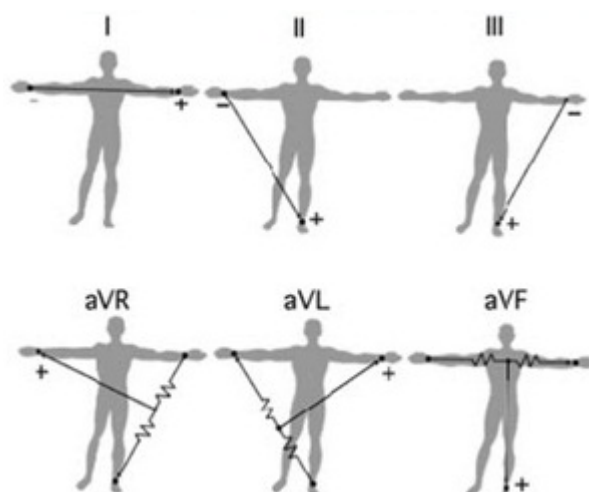


Figura 2.6: Distribuição dos eletrodos nas derivações do plano frontal.

### 2.2.1.2 Derivações Unipolares

As Derivações Unipolares do Plano Frontal, aVL, aVR e aVF, também chamadas Clássicas, postam os eletrodos também em triângulo. Os eletrodos positivos são denominados exploradores, e os seus pares negativos, indiferentes.

A derivação aVL, é adquirida com o eletrodo explorador no ombro esquerdo, e fica a  $-30^\circ$  em relação à linha da Derivação I. A derivação aVR, é adquirida com o eletrodo explorador no ombro direito, e fica a  $-150^\circ$  em relação à linha da derivação I. A derivação aVF é adquirida com o eletrodo explorador na perna esquerda, e fica a  $+90^\circ$  em relação à linha da Derivação I. A figura 2.7 apresenta uma visão geral dos formatos dos sinais obtidos com as diferentes derivações do plano frontal.

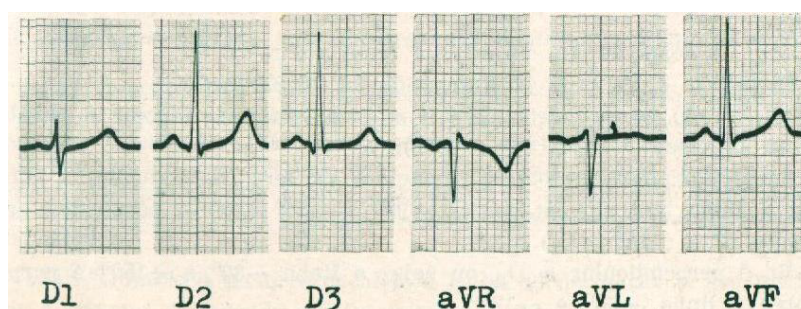


Figura 2.7: Derivações do plano frontal. D1, D2 e D3 - Derivações bipolares. aVR, aVL e aVF - Derivações Unipolares. Fonte: (Mazzutti, 2006)

### 2.2.2 Plano Horizontal

As Derivações do Plano Horizontal (ou Pré-cordiais) são unipolares e em número de seis: V1, V2, V3, V4, V5, e V6. Fixa seis eletrodos positivos, um para cada derivação, na superfície do tórax, próximas ao coração, em um plano perpendicular ao frontal.

À altura do coração, o eletrodo que adquire a derivação V1 fica à direita do osso esterno e o eletrodo que adquire a derivação V2 fica à esquerda. Os eletrodos subsequentes, que adquirem as derivações V3 até V6, são dispostos um após o outro em direção à esquerda, ver figuras 2.8 e 2.9.

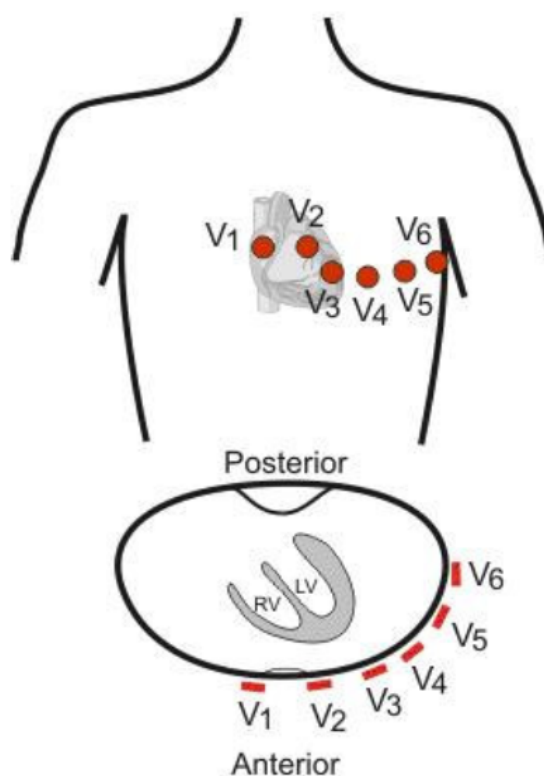


Figura 2.8: Disposição de eletrodos para aquisição das Derivações do Plano Horizontal (V1, V2, V3, V4, V5, e V6). Fonte: (Volpato, 2008)

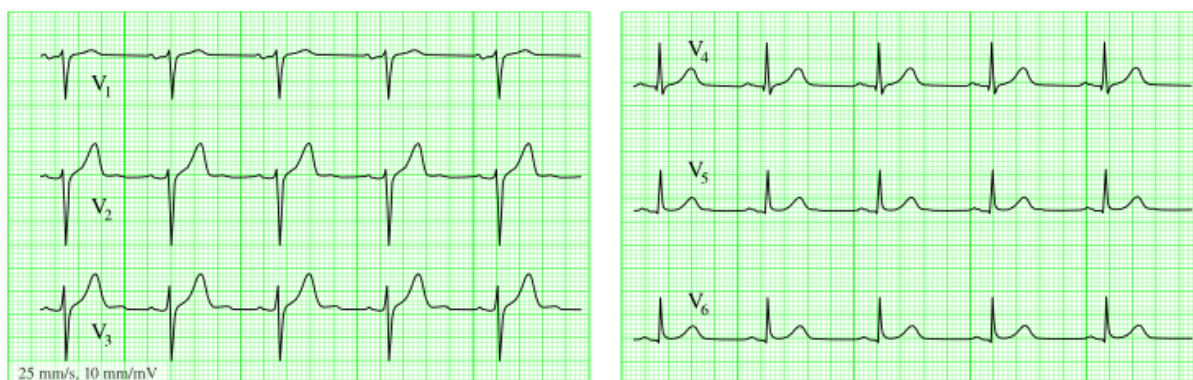


Figura 2.9: Formato das ondas nas derivações do plano horizontal.

Existem três formas de se fazer a aquisição do sinal do ECG (Mazzutti, 2006), estas estão descritas abaixo:

- **Simples ou de Repouso:** O mais utilizado na prática médica. Consiste na aplicação de eletrodos sobre o paciente, que deve encontrar-se deitado. É importante que o paciente esteja desprovido de objetos metálicos (como pulseiras, brincos, correntes, relógios, etc.) os quais poderão causar eventuais interferências na captação do fluxo elétrico a ser medido.
- **ECG Dinâmico (HOLTER):** Consiste na utilização de um pequeno gravador conectado aos eletrodos. O paciente deverá portá-lo por vinte e quatro horas. Nesta modalidade de ECG toda a atividade elétrica do coração do paciente é monitorada e gravada para posterior análise. O paciente deve anotar em um pequeno diário suas atividades durante o período de gravação, para que seja feita a confrontação de seus eventuais sintomas e/ou atividades com o desempenho de seu coração. É um exame muito útil na detecção de arritmias e processos obstrutivos em artérias coronárias.
- **ECG de Esforço (Testes Ergométricos):** Segue os mesmos princípios de aplicação de eletrodos, porém é realizado com o paciente em atividade física. Antigamente era realizado com o paciente subindo e descendo degraus de escada e atualmente é mais comumente efetuado com o uso de esteiras ou bicicletas ergométricas. O objetivo é detectar possíveis alterações provocadas pelo aumento da solicitação cardíaca. Este exame destacou-se também por ser capaz de avaliar a pressão arterial durante o exercício, tornando esta modalidade de ECG uma das mais completas avaliações do desempenho cardiovascular.

A técnica de registo do ECG é simples, no entanto é preciso ter atenção em alguns aspectos para evitar o aparecimento de artefatos nos registros efetuados (MISODOR, 2010):

- O paciente deve estar confortavelmente deitado numa cama ou mesa de exame suficientemente grande para suportar todo o corpo. Deve estar em repouso e relaxado, já que quaisquer movimentos musculares podem alterar o registo. De preferência deve também estar em jejum, pois as refeições causam alterações electrolíticas que podem ser visíveis no ECG, dificultando a sua interpretação;
- Ter a certeza que está estabelecido um bom contato entre a pele e os eletrodos. Desinfectar com álcool as zonas correspondentes à posição dos diversos eletrodos e colocar uma gota de pasta electrolítica na placa do eletrodo, espalhando-a por toda a superfície da placa. O eletrodo é depois colocado na pele previamente limpa;

- A máquina deve estar devidamente calibrada. Por norma, 1 milivolt produz uma deflexão de 1 centímetro e a velocidade do papel é de 25 mm/s. A calibração incorreta pode conduzir a erros na interpretação dos traçados;
- O paciente e a máquina devem estar convenientemente ligados à terra para evitar interferências de corrente. Essa ligação faz-se através da perna direita.

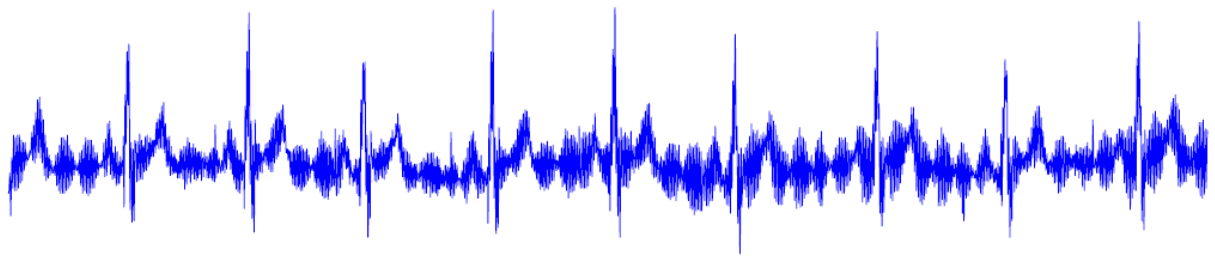
## 2.3 Filtro para ECG

No processo de medição de variáveis biológicas, dois componentes elementares são encontrados: o sinal e o ruído. Em uma definição ampla, denomina-se sinal ao componente medido que representa a variável a ser avaliada e ruído aos componentes que representam interferências, ou variável(eis) fora de interesse. Ruídos podem ser, portanto, sinais indesejáveis sobrepostos aos sinais de interesse. Os ruídos representam um fluxo contínuo de informações sobrepostas temporalmente aos sinais que, variando continuamente sua forma de apresentação, comprometem a avaliação dos últimos (Barbosa, 2003).

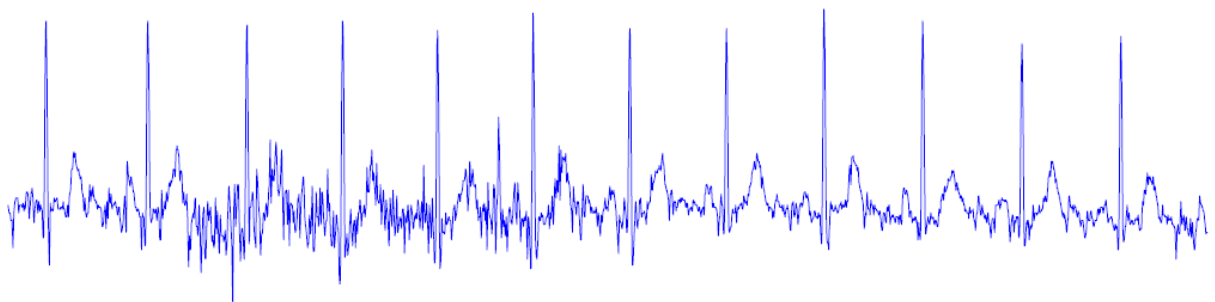
Em comum com muitos outros sinais biomédicos, o ECG pode ser afetado por fontes de ruídos indesejadas (Hughes, 2006). A Figura 2.10 mostra exemplos de sinais de ECG afetados por uma variedade de diferentes fontes de ruídos, incluindo:

- Interferência de Rede: resulta do efeito de capacitância entre linhas de energia (por exemplo, na parede, piso e teto) de 50 ou 60 Hz e o equipamento de gravação do ECG. Este tipo de ruído geralmente pode ser removido com o uso de filtros apropriados para isto (Rangayyan, 2002), (Ramos Jr et al., 2010).
- Artefato Muscular: este ruído é provocado por contrações (como tremores) do músculo sob um eletrodo do ECG. Infelizmente essa fonte de ruído tem uma largura de banda similar ao do ECG e, portanto, não podem ser removidos por técnicas simples de filtragem.
- Ruído de contato do Eletrodo: ocorre devido a um contato fraco entre o eletrodo do ECG e a pele do paciente (resultado de um adesivo enfraquecido ou a falta de aplicação de um gel entre a pele e o eletrodo).
- Artefato de Movimento: ocasionado por movimentações do paciente (e, portanto, de um ou mais eletrodos) durante a gravação do ECG, que dá origem ao ruído (ou seja, mudanças indesejadas de potenciais elétricos) no sinal de ECG.

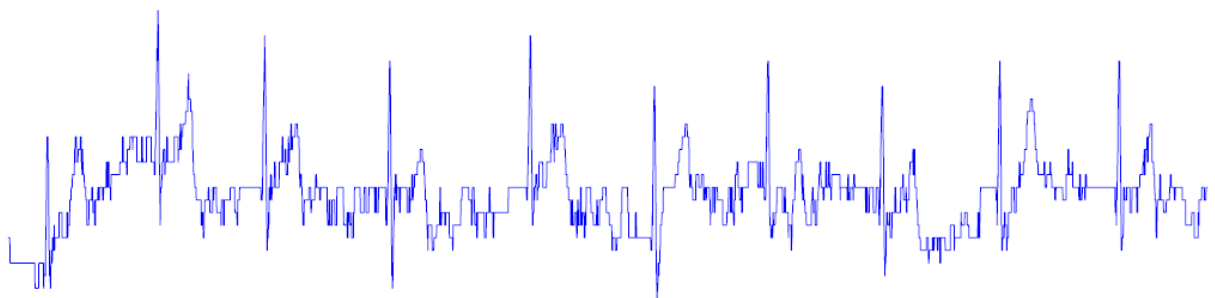
Existem dois tipos predominantes de distúrbios que contaminam o ECG adquirido durante um teste de esforço: ruídos da linha de base variável e artefatos de movimentos (Afonso et al., 1996).



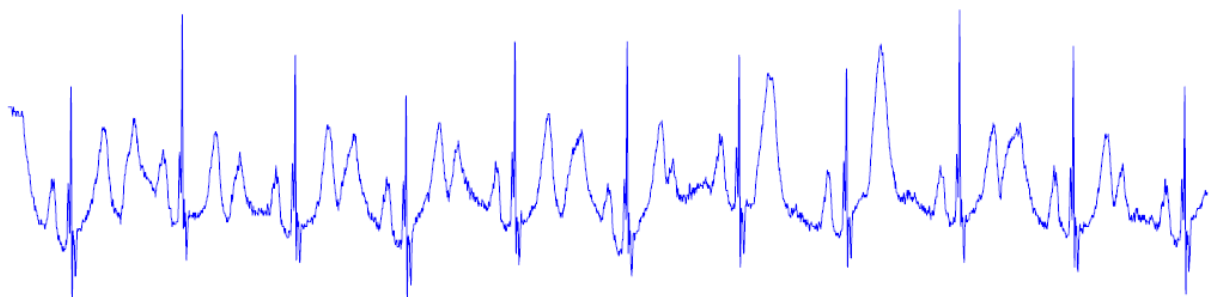
(a) Interferência de Rede



(b) Artefato Muscular



(c) Ruído de contato do Eletrodo



(d) Artefato de Movimento

Figura 2.10: Exemplos de diferentes tipos de ruídos que podem afetar um sinal de ECG.  
Fonte: (Hughes, 2006)

Filtros são utilizados no ECG para poder limpar o sinal e assim amenizar as distorções do sinal do ECG, causadas pelos ruídos e artefatos indesejados, são normalmente empregados logo após a aquisição do sinal e antes do início dos principais processamentos de análise, durante um período que pode ser chamado de pré-processamento (Novák, 2000). Quando o sinal é pré-processado os principais ruídos eliminados são os que acarretam em oscilações das linhas de base, pois estes dificultam a execução de qualquer análise do sinal por apresentá-lo em um formato sem nenhuma forma de normalização.

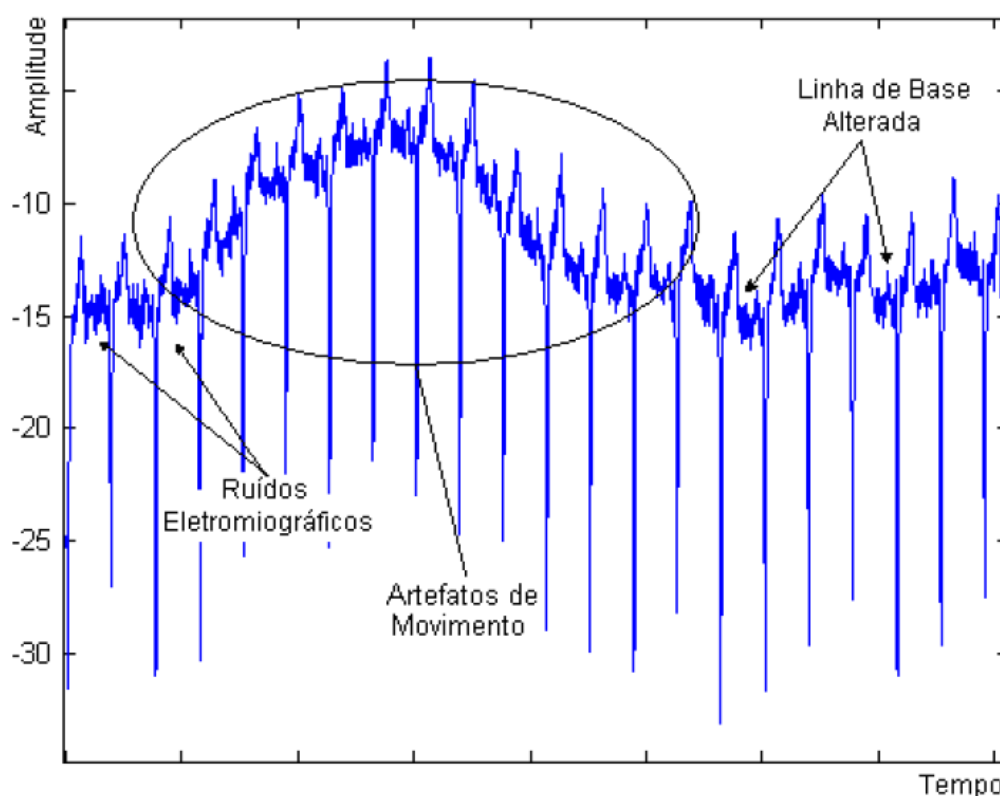


Figura 2.11: Alteração da linha de base em um sinal de ECG. Fonte: (Aguiar, 2006)

### 2.3.1 Remoção da Linha de Base

A remoção de oscilações de linha base (ver Figura 2.11) é a primeira etapa a ser executada no pré-processamento de ECG, quando já não é realizada na aquisição (Volpato, 2008). Para esta remoção é comum a utilização do método de filtragem linear, que está descrito abaixo junto com outros dois métodos.

#### Filtragem Linear

A função de um filtro linear é selecionar, remover, ou atenuar determinadas frequências ou faixas de frequências que compõem um sinal. Neste sentido, classificam-se os filtros como:

- Filtro passa-altas (*gráfico a* da figura 2.12)): seleciona a faixa de frequências superiores a uma dada frequência de corte, eliminando ou atenuando as demais;
- Filtro passa-baixas (*gráfico b* da figura 2.12)): seleciona a faixa de frequências inferiores a uma dada frequência de corte, eliminando ou atenuando as demais;
- Filtro passa-faixa (*gráfico c* da figura 2.12)): seleciona a faixa de frequências compreendidas entre duas dadas frequências de corte, uma inferior e outra superior, eliminando ou atenuando as frequências que se encontrarem fora desta faixa.
- Filtro rejeita-faixa (*gráfico d* da figura 2.12)): seleciona a faixa de frequências que está fora da faixa de rejeição, que é atenuada ou eliminada.

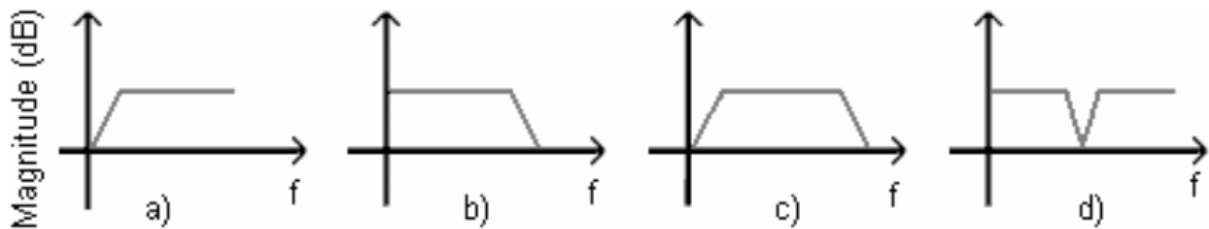


Figura 2.12: Filtros seletivos de frequência. Classificam-se como: a) filtro passa-altas; b) filtro passa-baixas; c) filtro passa-faixa; d) filtro rejeita-faixa. Fonte: (Volpato, 2008)

Quanto à resposta de impulso, os filtros lineares são classificados como recursivos (*Infinite Impulse Response*, resposta de impulso finita (IIR)) e não recursivos (*Finite Impulse Response*, resposta de impulso finita (FIR)). Quanto à qualidade de saída, os filtros FIR são mais estáveis, e utilizados quando pouca distorção é desejada. Devido à recursividade, os filtros IIR são menos estáveis que os filtros FIR, sendo úteis quando o deseja-se alto desempenho. Métodos clássicos de filtragem digital IIR: Bessel, Butterworth, Chebyshev. Métodos clássicos de filtragem digital FIR: métodos de Janela (Hamming, Blackman, Kaiser) e algoritmo de Parks-McClellan.

As definições básicas para o projeto de filtros digitais são: frequência(s) de corte (Hz) e atenuação desejada na(s) faixa(s) de rejeição (db) e ordem. Para o projeto de filtros FIR, tais como o Parks-McClellan, pode-se especificar também o ripple (ondulações do sinal, efeito colateral da filtragem) permitido e a transição (Hz) entre a faixa passante e a faixa de rejeição (Volpato, 2008).

### Filtragem Adaptativa

Exige prévia detecção de Complexos QRS, definindo o ECG  $r(k)$  como (Volpato, 2008):

$$r(k) = s(k) + b(k) + n(k) \quad (2.1)$$

sendo que  $s(k)$  é o ciclo cardíaco,  $b(k)$  é a oscilação da linha base e  $n(k)$  são os ruídos musculares de alta frequência. Inicialmente cria-se um novo sinal  $r_b(k)$ , subtraindo o último ciclo cardíaco estimado do ciclo corrente ( $\hat{s}(k)$ ):

$$r_b(k) = (s(k) - \hat{s}(k)) + b(k) + n(k) \quad (2.2)$$

### 2.3.2 Remoção de Ruídos

A remoção de ruídos talvez seja a área mais discutida em pré-processamento de ECG. Também muito utilizado para este fim é o método de filtragem linear (adaptativo ou não). Apresenta-se a seguir o filtro mediana e um método de filtragem wavelet (Volpato, 2008).

#### Filtro Mediana

O filtro mediana é implementado com uma janela deslizante de tamanho ímpar ( $N = 2k + 1$ ) sobre o sinal. As amostras da janela são ordenadas pela amplitude, sendo então computada a saída do filtro  $y(n)$ , que é a própria mediana das amostras da janela. O procedimento de filtragem é denotado como segue:

$$y(n) = \text{mediana}[x(n - k), \dots, x(n), \dots, x(n + k)] \quad (2.3)$$

onde  $x(n)$  e  $y(n)$  são os sinais de entrada e de saída do filtro.

#### Filtro Wavelet

É um método de filtragem adaptativa que utiliza a Transformada Ortogonal de Wavelet, também conhecida como Transformada Wavelet de Daubechies (Volpato, 2008). Aplicada a um sinal  $S_n$ , a transformada direta gera dois novos sinais, que possuem metade dos pontos do sinal original:

- $S_{n+1}$ : as *aproximações*, que mantém a mesma energia presente no sinal original  $S_n$ ;
- $d_{n+1}$ : os *detalhes*, que destaca os detalhes do sinal original  $S_n$ .

Primeiramente a transformada direta é aplicada sucessivamente nas aproximações até chegar-se ao sexto nível. A filtragem adaptativa é executada em cada um dos seis níveis. Trata-se de uma função  $T(d, \lambda)$ , onde  $d$  é o detalhe e  $\lambda$  é um valor de limiar definido por uma *Estratégia SURE*<sup>6</sup>. Esta função elimina dos detalhes os pontos que não satisfazem seu modelo matemático. Posteriormente executam-se as transformadas inversas, obtendo-se então o  $S_n$  filtrado.

---

<sup>6</sup>SURE (Stein Unbiased Risk Estimator) - minimiza um estimador não-viesado do risco de Stein a cada nível de resolução. Fonte: (Bayer & Kozakevicius, 2010)



### 2.3.3 Prós e Contras

Os filtros são importantes ferramentas para o tratamento e análise de sinais. Em alguns sinais, devido a presença de interferências constantes, a ausência de um filtro irá impossibilitar a análise ou elevar consideravelmente a complexidade do algoritmo utilizado para o reconhecimento de informações do sinal. O filtro irá tentar fazer a eliminação dos ruídos, extraindo do sinal apenas informações irrelevantes para o problema.

Porém existem problemas que precisam ser levados em consideração na decisão da utilização ou não de filtros. O principal destes problemas é a perda de informações do sinal, que pode afetar os resultados da avaliação devido a ausência de informações que importantes que foram removidas pelo filtro.

## Capítulo 3

# Algoritmos de Detecção de Ondas para o ECG

O atual capítulo divide-se em duas sessões, uma que mostrará aspectos relevantes para a construção de algoritmos detectores de ondas de ECG (sessão 3.1) e outra sessão, 3.2, que apresentará algoritmos que utilizam diferentes técnicas de inteligência artificial para solucionar tal problema.

### 3.1 Introdução

Algoritmos de detecção de ondas são responsáveis pelo pré-processamento do sinal adquirido através de um exame de eletrocardiograma e permitem que o exame possa ser analisado de uma forma mais eficaz, do ponto de vista computacional.

Devido ao fato de ainda não existir um algoritmo de detecção de ondas de ECG que tenha uma eficácia de 100%, existem várias pesquisas que buscam melhorar as taxas de eficácia utilizando novas propostas de algoritmos de detecção. Um dos grandes empecilhos deste tipo de detecção é a infinidade de formatos que as ondas deste tipo de sinal se apresentam e a razão para isto ocorrer decorre de vários fatores, como o fato de que as ondas mudam de pessoa para pessoa, da situação em como se encontra a pessoa analisada, de quanto tempo ela tem sido analisada, do ruído provindo do contato do eletrodo com a pele, da contração muscular, do ruído provindo da rede elétrica, da variação da impedância do eletrodo (variação da linha de base do ECG e queda da relação sinal/ruído), da modulação da amplitude do ECG de acordo com a respiração e de ruídos de instrumentos elétrico-cirúrgicos (Melco & Moscato, 2007).

Como exemplificação das taxas de eficiência que podemos encontrar nos algoritmos de detecção de ondas temos a tabela 3.1 que foi retirada do documento do fabricante Mortara (2001) e relaciona a *performance* de seu equipamento e a compara com a linha Agilent (linha hoje pertencente à Philips).

	AHA Database		MIT Database	
	Mortara	Agilent	Mortara	Agilent
Sensibilidade de detecção do complexo QRS (%)	99,88	99,80	99,93	99,66
Predictibilidade positiva de detecção do complexo QRS (%)	99,89	99,87	99,85	99,86

Tabela 3.1: Comparativo entre os equipamentos Agilent e Mortara. fonte (Melco & Moscato, 2007).

## 3.2 Algoritmos de Detecção de Complexos QRS

Grande parte dos algoritmos de detecção de ondas desenvolvidos para um ECG possuem como foco a detecção do complexo QRS, pois este trata-se de um conjunto de ondas que, de um modo geral, tem uma abrangência maior nas derivações padrões e valores extremos mais elevados, como o do pico (valor máximo no eixo y) da onda R, vide figura 2.4. Estes fatos facilitam a detecção deste conjunto de ondas e sua detecção serve como base para os algoritmos de detecção das demais ondas.

A partir do conhecimento das ocorrências dos complexos QRS podemos obter informações que são cruciais para o monitoramento dos sinais vitais de um paciente, como a frequência cardíaca e a presença de arritmias ventriculares. Estas informações irão auxiliar tanto no diagnóstico quanto na prevenção de problemas cardíacos.

O avanço computacional das últimas décadas permitiu o desenvolvimento de *softwares* para detecção de QRS e estes foram acoplados a sistemas especialistas de monitoração de ECG. Diversas abordagens têm sido propostas: redes neurais artificiais, transformada wavelet, filtros digitais passa-banda e filtros derivativos, e métodos heurísticos baseados em transformações não-lineares. A combinação de técnicas também tem sido utilizada como forma de potencializar o desempenho de detecção (Cassiano, 2010).

Já nos primeiros anos da detecção automática dos complexos QRS uma estrutura algorítmica foi desenvolvido e ainda hoje é partilhada por muitos algoritmos. A estrutura do processo de detecção deste tipo de onda é dividida em um estágio de pré-processamento, ou estágio de extração de características, o qual inclui as filtragem linear e não linear e uma fase de decisão, incluindo a detecção de picos e a decisão lógica. Após este estágio há um que é frequentemente utilizado, o qual consiste de um bloco de processamento extra usado para a determinação exata da localização temporal dos complexos QRS candidatos (Köhler et al., 2002). Esta estrutura esta representada na figura 3.1.

As características morfológicas, amplitude, duração e ângulos das formas de onda do ECG, são as informações chave para diagnosticar anomalias (Volpato, 2005). Um complexo QRS normal possui largura entre 0.04 milisegundos (ms) e 0.12 ms, e uma amplitude no pico R de até 1.6 mV. O intervalo entre duas ondas P é considerado como um batimento cardíaco, mas na prática de processamento digital de ECG, usa-se o complexo QRS para obter o período de tempo entre dois batimentos cardíacos (intervalo RR), isso

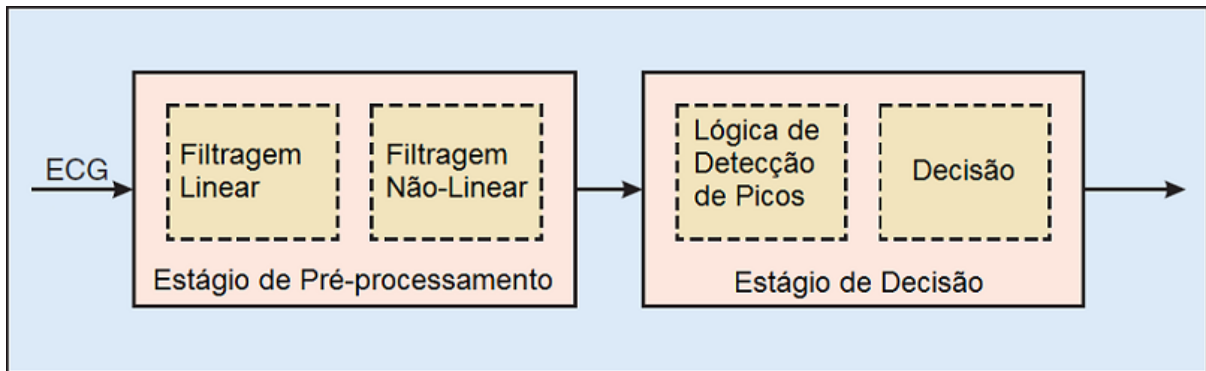


Figura 3.1: Estrutura compartilhada entre algoritmos de detecção de complexos QRS. Fonte: (Köhler et al., 2002)

ocorre porque a onda R possui uma amplitude mais elevada e melhor relação sinal-ruído em relação à onda P. Os métodos utilizados para a detecção do complexo QRS podem ser divididos em quatro categorias (Volpato, 2005), que são:

- Algoritmos baseados na amplitude e na 1ª derivada - Aplicação de uma máscara que permite calcular a derivada do sinal, seguida da aplicação de um limiar à amplitude, para identificar o complexo;
- Algoritmos baseados somente na 1ª derivada - Aplicação de uma máscara que permite calcular a primeira derivada do sinal, seguida da aplicação de um limiar à mesma para identificar o complexo;
- Algoritmos baseados na 1ª derivada e na 2ª derivada - A primeira e segunda derivada são calculadas, se necessário são "alisadas", e em seguida são aplicados vários valores de limiar;
- Algoritmos baseados em filtros digitais - Aplica-se filtros passa-baixa, e são aplicados limiares.

### 3.2.1 Algoritmo Baseado em Transformadas

Um algoritmo para detecção do complexo QRS baseado em transformada aplica a equação de transformada escolhida para o sinal na filtragem dos dados. Podemos encontrar exemplos deste tipo de abordagem em (Kozakevicius et al., 2005) (Pachauri & Bhuyan, 2009) (Pinto et al., 2005) (Sahambi et al., 1997) (Madeiro et al., 2009) (Madeiro et al., 2008). Para a definição que se segue, serão apresentadas duas transformadas, denominadas de *Wavelet* e *Hilbert*, que foram utilizadas em (Madeiro et al., 2009).

A transformada Wavelet (TW) é uma decomposição de um sinal em uma combinação de um conjunto de funções base, obtidas por meio de processos de dilatação  $a$  e translação  $b$  de uma função Wavelet protótipo  $\Psi(t)$ . Ela é aplicada para decompor um sinal em um

conjunto de coeficientes que descrevem as suas componentes de frequência em determinados instantes de tempo (Madeiro et al., 2008). A TW é uma transformada integral dada por

$$\int_{-\infty}^{\infty} Wf(a, b) = f(t)\Psi_{a,b}^*(t)dt \quad (3.1)$$

em que  $\Psi^*(t)$  denota o conjugado complexo da wavelet-mãe  $\Psi(t)$ . A TW fornece uma representação do sinal no domínio de escala temporal. Usa uma família de funções de análise, as quais são utilizadas para representar o sinal em diferentes resoluções, que por sua vez informam o conteúdo de diferentes bandas de frequência (Madeiro et al., 2009). A família de funções  $\Psi_{a,b}$  é deduzida a partir da wavelet-mãe  $\Psi(t)$ :

$$\Psi_{a,b}(t) = \frac{1}{\sqrt{2}} \cdot \Psi\left(\frac{t-b}{a}\right) \quad (3.2)$$

A função protótipo possui implicações fundamentais nos resultados da análise e, portanto, deve ser selecionada cuidadosamente com base na morfologia dos componentes de interesse do sinal.

A transformada de Hilbert  $\hat{f}(t)$  de uma função  $f(t)$  pode ser definida como

$$\hat{f}(t) = \frac{1}{\pi} P \int_{-\infty}^{+\infty} \left( \frac{f(\tau)}{t-\tau} \right) d\tau \quad (3.3)$$

quando a integral existe. O termo P representa a possível necessidade de aplicação da técnica do valor principal de Cauchy (Johansson, n.d.).

A função  $\hat{f}(t)$  de saída é uma função linear da entrada  $f(t)$ , equivalendo à aplicação da convolução com  $\frac{1}{\pi t}$ , isto é

$$\hat{f}(t) = f(t) * \frac{1}{\pi t} \quad (3.4)$$

A aplicação da TH sobre o sinal  $f(t)$  permite gerar um sinal analítico complexo que, por definição, é um sinal cujo espectro não possui componentes de frequência negativa. Algumas propriedades da TH são importantes, considerando-se a sua utilização como filtro para detecção de alterações em séries temporais reais, dentre outras, a ortogonalidade e a análise de energia (Madeiro et al., 2009).

O transformador de Hilbert é um tipo de filtro peculiar que altera a fase dos componentes espectrais, de acordo com o sinal de suas frequências. Como esta ação é apenas sobre a fase dos sinais, não possuindo nenhum efeito na amplitude, as energias do sinal e do sinal resultante da aplicação da TH permanecem iguais, ou seja,

$$E[\hat{f}(t)] = E[f(t)] \quad (3.5)$$

em que  $E[f(t)]$  é a energia do sinal original  $f(t)$  e  $E[\hat{f}(t)]$  é a energia do sinal filtrado pela TH  $\hat{f}(t)$ .

### Etapa de treinamento do algoritmo

Nesta etapa, um intervalo localizado no início do sinal é selecionado para a aplicação da transformada. Sobre o sinal filtrado resultante é aplicado o método de limiar fixo para a identificação dos primeiros pontos fiduciais de complexo QRS, que serão pontos adotados como referência para o restante do processamento e, para este problema, correspondem à onda R ou à forma de onda mais expressiva dos complexos analisados. Este limiar é calculado como um percentual do valor máximo do módulo do sinal filtrado. As figuras 3.2, 3.3 e 3.4 ilustram este processo com a utilização das transformadas definidas acima.

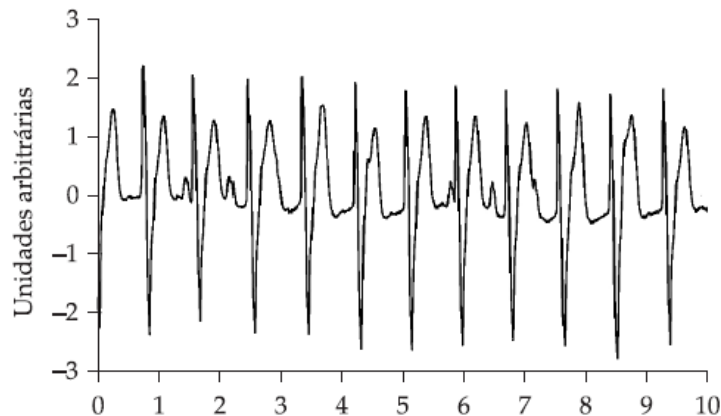


Figura 3.2: Trecho inicial de um dos exames da base de dados de arritmias do MIT. Fonte: (Madeiro et al., 2009)

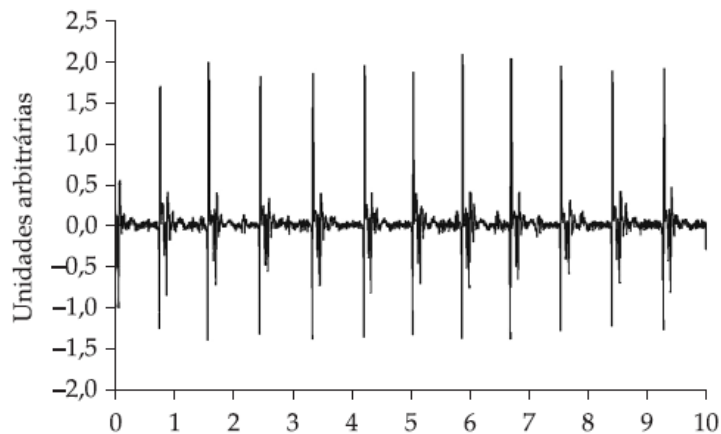


Figura 3.3: Uso da Transformada Wavelet para o sinal da figura 3.2. Fonte: (Madeiro et al., 2009)

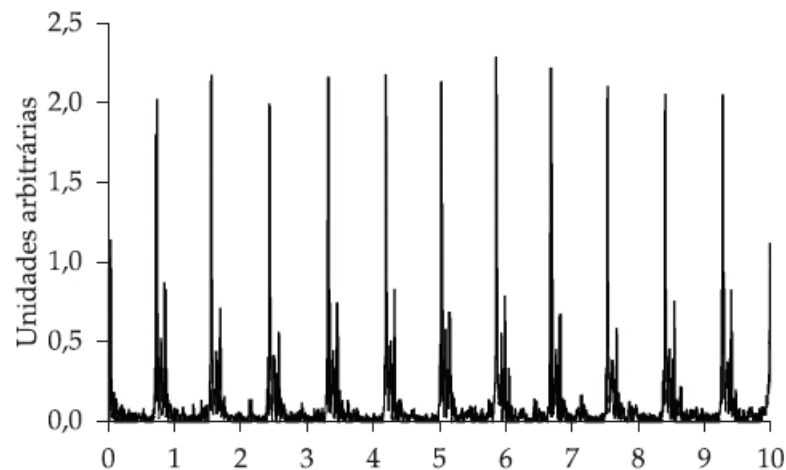


Figura 3.4: Uso da Transformada de Hilbert para o sinal da figura 3.2. Fonte: (Madeiro et al., 2009)

A partir dos pontos fiduciais detectados pelo algoritmo na Etapa de Treinamento, são calculados os primeiros intervalos R-R. De posse destes dados, estabelece-se um perfil do exame em processamento, o qual é descrito pelos módulos de amplitudes dos batimentos detectados (ponto máximo da onda R), pela média, e desvio-padrão dos intervalos entre batimentos.

Finalizado o estágio de treinamento, é iniciado o processo de detecção propriamente dito, de pontos fiduciais de QRS sobre o restante do sinal (análise), sem filtragem prévia. Nesta etapa posterior as transformadas deixam de ser utilizadas e regras são definidas para estabelecer a ocorrência dos complexos QRS. Um exemplo da definição destas regras pode ser encontrado em (Madeiro et al., 2009).

### 3.2.2 Algoritmo Baseado em Filtros Digitais

Este algoritmo tem a particularidade de utilizar a integração de dois canais do eletrocardiograma. Após a filtragem do sinal, o limiar de detecção é obtido a partir de um processo adaptativo. As regras utilizadas para determinar ajuste do limiar foram determinadas empiricamente, visando detectar o maior número de complexos QRS e evitar a detecção de falsos positivos. Quando houver um cruzamento do limiar de detecção, este evento será analisado pelo detector que irá classificá-lo ou não como um complexo QRS. São calculados os seguintes parâmetros: intervalo RR, largura e amplitude, e a partir das estatísticas destes parâmetros dos eventos anteriores, o evento em análise é aceito ou não (Volpato, 2005).

### 3.2.3 Algoritmo de Primeira Derivada

Neste algoritmo, descrito em (Novák, 2000) e (Sociedade Brasileira de Medicina, 2003), somente a primeira derivada é considerada para a detecção dos complexos QRS. A derivada é calculada segundo a fórmula, onde  $f$  é a função da derivada e  $n$  é um ponto do complexo analisado:

$$Y(n) = -2f(n-2) - f(n-1) + f(n+1) + 2f(n+2) \quad (3.6)$$

O limiar  $h$  da inclinação é calculado como uma fração da inclinação máxima para a primeira derivada:

$$h = \alpha \max\{Y(n)\} \quad \text{onde } \alpha = 0.7 \quad (3.7)$$

O primeiro ponto que excede a inclinação é cotado como o início de um candidato a QRS. A figura 3.5 mostra que mesmo após a aplicação da primeira derivada, as proporções das diferenças de amplitude entre os QRSs normais e os extra-sistólicos continuam as mesmas. As amplitudes máximas do gráfico do sinal original (gráfico a), que eram pouco mais de 2 mV passam para 8 mV após o cálculo da primeira derivada (gráfico b). Nestas situações, onde as diferenças de amplitude chegam a 400%, a aplicação deste algoritmo não detectaria nenhum dos complexos QRSs normais.

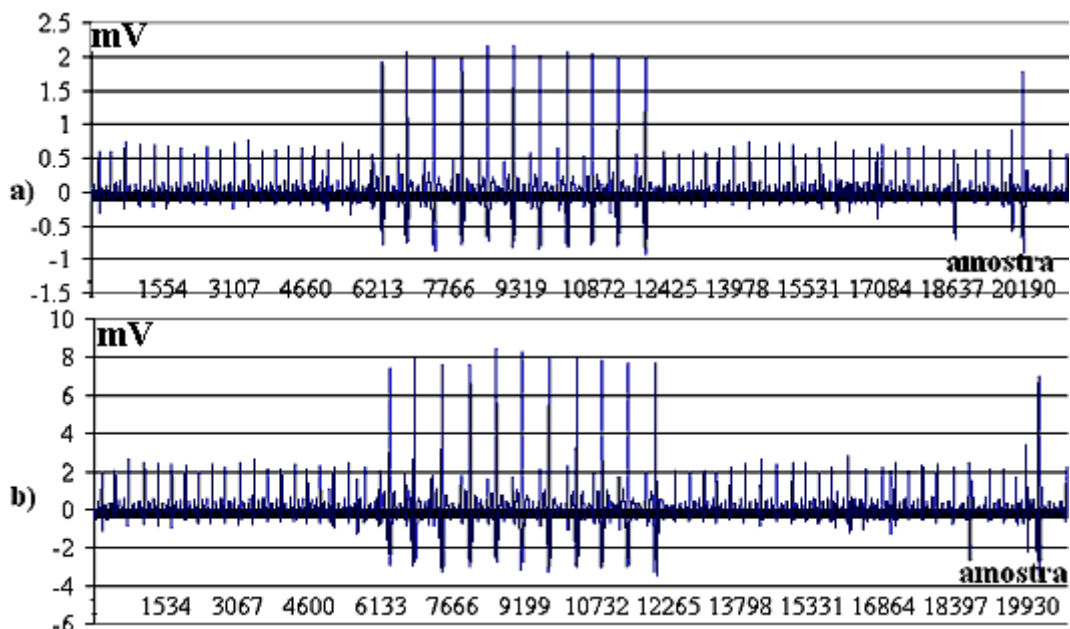


Figura 3.5: Aplicação de primeira derivada a ECG. a) Sinal Original b) Sinal depois de aplicada a primeira derivada, onde se observa a simples amplificação do sinal original. Fonte: (Volpato, 2005)



### 3.3 Algoritmos de Detecção de Ondas P e T

Podemos encontrar as ondas P e T utilizando diferentes técnicas computacionais, como as que foram definidas em (Chouhant et al., 2008), (Sun et al., 2005) e (Mehta & Lingayat, 2008). O algoritmo a seguir foi proposto em (Mehta & Lingayat, 2008) com a finalidade de detectar as ondas P e T de forma simultânea em sinais gravados de ECG de 12 derivações. Ele está dividido em etapas que estão descritas abaixo.

1. Aquisição do sinal do ECG.
2. Filtragem do sinal para eliminar ruídos e interferências.
3. Detecção e remoção dos complexos QRS. Estas ondas são substituídas pela linha de base.
4. A inclinação em cada instante da amostra é calculada para realçar o sinal nas regiões onde ocorrem as ondas T. Estas inclinações são depois normalizadas de acordo com as derivações. Estas inclinações são critérios importantes para a detecção das ondas T, pois na região em que elas ocorrem, as inclinações estão mais acentuadas do que nas regiões das ocorrências das ondas P (Mehta & Lingayat, 2008).
5. Nesta etapa irá existir um vetor com 12 registros diferentes, um para cada sinal, onde cada registro irá conter suas inclinações para cada instante. Para encontrar as ocorrências das ondas T são utilizadas janelas deslizantes que percorrem cada posição do vetor, marcando seus pontos. Quando uma inclinação compatível com uma onda T é encontrada, esta posição é marcada com o valor 1, em caso contrário, ela é marcada com o valor -1.
6. É feita uma normalização com o vetor das derivações resultante da etapa 5. Depois será gerada uma cadeia única que irá conter as marcações das ondas T encontradas, que deverá conter a duração média das ondas T encontradas nas diferentes derivações.
7. As ondas T são também removidas e em seu lugar é adicionado a linha de base da região do sinal.
8. As inclinações são novamente calculadas para destacar as regiões de ocorrência das ondas P. Estas regiões estarão com as inclinações mais elevadas do que o restante do sinal.
9. O processo para encontrar as ondas P é similar ao que foi realizado para encontrar as ondas T, etapas 5 e 6. Nesta etapa é gerado um vetor com as marcações das ocorrências das ondas P para cada derivação.

- Por fim será gerada uma cadeia com as ondas P encontradas, similar ao que ocorre na etapa 6.

A figura 3.6 apresenta os resultados obtidos, conforme (Mehta & Lingayat, 2008), após a execução das etapas do algoritmo descrito.

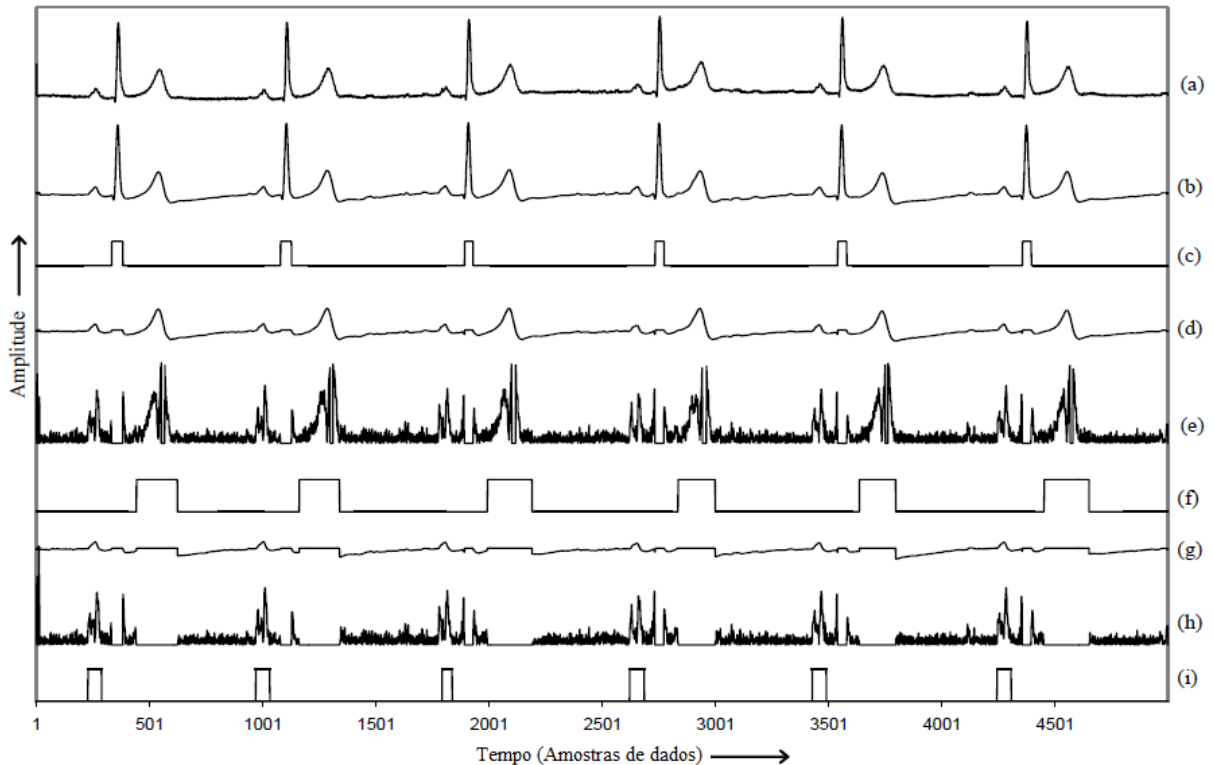


Figura 3.6: Resultados obtidos em cada etapa do algoritmo, (a) Dados do ECG, (b) ECG filtrado, (c) Localização dos complexos QRS, (d) sinal do ECG sem as ondas do complexo QRS, (e) inclinação do sinal do ECG sem os complexos QRS, (f) localização das ondas T, (g) sinal do ECG sem as ondas P e os complexos QRS, (h) inclinações do sinal do ECG sem as ondas T e os complexos QRS, (i) Localização das ondas P. Fonte: (Mehta & Lingayat, 2008)

# Capítulo 4

## O GAADT para o Problema

Este capítulo está dividido em três seções. A primeira seção apresenta uma introdução para este capítulo. A segunda sessão (4.2) exibirá um texto que apresenta uma definição para o Algoritmo Baseado em Tipos Abstratos de Dados (GAADT - *Genetic Algorithm by Abstract Data Types*) e que foi escrita baseada no terceiro capítulo da tese que o definiu (Vieira, 2003). A outra sessão (4.3) apresenta uma especificação do GAADT para o *software* que foi utilizado na abordagem escolhida para tratar do problema abordado nesta dissertação.

### 4.1 Introdução

Algoritmos genéticos trabalham sobre uma população de possíveis resultados (cromossomos) para um problema, os quais são melhorados através de várias iterações com o intuito de encontrar uma combinação de cromossomos capazes de solucionar o problema. O mecanismo de transformação de uma população em outra obedece ao princípio de seleção natural, descrito por Darwin (Darwin, 2004), segundo o qual, na natureza, os indivíduos de uma população competem entre si por recursos tais como comida, água e abrigo. Os indivíduos de uma espécie que apresentam as características mais favoráveis ao meio ambiente, denominados de indivíduos adaptados, têm maior chance de sobreviver que os indivíduos que não apresentam estas características. Os indivíduos adaptados são preferidos pelos indivíduos da sua espécie para procriar, gerando assim um maior número de descendentes potencialmente adaptados ao meio ambiente, uma vez que as características apresentadas por um indivíduo são o resultado da combinação das características herdadas dos seus pais (Vieira, 2003).

Um algoritmo genético tem início com a geração da população inicial  $p$  composta por  $n$  cromossomos, que podem ser fornecidos pelo usuário, gerados aleatoriamente ou construídos por um algoritmo baseado no conhecimento existente sobre o problema a ser solucionado. Em seguida é calculada a adaptação dos cromossomos da população, para

verificar a qualidade destes cromossomos para o problema investigado. Se o critério de parada definido para o problema não for satisfeito, então um novo ciclo incrementa o contador de iterações  $t$ , seleciona cromossomos para gerar descendentes, gera descendentes, nascimento de alguns dos cromossomos gerados e morte dos cromossomos existentes na população considerados de baixa qualidade para o problema analisado tem início. Os critérios de parada usados pelos algoritmos genéticos são encontrar um cromossomo com adaptação  $x$  ou atingir a  $j$ -ésima iteração.

## 4.2 O GAADT

Em (Vieira, 2003) alguns modelos de algoritmos genéticos foram sedimentados sobre os seguintes princípios:

- para uma dada classe de problemas existe uma função de codificação que mapeia os possíveis resultados do problema na representação adotada para o cromossomo;
- existe uma função de adaptação que pode ser aplicada em cada cromossomo, a qual informa o quão adaptado ao ambiente este cromossomo está;
- os cromossomos mais adaptados geram descendentes, os quais tendem a herdar as características adaptadas do cromossomo ancestral;
- os cromossomos menos adaptados tendem a desaparecer.

De acordo com o debate existente na comunidade de algoritmos evolucionários em cima do primeiro princípio sobre qual é a melhor representação a ser adotada para o cromossomo (Vieira, 2003), o GAADT foi proposto seguindo a experiência que indica que para cada classe de problema, dependendo da solução adotada, uma dada representação parece ser mais adequada do que a outra. Assim preferiu-se adotar o conceito de tipo abstrato de dados e uma representação do cromossomo estratificada em três níveis de percepção (cromossomo, gene e base) para modelar uma representação do cromossomo independente da solução adotada e do problema a ser tratado. Dependendo da interpretação dada aos tipos (cromossomo, gene e base) é possível reproduzir qualquer uma das representações de cromossomos existentes.

O segundo princípio estabelece que a função de adaptação de um cromossomo deve ser compatível com o ambiente no qual este está inserido, sugerindo que se o ambiente mudar, tal função deveria em princípio ser capaz de redirecionar a sua busca à procura do cromossomo mais adaptado para a nova configuração do ambiente. O GAADT trabalha sobre um ambiente definido como uma estrutura na qual um dos componentes é a população. Segundo este modelo, as mudanças ambientais são vistas como o marco do início de um novo período de evolução durante o qual os cromossomos da população atual

irão sofrer a ação dos operadores genéticos com o intuito de construir uma nova população formada somente por cromossomos que satisfaçam aos requisitos do ambiente atual. Após o período de evolução vem o período de estagnação, durante o qual a população não evolui. O período de estagnação é finalizado quando uma nova alteração ambiental ocorre, dando início a um novo ciclo de um período de evolução seguido por um período de estagnação (Vieira, 2003).

O resultado do problema para o ambiente atual é o cromossomo mais adaptado na população de estagnação atingida, se esta for compatível com uma condição de parada, a qual deverá ser definida durante o período de concepção do GAADT. A cada período de evolução do algoritmo existe uma população de cromossomos mortos associada, os quais são provenientes de uma das populações já trabalhadas pelo algoritmo genético e que já foram avaliadas e descartadas devido ao seu baixo grau de adaptação em comparação às configurações do ambiente mais evoluído.

O terceiro princípio fala sobre a hereditariedade das características adaptadas ao ambiente dos cromossomos pais que devem ser passadas para os cromossomos filhos. Neste ponto temos uma diferença entre o GAADT e os demais algoritmos encontrados na literatura, onde no GAADT o operador de cruzamento constrói novos cromossomos somente com as características responsáveis pela adaptação dos cromossomos pais ao ambiente, as quais serão denominadas de genes dominantes. Já nos demais algoritmos os operadores de cruzamento só se preocupam com o fato de que as características apresentadas nos cromossomos filhos estejam presentes nos cromossomos pais.

O último princípio descarta a possibilidade dos cromossomos não adaptados ao ambiente evoluírem e até conduzirem à geração de cromossomos mais adaptados do que os cromossomos mais adaptados da população atual. No GAADT os cromossomos não adaptados antes de desaparecerem serão todos submetidos à ação do operador genético de mutação, como uma forma de garantir a presença das características adaptadas ao ambiente destes organismos nas próximas gerações. No GAADT há uma história genealógica (táxon) dos cromossomos da população atual, para que uma explicação sobre o resultado encontrado para um dado problema possa ser gerada sempre que necessário.

### 4.2.1 Tipos Básicos do GAADT

Para representar as informações necessárias para a resolução de um problema utilizando o GAADT será preciso representá-las utilizando os tipos básicos do algoritmo e que foram definidos em (Vieira, 2003). No GAADT os cromossomos são representados por seu material genético, os quais possuem as *bases* como suas unidades elementares de formação.

**Definição 4.2.1.1** *Base* - Uma base  $B$  é o conjunto de todas as unidades genéticas elementares que podem ser usadas na formação do material genético dos cromossomos de uma população.

A *base* será especificada por um conjunto  $B$ , onde seus elementos se agrupam em sequências para formar as características, que serão representadas pelos genes, dos cromossomos. Como nem toda sequência de bases representa uma característica válida para o problema, portanto deverá existir uma lei de formação para indicar como as bases devem ser agrupadas para formar uma dada característica. Esta lei de formação de características é representada pelo conjunto de Axiomas de Formação de Genes (AFG), o qual deve ser definido para cada caso e de acordo com a semântica atribuída ao gene.

**Definição 4.2.1.2** *Gene* - Um gene  $g$  é uma seqüência formada pelos elementos da base que pertence ao conjunto AFG.

Os tipos *genes* são definidos de acordo com o AFG e por isso podem variar dependendo, a depender de como foram elaboradas as restrições impostas por este conjunto aos seus elementos. Os *genes* são então agrupados em conjuntos para a formação dos *cromossomos* da população, e estes são identificados dentro da população por estes agrupamentos de *genes*. Esta identidade será utilizada para impedir que várias cópias de um *cromossomo* possam coexistir ou renascer na população em qualquer tempo durante o processo de evolução da mesma na busca por um *cromossomo* mais adaptado.

O *cromossomo* também é representado por um conjunto de axiomas, Axiomas de Formação de Cromossomos (AFC), o qual deverá ser definido para cada situação de acordo com a semântica adotada para o *cromossomo*.

**Definição 4.2.1.3** *Cromossomo* - Um cromossomo  $c$  é um conjunto de genes que obedece às condições estabelecida pelo AFC.

Estes cromossomos são agrupados em conjuntos para formar uma *população* e esta representação irá garantir a imparcialidade na avaliação dos cromossomos que compõem a *população*, já que cada cromossomo só poderá ocorrer uma vez dentro dela.

**Definição 4.2.1.4** *População* - Uma população  $P_j$  é um conjunto de cromossomos.

O tipo população é o conjunto formado por todos os conjuntos formados por objetos do tipo cromossomo, os quais são possíveis resultados para o problema em foco segundo as especificações escolhidas para os tipos  $C$ ,  $G$  e  $B$ .

## 4.2.2 Operadores Genéticos

O GAADT trabalha com os operadores genéticos de *reprodução* e de *mutação*. O operador de reprodução caracteriza-se por combinar os genes de dois cromossomos, que ficam sendo conhecidos como cromossomos-pai, para formar outros cromossomos, chamados de

cromossomos-filho. Já o operador genético de mutação caracteriza-se por alterar a identidade de um cromossomo para formar um outro cromossomo, conhecido como cromossomo-mutante.

Na reprodução é feita uma seleção dos genes que atendam a uma dada característica, onde os genes escolhidos para serem propagados nos descendentes ficam conhecidos como genes-dominantes. Estes genes são escolhidos por melhor satisfazer as restrições do problema sobre a característica expressa por eles. Podemos então dizer que o gene-dominante será  $g_1$  se em dados dois genes  $g_1$  e  $g_2$ , que expressem uma mesma característica com diferentes fenótipos,  $g_1$  melhor satisfaça as restrições do problema do que o gene  $g_2$ . Este fato é comprovado quando o grau de adaptação do gene  $g_1$  for superior ou igual ao grau de adaptação do gene  $g_2$ .

O grau de adaptação de um gene é dado por uma função grau e nesta função é preciso levar em consideração a existência de um gene-inócuo, o que é expressado pelo gene  $g_\lambda$  que não expressa qualquer característica, de forma que a sua presença ou ausência não altera a identidade do cromossomo, o qual satisfaz as restrições impostas pelo conjunto de axiomas de formação de genes. O grau de adaptação deste cromossomo é menor que o grau de adaptação de qualquer outro elemento do tipo gene. O gene inócuo será uma constante do sistema.

**Definição 4.2.2.1** *Grau* - O grau de adaptação de um gene é uma função grau do seguinte tipo:

*grau* :  $G \rightarrow K$  tal que, a cada gene  $g$ ,  $g \in G$ , é associado um único número  $k$ ,  $k \in K$  ( $K$  é um corpo ordenado<sup>1</sup>), chamado de *grau*( $g$ ) e que reflete, segundo a interpretação adotada para o problema, uma estratificação comparativa entre a adaptação dos genes.

O gene dominante é identificado pela função *domi* que recebe um par de genes, um de cada um dos cromossomos-pai, e retorna o gene de maior grau de adaptação se os genes fornecidos expressarem uma mesma característica. Caso os genes fornecidos não expressem uma mesma característica, então a função *domi* retornará  $g_\lambda$ .

**Definição 4.2.2.2** *Dominante* - O gene dominante é uma função *domi* do seguinte tipo:

$$domi : G \times G \rightarrow G$$

$$domi(g_1, g_2) = \begin{cases} g_\lambda & \text{se } (g_1, g_2) \notin \text{mesma}, \\ g_1 & \text{se } (g_1, g_2) \in \text{mesma} \wedge grau(g_1) \geq grau(g_2), \\ g_2 & \text{se } (g_1, g_2) \in \text{mesma} \wedge grau(g_1) < grau(g_2). \end{cases}$$

<sup>1</sup>Corpo ordenado - é uma estrutura algébrica, com duas operações, sem divisores próprios de zero e munido de uma ordem.

A produção de novos cromossomos durante o processo evolutivo de uma população serve para direcionar a busca por cromossomos mais adaptados através da transmissão das características de maior grau de adaptação presentes nos cromossomos da população atual. A adaptação de um cromossomo é dada pela função *adapt*.

**Definição 4.2.2.3** *Adaptação* - A adaptação de um cromossomo é uma função *adapt* do seguinte tipo:

$$adapt : C \rightarrow K \quad adapt(c) = \sum_{g \in c} \Theta_{c,g} \times grau(g)$$

onde  $\Theta_{c,g}$  é o peso com o qual o gene  $g$  contribui para a adaptação do cromossomo  $c$ .

Para realizar a operação de cruzamento serão necessárias termos conhecimento de duas outras funções, que são as funções de Seleção e de Fecundação. A operação de cruzamento recebe dois cromossomos-pai, aptos a cruzarem, e retorna uma população cujos cromossomos são formados somente pelos genes dominantes dos cromossomos fornecidos. A função de *seleção* filtra os cromossomos que estão aptos a cruzar e estes serão submetidos a um processo de reprodução, que ocorre na função *fecundação*, onde serão cruzados e a função retornará o conjunto de genes dominantes para todas as características existentes nos cromossomos-pai.

A função de seleção recebe uma população  $P_1$  e retorna a subpopulação de  $P_1$  formada pelos cromossomos que satisfazem um requisito do problema  $r$ , descrito por uma fórmula em lógica de primeira ordem, o qual indica quando um dado cromossomo é considerado apto a cruzar.

**Definição 4.2.2.4** *Seleção* - A seleção dos cromossomos que satisfazem um predicado  $r$  é uma função *sel* do seguinte tipo:

$$sel : \mathbb{P}(P) \times \mathbb{P}(P) \rightarrow \mathbb{P}(P)$$

$$sel(P_1, r) = P_1 \cap r.$$

A função fecundação recebe dois cromossomos e retorna o conjunto de genes dominantes entre todos os genes dos cromossomos fornecidos.

**Definição 4.2.2.5** *Fecundação* - A fecundação é uma função *fec* do seguinte tipo:

$$fec : C \times C \rightarrow \mathbb{P}(G)$$

$$fec(c_1, c_2) = \{g \mid \forall g_1 \in c_1 \forall g_2 \in c_2 (g = \text{domi}(g_1, g_2))\}$$

**Definição 4.2.2.6** *Cruzamento* - O cruzamento é uma função *cruz* do seguinte tipo:

$$cruz : MACHO \times FEMEA \rightarrow P$$

$$cruz(c_1, c_2) = \{c \mid c \subseteq fec(c_1, c_2)\}$$



O operador genético de mutação, definido para o GAADT, é composto pelas funções de inserção, supressão e troca, tal que os cromossomos resultantes da ação destes operadores apresentarão parte dos genes contidos no cromossomo que lhe deu origem. A operação de inserção *ins* adiciona um conjunto de genes ao cromossomo de origem.

**Definição 4.2.2.7** *Inserção* - A inserção é uma função *ins* do seguinte tipo:

$$\begin{aligned} ins : C \times \mathbb{P}(G) &\rightarrow C \\ ins(c, G_1) &= \begin{cases} c \cup G_1 & \text{se } c \cup G_1 \in AFC, \\ c & \text{caso contrário.} \end{cases} \end{aligned}$$

A operação de supressão *del* remove um conjunto de genes do cromossomo de origem.

**Definição 4.2.2.8** *Supressão* - A supressão é uma função *del* do seguinte tipo:

$$\begin{aligned} del : C \times \mathbb{P}(G) &\rightarrow C \\ del(c, G_1) &= \begin{cases} c - G_1 & \text{se } c - G_1 \in AFC, \\ c & \text{caso contrário.} \end{cases} \end{aligned}$$

A operação de troca *troc* remove um conjunto de genes do cromossomo de origem e lhe adiciona outro conjunto de genes.

**Definição 4.2.2.9** *Troca* - A troca é uma função *troc* do seguinte tipo:

$$\begin{aligned} troc : C \times \mathbb{P}(G) \times \mathbb{P}G &\rightarrow C \\ troc(c, G_1, G_2) &= \begin{cases} (c \cup G_1) - G_2 & \text{se } c \cup G_1 \in AFC \wedge (c \cup G_1) - G_2 \in AFC, \\ c \cup G_1 & \text{se } c \cup G_1 \in AFC \wedge (c \cup G_1) - G_2 \notin AFC, \\ c - G_2 & \text{se } c \cup G_1 \notin AFC \wedge c - G_2 \in AFC, \\ c & \text{se } c \cup G_1 \notin AFC \wedge c - G_2 \notin AFC. \end{cases} \end{aligned}$$

**Definição 4.2.2.10** *Mutação* - A mutação é um predicado  $mut \subseteq \mathbb{P}(P)$ , tal que:

$$mut(c_1) = \{c_2 \mid \exists G_1, G_2 : \mathbb{P}(G)((\#G_1 \leq \#c_1 \text{ div } 2) \wedge (\#G_2 \leq \#c_1 \text{ div } 2) \wedge (troc(c_1, G_1, G_2) = c_2) \wedge (adapt(c_2), adapt(c_1)) \in maior\mathbb{Q})\}$$

A restrição  $(adapt(c_2), adapt(c_1)) \in maior\mathbb{Q}$  garante que todo cromossomo-mutante é mais adaptado do que o cromossomo que lhe deu origem. E a limitação do número de genes que podem ser alterados do cromossomo no cromossomo-mutante em cinquenta por cento do tamanho do cromossomo fornecido deve-se ao fato de que se as mutações ocorridas em um cromossomo de uma dada espécie forem muito grandes, então este cromossomo seria repellido pelos cromossomos da sua espécie, por não ser considerado mais um igual a estes.

### 4.2.3 Ambiente

Em um algoritmo genético as características de um ambiente irá ditar como as populações de cromossomos irão evoluir. Um ambiente  $A$  é uma 8-tupla

$\langle P, \mathbb{P}, Rq, AFG, AFC, Tx, \Sigma, P_0 \rangle$ , onde:

- $P$  é a população,
- $\mathbb{P}$  é o conjunto potência de  $P$ ,
- $Rq$  é o conjunto dos requisitos<sup>2</sup> do problema que influenciam a genealogia da população  $P$ ,
- $AFG$  é o conjunto de axiomas de formação dos genes dos cromossomos da população  $P$ ,
- $AFC$  é o conjunto de axiomas de formação dos cromossomos da população  $P$ ,
- $Tx$  é o conjunto de pares de cromossomos  $(x, y)$ , onde  $x$  é um cromossomo construído a partir do cromossomo  $y$ , pela ação da operação de cruzamento ou mutação, registrando desta forma a genealogia dos cromossomos pertencentes às populações geradas pelo GAADT durante a sua execução,
- $\Sigma$  é o conjunto de operadores genealógicos que atuam sobre a população  $P$ ,
- $P_0$  é uma sub-população pertencente a  $\mathbb{P}(P)$ , chamada de população inicial, com no mínimo um cromossomo.

O processo de evolução darwinista (Darwin, 2004) é induzido pelas alterações ambientais produzidas pela natureza, onde, segundo o processo, todas as espécies desenvolveram-se a partir de outras espécies pela transmissão hereditária de pequenas variações e em sucessivas gerações, resultando na sobrevivência das espécies que melhor adaptaram-se ao ambiente. Este papel desempenhado pela natureza é representado pelo GAADT, que é quem submete os cromossomos de uma população à ação dos requisitos do problema  $Rq$ , resultando assim na geração de novos cromossomos a partir daqueles já existentes.

### 4.2.4 O Algoritmo

O GAADT é uma função  $GAADT$  que recebe a população  $P_0$  e, depois de submetê-la à simulação de um processo evolutivo, devolve uma população  $P_t$ . Os cromossomos da população  $P_t$  são os cromossomos das populações  $P_0, P_1, \dots, P_{t-1}$  que ainda satisfazem os requisitos do problema  $Rq$ , ou então são novos cromossomos resultantes da ação genealógica das operações de cruzamento e mutação sobre os cromossomos da população  $P_{t-1}$

---

<sup>2</sup>características expressas através de fórmulas numa linguagem de primeira ordem

que apresentam adaptação maior do que a adaptação dos cromossomos que lhes deram origem. Diz-se então que a população  $P_t$  evoluiu da população  $P_0$ .

Os cromossomos das populações  $P_0, P_1, \dots, P_{t-1}$  que não mais satisfaçam os requisitos do problema  $Rq$  não participarão da construção da população  $P_t$ , podendo ser assim entendidos como fazendo parte da população de cromossomos "mortos", que não figurarão entre os cromossomos da população  $P_t$  e das populações seguintes manipuladas pela função  $GAADT$ . Não obstante, tais cromossomos serão recuperados pela análise da taxonomia  $Tx$  dos cromossomos da população atual para evitar que eles apareçam novamente nas próximas iterações da função  $GAADT$ . Esta restrição atende ao entendimento do processo de evolução darwinista, que não contempla a possibilidade de uma espécie extinta voltar a aparecer num outro momento futuro.

Os critérios de parada adotados pela função  $GAADT$  são o número máximo de iterações desejadas e o valor da adaptação dos cromossomos considerado satisfatório para o resultado do problema em análise. Estes critérios também fazem parte do conjunto de requisitos do problema  $Rq$ .

**Definição 4.2.4.1** ( $GAADT$ ) - *O  $GAADT$  é uma função  $GAADT$  do seguinte tipo:*

$$GAADT : A \rightarrow A$$

$$GAADT(P_t) = \begin{cases} P_{otm} & \text{se } P_{otm} = \{c | \forall c : P_t(adapt(c) \geq k)\} \neq \emptyset, \\ P_{t+1} & \text{se } t + 2 = T, \\ GAADT(P_{t+1}) & \text{caso contrário.} \end{cases}$$

onde  $P_{t+1} = cruz(a, b) \cup mut(c) \cup p_{corte}(P_t)$  e  $a, b, \in P_t, P_0$  é a população inicial considerada,  $k \in K$  é um valor imposto pelo ambiente  $A$  como critério de aceitação de cromossomos em  $P_t$  que satisfazem o problema e  $T \in \mathbb{N}$  é um número dado como critério de satisfação do número de iterações.

### 4.3 O GAADT para o problema

O GAADT foi proposto com o objetivo de ser aplicado a diferentes problemas, a qualidade dos resultado encontrado depende da especificação dos tipos abstratos manipulado por este algoritmo, da adequação dos operadores genéticos e das restrições importas pelo ambiente. Portanto, o GAADT, quando instanciado para um problema particular, deve preservar todas as suas propriedades fundamentais. Segundo (Vieira, 2003) a metodologia para modelar os requisitos do problema é baseada em 7 passos:

1. Examinar o problema, com o objetivo de determinar qual a natureza da solução

- requerida no sentido de orientar a escolha metafórica dos tipos básicos: base, gene e cromossomo;
2. Formar a população inicial  $P_0$ ;
  3. Definir as funções grau de adaptação do gene  $grau$  e peso do gene no cromossomo  $\Theta$ , e a relação  $atributoRelevante$ ;
  4. Definir os elementos de  $Rq$  ( $F, M$  e  $r$ ) usados pela função  $cruz$  de acordo com o problema;
  5. Definir os elementos de  $Rq$  ( $p_{corte}$ ,  $t$  e  $k$ ) utilizados pela função  $GAADT$ ;
  6. Construir o algoritmo;
  7. Verificar os eventuais ajustes relativos à verificação dos tipos manipulados pelas funções, relações e operações manipuladas pela função  $GAADT$ , e a modelagem do problema através da definição dos componentes do ambiente.

### 4.3.1 Tipos Básicos

O tipo base para a construção de um detector de ondas a partir das informações registradas no exame de ECG é o conjunto  $B_{Pontos}$  formado pelos períodos do ECG para cada derivação, o conjunto  $B_{Nomes}$  e o conjunto  $B_\lambda$  contendo as derivações inócuas.

**Definição 4.3.1.1** (*Base*) - O tipo abstrato base  $B = B_{Pontos} \cup B_{Nomes} \cup B_\lambda$ .

Os elementos do conjunto  $B_{Pontos}$  são pares ordenados  $X = (x, y)$ , onde  $X \in \mathbb{N} \times \mathbb{R}$ , que irão conter valores a partir dos quais será possível extrair as propriedades morfológicas das ondas do ECG (amplitude, intervalos e duração) usadas no processo de identificação das ondas. Os pares ordenados da amostra do eletrocardiograma do *MIT-BIH Database* foram extraídos com um intervalo de distância  $t = 0.0083s$ . O conjunto  $B_{Nomes}$  é o conjunto  $\{P, QRS, T\}$ , o qual contém todas as ondas que poderão ser detectadas no exame de ECG. O conjunto  $B_\lambda$  é formado pelo elemento  $\lambda$ , que representa o simbolo vazio.

As características (genes) relevante para o problema tratado nessa dissertação são as ondas que fazem parte de uma mesma derivação registrada pelo ECG. O conjunto que representa estas ondas é o  $G_{Ondas}$ , o qual é formado pela junção dos conjuntos da base ( $B$ ). Os elementos do conjunto  $G_{Ondas}$  contém valores a partir dos quais será possível extrair as propriedades morfológicas das ondas do ECG (amplitude, duração e intervalos) usadas no processo de detecção. A estrutura adotada para os elementos do conjunto  $G_{Ondas}$  é  $onda_i = (nome, (x^-, y^-), (x^p, y^p), (x^+, y^+))$ , onde  $i \in B_{Nomes}$ ,  $nome \in B_{Nomes}$  e  $(x^-, y^-), (x^p, y^p), (x^+, y^+) \in B_{Pontos}$ .

Por exemplo, se um gene representasse o complexo QRS mostrado na figura 4.1 (onde o ponto  $S$  é o ponto inicial da onda,  $M$  é o ponto máximo e  $F$  o final), o gene resultante seria  $g = (QRS, (x_s, y_s), (x_m, y_m), (x_f, y_f))$ .

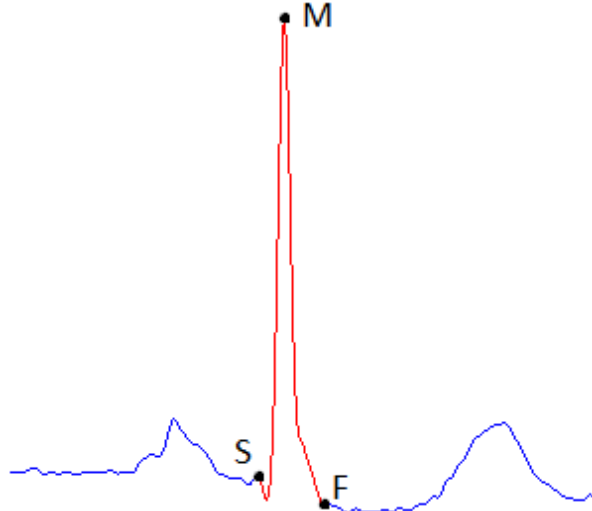


Figura 4.1: Localização em uma amostra de onda de um complexo QRS com os pontos S, M e F, os quais são responsáveis pela determinação das informações das ondas.

A interpretação adotada para os elementos  $onda_i$  é: *nome* é o nome da onda;  $x^-$  é o menor valor da coordenada  $x$  para a onda;  $x^p$  é o valor da coordenada  $x$  para o pico da onda;  $x^+$  é o maior valor da coordenada  $x$  para a onda;  $y^-$  é o valor de coordenada  $y$  para a onda durante  $x^-$ ;  $y^p$  é o valor da coordenada  $y$  para o pico da onda; e  $y^+$  é o valor da coordenada  $y$  para a onda *onda* durante  $x^+$ . Quando em um do ECG não for registrada uma dada onda durante um determinado período o parâmetro *nome* dessa onda recebe o valor  $\lambda$ .

**Definição 4.3.1.2** (*Gene*) - O tipo abstrato gene  $G$  é um conjunto de todas as ondas  $\langle b_1, b_2, b_3, b_4 \rangle$  formadas pelos elementos do tipo abstrato base, conforme descrito na Definição 4.3.1.1, e que satisfaz ao conjunto AFG.

Os axiomas do conjunto AFG estabelecem que:

- a base  $b_1 \in B_{Nomes}$ .
- as bases  $b_2, b_3, b_4 \in B_{Pontos}$ .
- para todo gene  $g = \langle b_1, b_2, b_3, b_4 \rangle$ , o par ordenado  $b_2$  deve ser de um ponto cuja ocorrência se deu em um período de tempo inferior ou igual ao do par ordenado  $b_3$  no ECG, ou seja,  $afg_1 = \forall g = \langle b_1, b_2, b_3, b_4 \rangle \in G, x^- \leq x^p$ .
- para todo gene  $g = \langle b_1, b_2, b_3, b_4 \rangle$ , o par ordenado  $b_3$  deve ser de um ponto cuja ocorrência se deu em um período de tempo inferior ou igual ao do par ordenado  $b_4$  no ECG, ou seja,  $afg_2 = \forall g = \langle b_1, b_2, b_3, b_4 \rangle \in G, x^p \leq x^+$ .

O conjunto gene inócua ( $G_\lambda$ ) é formado pelas bases  $g_\lambda = \langle b_1, b_2, b_3, b_4 \rangle$  tais que  $b_1 = b_2 = b_3 = b_4 = \lambda$ . Os elementos deste conjunto serão representados por  $g_\lambda$ . Deve-se observar que os elementos do conjunto  $G_\lambda$  satisfazem ao  $AFG = \{afg_1, afg_2\}$  como exigido pelo *GAADT*.

O cromossomo irá representar um período do ECG, o qual, para o problema tratado neste trabalho, será representado pelo conjunto  $C_{Periodo}$  que é composto pela união das ondas P, complexo QRS e T.  $C_{Periodo}$  é formado pela tripla ( $onda_P, onda_{QRS}, onda_t$ ), ou seja, é uma estrutura contendo todas as ondas que podem ser detectadas no exame de ECG. Os termos desta tripla podem ser substituídos da seguintes forma:

- $onda_{P_i}$  por  $(P_i, (x_{P_i}^-, y_{P_i}^-), (x_{P_i}^p, y_{P_i}^p), (x_{P_i}^+, y_{P_i}^+))$ ;
- $onda_{QRS_i}$  por  $(QRS_i, (x_{QRS_i}^-, y_{QRS_i}^-), (x_{QRS_i}^p, y_{QRS_i}^p), (x_{QRS_i}^+, y_{QRS_i}^+))$ ; e
- $onda_{T_i}$  por  $(T_i, (x_{T_i}^-, y_{T_i}^-), (x_{T_i}^p, y_{T_i}^p), (x_{T_i}^+, y_{T_i}^+))$ ;

**Definição 4.3.1.3** (*Cromossomo*) - O tipo abstrato cromossomo  $C$  é um conjunto de todos os genes construídos conforme descrito na Definição 4.3.1.2 que obedece às condições estabelecidas pelo *AFC*.

Assim, o conjunto de *AFC* é especificado como:

- as ondas devem ocorrer na sequência onda P, complexo QRS e onda T ( $C_{Periodo}$ ).
- a não ocorrência de uma onda será pela substituição do gene destinado a onda ausente pelo gene inócua.
- os intervalos de ocorrência das ondas não se interceptam, ou seja,  $x_{onda_P}^+ \leq x_{onda_{QRS}}^-$  e  $x_{onda_{QRS}}^+ \leq x_{onda_T}^-$
- para um dado período não pode existir ondas do mesmo tipo, ou seja,  $afc_1 = (\forall c \in C(\forall (g_{1i}, g_{2i}), nome^{g_{1i}} \neq nome^{g_{2i}}))$ , onde *nome* é uma função que retorna o valor da base do gene que armazena o nome da onda ( $b_1$ ).

O conjunto cromossomo inócua, denotado por  $C_\lambda$ , é formado por todos os conjuntos de genes inócua, que satisfazem as restrições do *AFC*. Os elementos deste conjunto serão representados por  $c_\lambda$ .

A população é formada pelo conjunto de cromossomos que compõem um dado exame eletrocardiográfico.

**Definição 4.3.1.4** (*População*) - O tipo abstrato população  $P$  é o conjunto de todos os cromossomos construídos conforme descrito na Definição 4.3.1.3.

### 4.3.2 Operadores Genéticos

Assim como a especificação dos tipos abstratos dados: base, gene, cromossomo e população, preservaram as exigências contidas na definição do GAADT. A especificação das funções e relações necessárias para o cálculo da função GAADT deve atender a todas pré-condições de sua definição original apresentada. Serão apresentadas as definições das funções e relações cuja especificação para o presente problema é mais concreta do que a definição original, ficando subtendido que as funções e relações que não forem re-definidas nesta seção irão preservar sua definição original.

Dado uma onda  $Onda_o$  do ECG do paciente, e os limites padrões de altura e largura para esta onda. A função  $comparaOnda$  retorna *Verdade* se a onda estiver dentro do intervalo para a altura e largura fornecidos, caso contrário ela retorna *FALSO*.

**Definição 4.3.2.1** (*Compara Onda*) - A função  $comparaOnda$  é formalmente definida como:

$$comparaOnda : B_{Onda} \times \mathbb{R} \times \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{B}$$

$$comparaOnda(onda_o, X, Y) = \begin{cases} Verdade & se((x_o^+ - x_o^-) \leq X) \wedge \\ & (((y_o^+ \geq y_o^-) \wedge ((y_o^p - y_o^-) \leq Y)) \vee \\ & ((y_o^+ \leq y_o^-) \wedge ((y_o^p - y_o^+) \leq Y))) \\ Falso & caso contrário \end{cases}$$

onde  $o \in \{P, QRS, T\}$ , e  $\mathbb{B}$  é o conjunto dos valores Booleano.

O grau de adaptação do cromossomo para a detecção das ondas deve considerar se a altura e largura das ondas P, T e do complexo QRS estão representados no gene fornecido. Para cada onda do cromossomo que atender a esta verificação deve ser somado mais um ao seu grau de adaptação. Logo para calcular o grau de adaptação do cromossomo é preciso primeiro definir uma função para retornar os padrões das ondas.

Dado um cromossomo  $c = \{g_1, g_2, g_3\}$  e um formato padrão da onda  $a$ , a função  $padrao$  retorna o valor 1 se uma das propriedades de  $g$  atendem as propriedades métricas cadastradas para a onda  $a$ , e zero caso contrário.

**Definição 4.3.2.2** (*Padrão*) A ocorrência ou não de uma onda em um dado período do ECG é fornecido pela função  $padrao$  do seguinte tipo:

$$padrao(c, o) = \begin{cases} 1 & se (P \in ondaP(o, \mathbb{I}) \implies comparaOnda(onda_P, Y, X)) \wedge \\ & (QRS \in ondaQRS(o, \mathbb{I}) \implies comparaOnda(onda_{QRS}, Y, X)) \wedge \\ & (T \in ondaT(o, \mathbb{I}) \implies comparaOnda(onda_{R1}, Y, X)) \\ 0 & caso contrário \end{cases}$$

onde  $c = \langle g_1, g_2, g_3 \rangle$  e  $\mathbb{I}$  contém os nome de todas as ondas.

**Definição 4.3.2.3** (*Grau*) *O grau de adaptação de um gene é uma função grau do seguinte tipo:*

$$\text{grau} : G \rightarrow \mathbb{R} \quad \text{adapt}(g) = \sum_{a \in \mathbb{I}} \text{padrao}(g, o)$$

onde  $\mathbb{I}$  contém o nome de todas as ondas cadastradas no sistema.

O peso atribuído a um gene  $g_i$  de um cromossomo é igual a  $j + 1$ , onde  $j$  é o número de ondas cujas características atendem aos padrões. Por exemplo, caso um cromossomo tenha sido formado por genes que atendem às especificações das ondas P, T e complexo QRS, então a função *grau* irá retornar 1 para cada gene deste cromossomo e a adaptação total do cromossomo será igual a 3.

A especificação do GAADT para a detecção de ondas trabalha com os operadores genéticos de cruzamento e mutação entre cromossomos adjacentes, ou seja, cromossomos que sejam vizinhos no espaço temporal. O cruzamento ocorre quando é encontrado um cromossomo que possui pelo menos um gene inócuo, onde é então gerado um novo cromossomo com o gene inócuo substituído por um gene do cromossomo vizinho. Esta operação permite que erros ocorridos na detecção das ondas e/ou no agrupamento dos genes para a formação dos cromossomos sejam corrigidos, como mostra a figura 4.2.

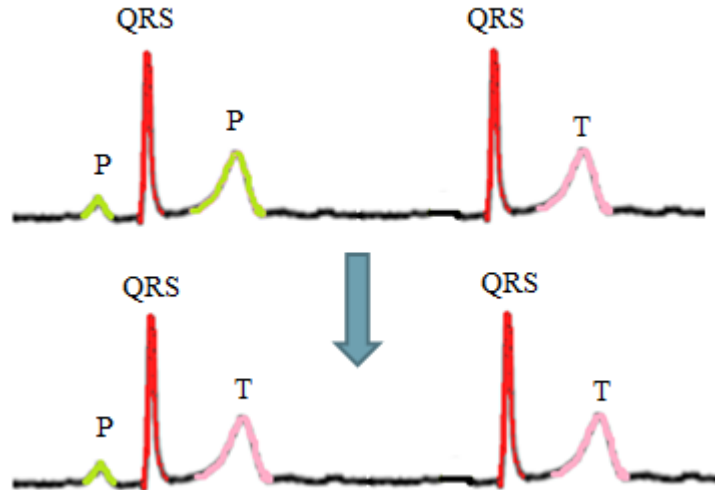


Figura 4.2: Operação de cruzamento realizada em dois cromossomos.

Melhorias que podem ser obtidas pela operação de cruzamento e estas serão percebidas no algoritmo através das somas das adaptações dos cromossomos. Por exemplo, na figura 4.2, antes da atuação do operador genético a soma das adaptações dos genes de ambos os cromossomos resultava no valor 4, o qual passou a ser 5 após a operação de cruzamento e que conseqüentemente resultou em uma população com uma adaptação superior. Quando os cromossomos pais são menos adaptados que os cromossomos filhos, eles serão substituídos por seus descendentes.



A mutação irá ocorrer ocasionalmente em cromossomos que possuam pelo menos um gene com adaptação igual a 0. Esta operação consistirá em uma troca de nomes dos genes para tentar aumentar adaptação resultante dos cromossomos, vide figura 4.3. Esta operação também foi concebida para tentar corrigir possíveis erros na detecção das ondas.



Figura 4.3: Exemplo de troca de nomes realizada na operação de mutação.

O parâmetro  $p_{corte}$  é a adaptação média da população atual. O critério de parada por valor de adaptação aceitável para o cromossomo mais adaptado não foi usado e o critério de parada número de iterações desejadas considerado neste trabalho foi 100. A população inicial considerada é formada por cromossomos contendo todos os genes que foram detectados de forma pré-liminar, processo descrito na sessão 5.2.

# Capítulo 5

## O Sistema

Este capítulo possui três seções. A primeira (5.1) traz uma breve introdução com justificativas para a escolha das ferramentas adotadas na implementação deste trabalho. A segunda seção (5.2) irá apresentar uma introdução que contém as justificativas para a escolha dos algoritmos e ferramentas adotadas na metodologia aplicada no desenvolvimento do trabalho. A terceira e última seção (5.3) apresenta os resultados obtidos com diferentes configurações do algoritmo.

### 5.1 Introdução

O projeto implementado neste trabalho utilizou a plataforma de desenvolvimento *MatLab* (The MathWorks, 2011a) e a base de dados *MIT-BIH Database* (MIT, 2005). O algoritmo desenvolvido faz uso do GAADT, descrito em (Vieira, 2003), para encontrar os sinais. A validação do algoritmo foi feita comparando os resultados obtidos do algoritmo proposto com o de publicações que utilizadas no levantamento bibliográfico (Melo et al., 2011).

#### 5.1.1 MatLab

O MatLab foi usado no trabalho por ser um software que possui uma grande variedade de funcionalidades já implementadas para auxiliar no processamento de sinais, como por exemplo o pacote *Signal Processing Toolbox* (The MathWorks, 2011b), que é um pacote de funções desenvolvidas para ajudar no processamento digital de sinais. Além disto ele integra análise numérica, cálculo com matrizes, processamento de sinais e a criação e manipulação de gráficos científicos em um ambiente de fácil uso.

O sistema desenvolvido possui uma interface gráfica para facilitar o controle do processamento que está sendo feito e também a visualização dos resultados obtidos. A tela inicial possui algumas opções para personalização do tipo de processamento e da forma de visualização dos resultados para o processamento a ser efetuado sobre uma dada amostra de sinal do ECG, como a escolha da forma como as derivações são mescladas e também

a delimitação dos limites dos eixos  $y$  e  $x$  para melhorar a visualização do sinal, ver figura 5.1 e 5.2.

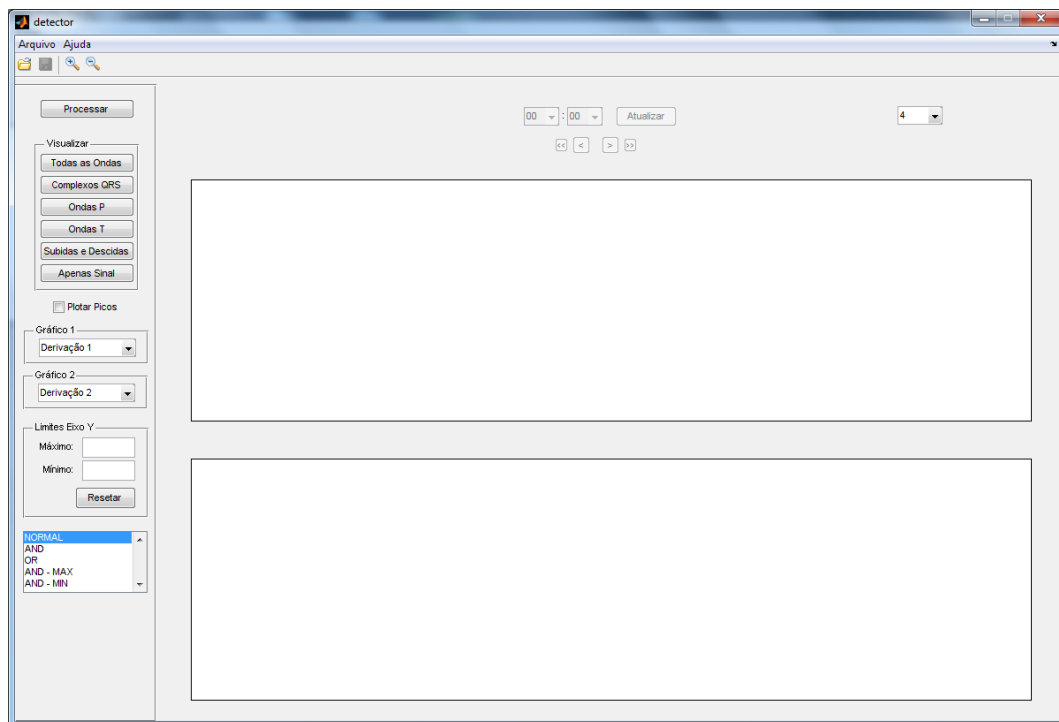


Figura 5.1: Tela inicial do sistema

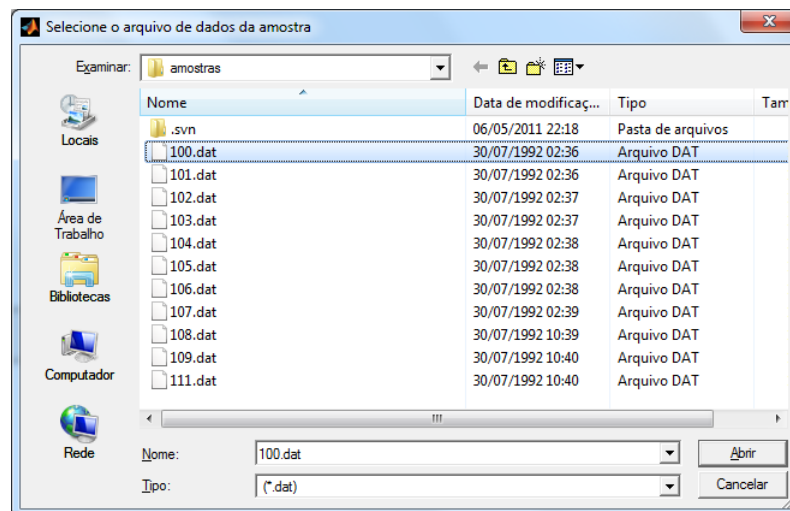


Figura 5.2: Janela para escolha da amostra que será submetida ao processamento

### 5.1.2 MIT-BIH Database

Um dos motivos para a escolha desta base foi a quantidade de referências encontradas citando a mesma, além dos fatos de ela ser distribuída gratuitamente pela *PhysioNet* (PhysioNet/MIT, 2010a) e a existência de uma ferramenta distribuída pelo mantenedor da base de dados que auxilia na manipulação dos dados (PhysioNet/MIT, 2010b). O módulo desta ferramenta utilizado foi o *WFDB Toolbox for MatLab* (PhysioNet/MIT, 2003), devido à linguagem de programação adotada para a implementação do trabalho.

A referida base de dados consiste de 48 registros de exame ECG com duração de trinta minutos e amostrados a uma frequência de 360 Hz a uma resolução de  $4,88 \mu V$  sobre uma faixa de variação de  $10 mV$ . Ao todo existem 109.662 complexos QRS nesta base de dados. Enquanto alguns registros contêm pontos fiduciais de QRS bastante nítidos e poucos artefatos (e.g. registros 100 e 105), para outros registros a detecção dos complexos QRS se torna uma tarefa mais difícil devido às morfologias anormais, aos mais diversos tipos de ruído e artefatos (e.g. registros 108 e 207). É importante destacar que esta base de dados contém anotações manuais feitas por especialistas das posições dos pontos fiduciais de QRS.

A figura 5.3 apresenta uma das amostras que foi obtida pelo *MIT-BIH Database* e carregada no ambiente desenvolvido por este trabalho.

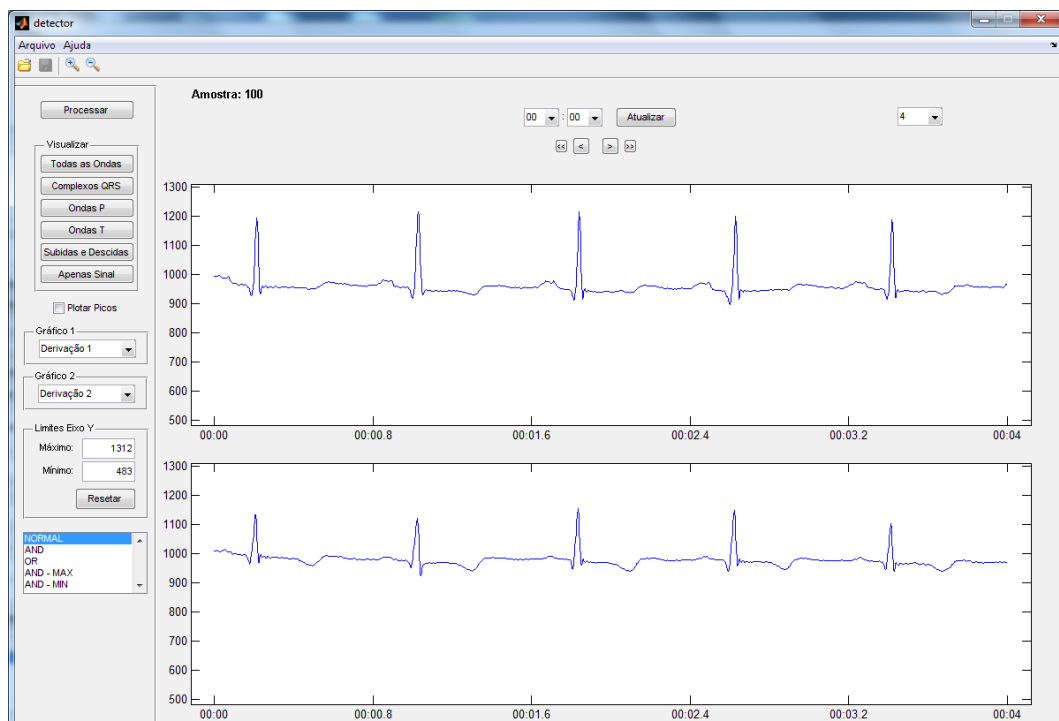


Figura 5.3: Amostra de número 100 que foi carregada no sistema e obtida através do *MIT-BIH Database*.

### 5.1.3 GAADT

O algoritmo genético baseado em tipos abstratos de dados foi escolhido para ser utilizado como o algoritmo de busca neste projeto pelo motivo de não ter sido encontrado alguma menção no meio científico sobre a utilização deste algoritmo para o problema abordado neste trabalho. Resolvemos então adotá-lo com o intuito de descobrir a eficácia deste algoritmo para este problema.

Outro fato que também ajudou na escolha deste algoritmo em detrimento de outros foi a de que nele a representação do cromossomo é baseada em dois tipos abstratos de dados, o gene e a base, os quais conferem ao cromossomo a flexibilidade de modelar diferentes estruturas de dados dependendo do modo como estes tipos forem especificados para o problema.

## 5.2 Descrição dos Módulos do Sistema

O sistema foi dividido em dois grandes módulos, onde um ficou encarregado de controlar as interações do usuário com a interface gráfica do programa e o outro foi preparado para gerir o processamento do algoritmo desenvolvido. Ambos os módulos foram implementados no MatLab e utilizam o *software WFDB para o MatLab* do MIT para fazer a manipulação dos dados obtidos da base de dados extraída do *MIT-BIH database*.

Na interface gráfica foram definidas duas grandes áreas para exibição dos dados do ECG e alguns botões para facilitar a interação com o usuário do sistema e a visualização dos dados processados. Entre estas funcionalidades existem botões para ações básicas, como abrir o arquivo da amostra, salvar os resultados, alterar a posição do tempo da visualização dos dados, ampliar e reduzir o zoom sobre os dados exibidos e encerrar o programa. Já para a visualização dos resultados existem botões que fazem ações como escolher as derivações do ECG, fazer a alternância entre os tipos de resultados a serem visualizados, mostrar os picos das ondas e optar por quais tipos de ondas que serão exibidos. Estes detalhes do sistema, assim como alguns outros, podem ser visualizados na figura 5.1.

O processamento do algoritmo detector de ondas tem a finalidade de percorrer o ECG e encontrar as ondas P, T e os complexos QRS. A metodologia utilizada para o desenvolvimento do algoritmo descrito neste trabalho consiste em dividir toda a amostra em pequenos intervalos, fazer uma varredura do sinal eletrocardiográfico para localizar todos os intervalos relevantes e, por fim, fazer os tratamentos destes intervalos formando as ondas.

Antes de iniciar a execução do algoritmo genético é feita uma preparação dos dados de ambas as derivações obtidas pela amostra aberta para que sejam gerados os genes que irão compor as informações do GAADT. Esta etapa de pré-processamento foi reali-

zada de duas formas a fim de se verificar o impacto do uso de um filtro passa-baixa no processamento dos dados. Portanto, foram simulados os mesmos processos com e sem o filtro no pré-processamento.

O pré-processamento, com ou sem o uso do filtro, faz a preparação dos dados identificando os intervalos de subida e descida das ondas. Para isto foi estabelecido um valor de limiar que é calculado através da média dos valores nas variações das voltagens das duas derivações da amostra e entre pontos separados por um período de 8,34 ms. Este valor de limiar serve para eliminar as pequenas variações que não chegam a formar um intervalo de subida ou descida significativa para o problema.

A determinação das ocorrências dos declives do sinal é feita através de uma comparação entre os valores dos pontos do sinal. Quando a diferença entre a voltagem de um ponto e seu ponto anterior for negativa e possuir um valor absoluto maior do que o limiar estabelecido, os pontos estarão fazendo parte de um trecho de descida. Para a subida é feita a mesma comparação, porém a diferença deverá ser positiva e também superior ao limiar. Os declives encontrados e que são separados por curtos espaços de tempo são agrupados, caso possuam o mesmo sentido. No final deste processo é feita uma limpeza dos intervalos de inclinação que possuem uma duração muito curta e que não irão interferir no processamento para a detecção das ondas. A figura 5.4 apresenta o resultado desta operação com nas duas derivações da amostra de número 100.

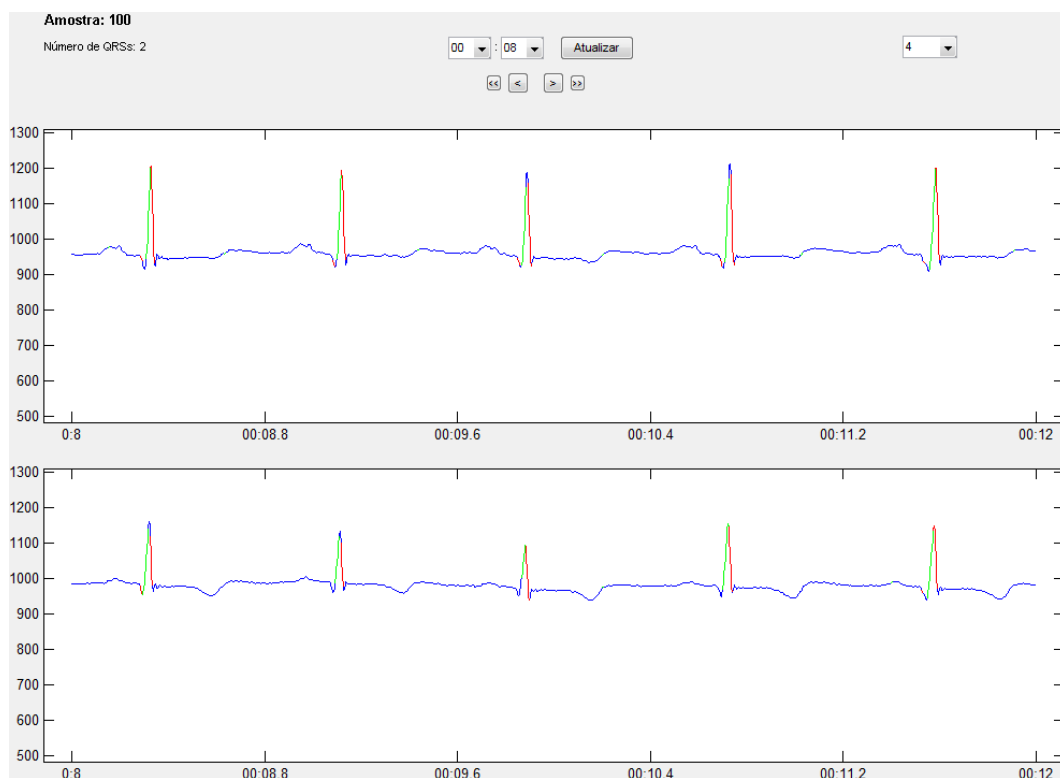


Figura 5.4: Intervalos de subida (em verde) e descidas (em vermelho) obtidos pelo pré-processamento realizado em ambas as derivações de uma amostra carregada no sistema detector de ondas.

Após o pré-processamento começamos a primeira etapa do processamento que consiste em realizar a busca apenas dos complexos QRS. O método adotado foi fazer a junção de intervalos com sentidos diferentes e afastados por um curto espaço de tempo, o que caracteriza a ocorrência de uma onda. As ondas formadas são comparadas para verificar se a amplitude da onda, determinada pela diferença entre a voltagem máxima e a mínima ocorridas dentro do espaço de tempo da onda, atende a uma amplitude compatível com a de um complexo QRS para aquele tipo de derivação. As ondas que não atendem a este requisito são eliminadas e as que sobram irão sofrer novas verificações até o processamento do algoritmo genético ser completado, incluindo a verificação de outras características além da amplitude, como a distância entre as ondas formadas e a duração da onda. Após este processo verificamos que as ondas resultantes constituem-se basicamente de complexos QRS e eles serão armazenados em uma lista ordenada pelo tempo de ocorrência de cada complexo.

Uma rotina foi desenvolvida para extrair da lista de complexos QRS informações que serão cruciais para as demais etapas de detecção. Entre estas informações estão os pontos de início, pico e término de cada complexo QRS, a duração, a amplitude e a distância entre os complexos adjacentes.

Após a descoberta dos complexos QRS é dado início a varredura que irá tentar identificar todas as ocorrências das ondas P e T. A forma adotada para detectá-las foi fazer uma divisão em seis partes do segmento que separa dois complexos QRS e fazer uma busca pelos picos de voltagem de cada parte. Das seis partes são escolhidas apenas os dois maiores picos e a partir deles são feitas tentativas de se gerar ondas, que seriam as prováveis ondas P e T. O algoritmo genético fará a análise e as verificações até formar estas ondas e chegar a um resultado que não eleve o nível de adaptação das ondas. A onda P será a onda mais próxima do último cromossomo QRS e a onda T será a mais próxima do primeiro. Após este procedimento, o processamento da amostra estará finalizado.

Assim como foi feito com os complexos QRS, foram geradas duas listas para armazenar as ondas detectadas de cada tipo diferente. Estas listas também são submetidas a uma rotina que identifica as mesmas informações extraídas dos complexos QRS, como o pico e a duração. As três listas irão conter os resultados do processamento e serão armazenadas de uma forma congruente para identificar as ondas de um mesmo período sem necessitar de procedimentos extras. A forma como os dados resultantes destas operações são apresentados ao usuário podem ser visualizados nas figuras 5.5 e 5.6, onde na figura 5.6 além das ondas foram marcados os picos de cada tipo de onda.

O processamento para detecção das ondas irá ser submetido a todas as derivações da amostra aberta, e, de acordo com o estudo a ser feito, irá ser também submetido às diferentes combinações das derivações. As combinações realizadas foram feitas utilizando a diferença de voltagem nas duas derivações com as operações *E*, *OU*, *MÁXIMO* e *MÍNIMO*.

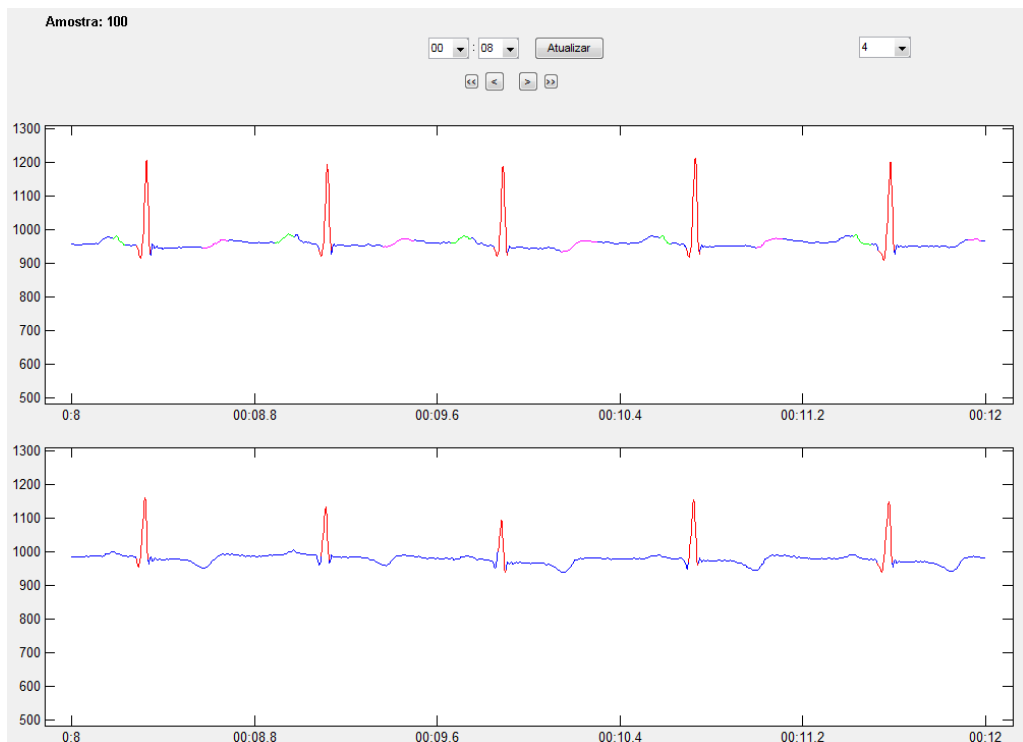


Figura 5.5: Ondas detectadas pelo sistema utilizando o registro de número 100 do *MIT-BIH database*. Cada cor representa um tipo de onda, sendo o vermelho destinado ao complexo QRS, a cor magenta para a onda P e a azul para a onda T.

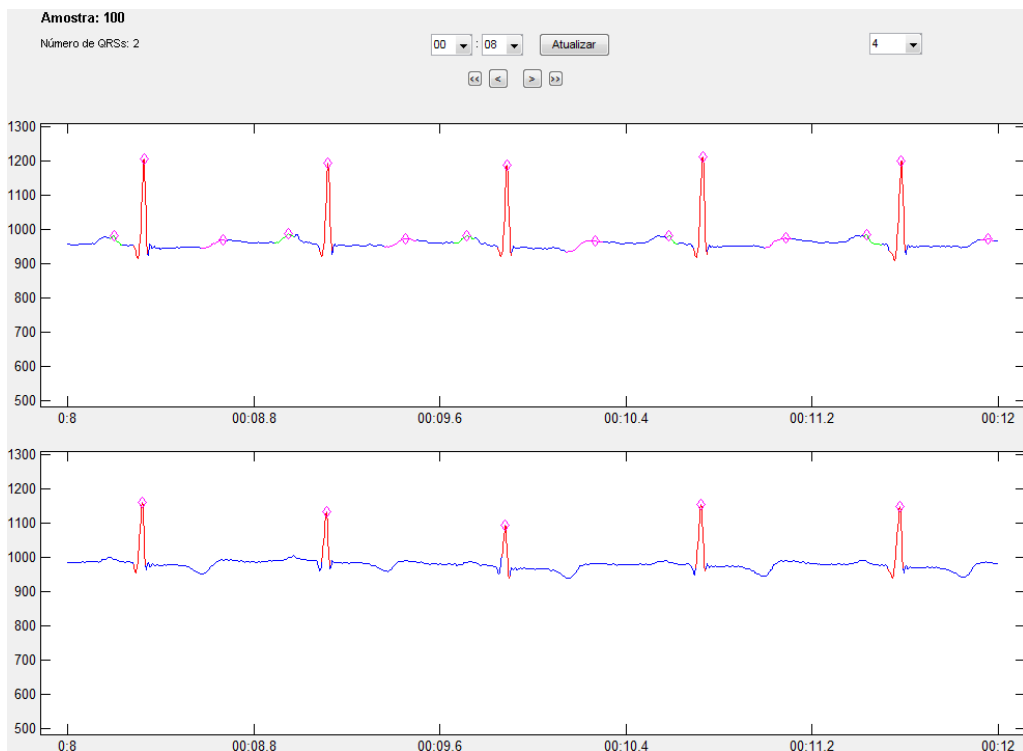


Figura 5.6: Marcação dos picos nas ondas detectadas pelo sistema utilizando o registro de número 100 do *MIT-BIH database*. Cada cor representa um tipo de onda, sendo o vermelho destinado ao complexo QRS, a cor magenta para a onda P e a azul para a onda T.



## 5.3 Resultados

Os resultados dos processamentos das amostras foram analisados para verificar se a taxa de erro do detector é satisfatória ou se o algoritmo irá precisar de melhorias para diminuir os erros.

Nas primeiras tentativas de execução do algoritmo foram identificados pontos que precisavam de ajustes devido a alta taxa de ruídos de algumas amostras que estavam elevando de forma considerável a quantidade de erros apresentadas nos resultados. Devido a este fato passamos a adotar no pré-processamento o uso do filtro para amenizar estes ruídos, além de outras medidas.

Um dos ajustes feitos se deu pelo fato de que os intervalos de declive que possuíam um intervalo muito curto de duração estavam muito presentes e não contribuíam para a formação dos complexos QRS, mas elevavam de forma considerável o tempo de execução do processamento para a determinação dos complexos, o que fez com que adotássemos a medida de excluí-los logo na fase inicial do pré-processamento. A medida adotada melhorou o tempo de execução do algoritmo e não aumentou a taxa de erro dos resultados.

Outra correção feita no algoritmo foi a implantação de um limpador de serrilhamentos que foi realizada através da divisão de grandes trechos de intervalos de subida e descida em grupos com intervalos menores, onde cada um destes grupo foi submetido a uma busca por trechos serrilhados no seu início e término, impedindo que boa parte dos complexos QRS encontrados estivessem com um comprimento muito além do real.

Após a fase de ajustes foram feitas as análises com base na morfologia das ondas encontradas. A interpretação dos resultados foi feita de forma visual e cada onda foi interpretada como corretamente detectada, falso positivo ou falso negativo. A classificação da onda como correta se devia ao fato de suas características atenderem a padrões morfológicos estabelecidos nos levantamentos realizados no embasamento científico para o problema. Já o falso positivo e o falso negativo são erros que indicam, respectivamente, que uma onda detectada pelo algoritmo na verdade não existe e que uma onda que existe deixou de ser detectada pelo algoritmo.

Após estes ajustes os testes foram refeitos e os reparos no algoritmo surtiram em melhorias significativas nos resultados. Algumas amostras, que antes dos ajustes estavam com taxas de muito elevadas conseguiram ser melhoradas. O filtro passa-baixa foi aplicado em todos os resultados apresentados abaixo, visto que a aplicação do algoritmo para as amostras sem o uso deste filtro incidiu em resultados muito inferiores aos obtidos com o uso do filtro.

O resultado obtido com diferentes amostras e focando apenas na detecção dos complexos QRS pode ser visto na tabela 5.1, a qual possui uma comparação dos dados obtidos antes e depois dos ajustes no algoritmo. Neste teste não foram feitas combinações entre as ondas e foi utilizada apenas a melhor derivação como base para a análise dos resultados.

Na tabela 5.2 é possível ver uma análise mais aprofundada dos erros obtidos antes dos ajustes no algoritmo, mas já com o uso do filtro.

Amostra	Perc. de erros na 1ª Análise	Perc. de erros na 2ª Análise
100	0,088	0,000
101	4,862	0,964
102	1,364	1,395
103	2,403	0,669
104	4,692	2,254
105	16,768	14,286
108	25,623	16,192
109	11,374	1,916
111	5,963	3,257

Tabela 5.1: Comparativo entre os resultados obtidos com a primeira análise feita antes de ajustes no algoritmo e a segunda análise que foi efetuada após os ajustes finais no algoritmo.

Amostra	Total QRS	Corretos	Falsos Positivos	Falsos Negativos	Erro (%)
100	2274	2272	2	0	0,088
101	1851	1761	84	6	4,862
102	2200	2170	25	5	1,364
103	2122	2071	38	13	2,403
104	2110	2011	99	0	4,692
105	2457	2045	409	3	16,768
108	1686	1254	64	368	25,623
109	2831	2509	314	8	11,374
111	2180	2050	119	11	5,963

Tabela 5.2: Resultados detalhados da detecção dos complexos QRS obtidos em análise feita antes da versão ajustada do algoritmo.

Após o segundo teste foram realizados diversos testes para se obter resultados com as mesmas amostras, porém utilizando abordagens diferentes com os dados manipulados. Para isto foram feitas combinações com as derivações das amostras e pode-se observar algumas melhorias nos resultado de algumas abordagens e piores em outras. A tabela 5.3 mostra a média das taxas de erro obtidas com as diferentes abordagens.

A análise da eficiência do algoritmo para a detecção das ondas P e T obteve resultados similares, porém sempre com taxas um pouco inferiores às encontradas para a detecção dos complexos QRS. Isto se deve ao fato de que a detecção correta das ondas P e T depende diretamente da também correta detecção dos complexos QRS. Quando um complexo QRS deixa de ser encontrado ou é erroneamente localizado, as ondas P e T deixam de ser detectadas ou são encontradas de forma incorreta. A tabela 5.4 apresenta a média das

Abordagem	Média de Erro (%)
Melhor derivação	4,548
Mesclagem das derivações - <i>E</i>	3,952
Mesclagem das derivações - <i>OU</i>	6,114
Mesclagem das derivações - <i>MAX</i>	4,372
Mesclagem das derivações - <i>MIN</i>	5,238

Tabela 5.3: Média de erros obtidas com diferentes abordagens.

taxas de erro obtidas com cada tipo de onda.

Tipo da Onda	Média de Erro (%)
Complexo QRS	4,548
Onda P	5,952
Onda T	6,114

Tabela 5.4: Média de erros obtidas com cada tipo de onda.

Os resultados obtidos foram comparados com o software *ecgpuwave* fornecido em (PhysioNet/MIT, 2008) e com os dados encontrados em (Madeiro et al., 2004). Os testes realizados com o software *ecgpuwave* geraram resultados bastante inferiores aos do algoritmo sugerido e implementado durante este trabalho. Os erros foram elevados em todas as diferentes tipos de ondas, onde, em alguns casos, a quantidade de erros foi bem superior a quantidade total de acertos.

A outra comparação feita foi com a tabela de resultados presente em (Madeiro et al., 2004). Esta comparação está presente na tabela 5.5 onde as ondas utilizadas nas análises foram os complexos QRS.

Amostra	Proposta do Trabalho (%)	(Madeiro et al., 2004) (%)
100	0,000	0,000
101	0,964	0,000
102	1,395	0,680
103	0,669	0,000
104	2,254	1,660
105	14,286	1,940

Tabela 5.5: Comparativo entre os resultados obtidos no trabalho e os apresentados em (Madeiro et al., 2004).

## Conclusão das Comparações

O algoritmo desenvolvido mostrou um desempenho aceitável, com taxas de erro próximas a de trabalhos já conceituados no meio acadêmico. As amostras que apresentaram as

maiores taxas de erro, como a amostra de número 105, apresentam sinais com um maior grau de instabilidade e precisam de um tratamento maior, o que pode ser realizado através de filtros que limpem os ruídos e normalizem o sinal para facilitar a detecção das ondas pelo algoritmo aqui proposto.

A comparação dos resultados com os fornecidos por outros trabalhos e com os obtidos pelo uso de outra ferramenta nos forneceu dados satisfatórios e que irão contribuir para a melhoria desta proposta de algoritmo detector de ondas.

A utilização de diferentes filtros durante a fase de pré-processamento do algoritmos deverá ser tratada em trabalhos futuros, assim como a aplicação do algoritmo para a detecção de arritmias cardíacas.

# Capítulo 6

## Conclusão

De acordo com o que foi proposto, o sistema atendeu ao esperado e mostrou resultados que, em muitas vezes, ficaram próximos ao de resultados obtidos com ferramentas já conhecidas pelo meio acadêmico. A ausência de filtros mais elaborados para a limpeza dos ruídos dos sinais dificultou a detecção das ondas com as amostras mais distorcidas, mas não chegou a inviabilizar a pesquisa. Existe uma vasta quantidade de trabalhos relacionados ao tema abordado, o que facilitou a realização da pesquisa e que também mostraram que ainda há muito a se descobrir para se chegar a algoritmos ótimos. Concluimos que o algoritmo apresentado neste trabalho atende de forma satisfatória a detecção das ondas e que a utilização de diferentes derivações na análise dos dados ajuda a melhorar a qualidade dos resultados obtidos. Os frutos deste trabalho podem ser utilizado na confecção de sistemas de diagnósticos cardíacos mais completos.

## Trabalhos Futuros

Visando a continuidade e melhoria dos resultados obtidos, proponho os seguintes temas para trabalhos futuros:

- Análise do desempenho deste algoritmo com outras bases de dados, além do estudo da eficácia e eficiência;
- Integração do algoritmo detector em sistemas cuja captação dos dados ocorra em tempo real;
- Aproveitamento do algoritmo em um sistema mais robusto, como um sistema detector de arritmias;
- Utilização deste algoritmo com a inclusão de filtros para a limpeza de ruídos;
- Integração do algoritmo em sistemas conectados a pacientes reais.

# Referências Bibliográficas

- Addison, P. S., Watson, J. N., Clegg, G. R., Holzer, M., Sterz, F. & Robertson, C. E. (2000), 'Evaluating Arrhythmias in ECG Signals Using Wavelet Transforms', *Engineering In Medicine And Biology* (October), 0–5.
- Afonso, V. X., Tompkins, W. J., Nguyen, T. Q., Michler, K. & Luo, S. (1996), 'Comparing stress ECG enhancement algorithms', *IEEE Engineering in Medicine and Biology* pp. 37–44. URL <http://scholar.google.com/scholar?hl=en&btnG=Search&q=intitle:Comparing+Stress+ECG+Enhancement+Algorithms#0>.
- Aguiar, R. O. (2006), Classificação não-supervisionada de Sinais de Eletrocardiograma, Tcc, Universidade Federal do Espírito Santo.
- Barbosa, P. R. B. (2003), Efeitos Da Ponderação Da Média Coerente E Da Filtragem Na Detecção De Potenciais Tardios Ventriculares No Eletrocardiograma De Alta Resolução, PhD thesis.
- Bayer, F. M. & Kozakevicius, A. J. (2010), 'SPC-Threshold : Uma Proposta de Limiarização para Filtragem Adaptativa de Sinais', *TEMA* **11**(2), 121–132.
- Bhardwaj, S., Lee, D.-S. & Chung, W.-Y. (2007), 'An Advanced ECG Signal Processing for Ubiquitous Healthcare System', *International Conference on Control, Automation and Systems* **3**, 2433–2436.
- Bonho, S., Kolm, D., Baggio, J., Schwarz, L. & Moraes, R. (2006), Monitoração de Sinais de ECG pela Internet em Tempo Real, in 'Anais do X Congresso Brasileiro de Informática em Saúde', Vol. 1, pp. 1284–1288. URL <http://www.sbis.org.br/cbis/arquivos/872.pdf>.
- Cassiano, K. K. (2010), Biblioteca de Aplicativos em Java para Detecção de Complexos QRS do Eletrocardiograma, Dissertação de mestrado, Universidade Federal do Rio de Janeiro.
- Chouhant, V. S., Mehta, S. S. & Lingayat, N. S. (2008), 'Delineation of QRS-complex, P and T-wave in 12-lead ECG', *International Journal of Computer Science and Network Security* **8**(4), 185–190.

- Coradine, L. C., Romano, J. a. M. T. & Bellanger, M. G. (1997), ‘Adaptive filtering in cascade for using a fast multichannel RLS algorithm’, *IEEE Transactions on circuits and systems II: Analog and digital signal processing* **44**(9), 757–762.
- Coutinho, P. S. (2008), Análise de Sinais Eletrocardiográficos Atriais Utilizando Componentes Principais e Mapas Auto-Organizáveis, Dissertação de mestrado, Universidade Federal de Alagoas.
- Dale Dubin, M. D. (2004), *Interpretação Rápida do ECG*, terceira e ed., COVER Publishing Company, Tampa, Florida.
- Darwin, C. (2004), *A Origem das Espécies*, Brasil.
- Encydia, E. (2011), ‘Eletrocardiograma’, Disponível em: <http://pt.encydia.com/es/Electrocardiograma>. Último acesso em 20 de junho de 2011.
- Feghali, I., Andreão, R. V. & Segatto, M. V. (2006), ‘Abordagem na Web para o Telemonitoramento do Eletrocardiograma de Pacientes Domésticos’, *VI Workshop de Informática Médica* pp. 272–276.
- Hughes, N. P. (2006), Probabilistic Models for Automated ECG Interval Analysis, PhD thesis, University of Oxford.
- Jin, B., Zhang, Y., Shen, D., Wen, L., Ding, C., Cui, Z., Tian, F., Yu, B., Dai, B. & Zhang, J. (1999), ‘A Portable ECG and Blood Pressure Telemonitoring System’, *IEEE ENGINEERING IN MEDICINE AND BIOLOGY* pp. 63–70.
- Johansson, M. (n.d.), The Hilbert transform, Master thesis.
- Kirkland, D. J. O. & Monroe, D. R. S. (2001), ‘Method and apparatus for removing baseline wander from an EGG signal’.
- Köhler, B.-U., Hennig, C. & Orglmeister, R. (2002), ‘The Principles of Software QRS Detection’, *IEEE Engineering in Medicine and Biology magazine: the quarterly magazine of the Engineering in Medicine and Biology Society* **21**(1), 42–57. URL <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/11935987>.
- Kozakevicius, A. D. J., Rodrigues, C. R., Nunes, R. C. & Guerra Filho, R. (2005), ‘Adaptive ECG Filtering and QRS Detection Using Orthogonal Wavelet Transform’, *Biomedical Engineering* pp. 2–7. URL <http://www.actapress.com/PDFViewer.aspx?paperId=19476>.
- Kutlu, Y. & Kuntalp, D. (2011), ‘A multi-stage automatic arrhythmia recognition and classification system.’, *Computers in biology and medicine* **41**(1), 37–45. URL <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21183163>.

- Laione, F. & Marques, J. L. B. (2001), 'Desenvolvimento de um Sistema para Registro e Análise do EEG Aplicado à Detecção de Hipoglicemia', *Diabetes*.
- Leme, E. d. O. (2011), 'Portal Home Care', Disponível em: <http://www.portalthomecare.com.br>. Último acesso em 14 de abril de 2011.
- Madeiro, J. a. P. d. V., Cortez, P. C. & Marques, J. a. A. L. (2008), 'Nova Abordagem de Detecção de QRS em ECG Através da Combinação das Transformadas de Wavelet e Hilbert', pp. 1731–1734.
- Madeiro, J. a. P. d. V., Cortez, P. C. & Marques, J. a. A. L. (2009), 'Análise comparativa de desempenho das transformadas Wavelet e Hilbert na detecção do QRS em ECG', *sbis.org.br* **25**(3), 153–166. URL <http://www.sbis.org.br/cbis11/arquivos/799.pdf>.
- Madeiro, J. a. P. D. V., Cortez, P. C., Oliveira, F. I. D. & Siqueira, R. D. S. (2004), 'Algoritmo para Detecção do Complexo QRS e Reconhecimento de Contração Ventricular Prematura em Eletrocardiograma', *IX CONGRESSO BRASILEIRO DE INFORMÁTICA EM SAÚDE*.
- Martincoski, D. H. (2003), Sistema para telemetria de eletrocardiograma utilizando tecnologia bluetooth, Dissertação de mestrado, UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA.
- Mazzutti, C. (2006), Modelagem de um Software de Monitoramento de Sinais Cardíacos, Trabalho de conclusão de curso - tcc, Universidade Federal de Santa Maria.
- Mehta, S. S. & Lingayat, N. S. (2008), Detection of P and T-waves in Electrocardiogram, *in* 'Proceedings of the World Congress on Engineering and Computer Science', WCECS 2008, San Francisco, USA.
- Melco, T. C. (2006), Estudo do Eletrocardiograma sob uma Abordagem Matemática, Dissertação de mestrado, Universidade de São Paulo.
- Melco, T. C. & Moscato, L. A. (2007), Estudo do Eletrocardiograma sobre uma Abordagem Matemática, Technical report, Escola Politécnica da USP - Departamento de Engenharia Mecatrônica e de Sistemas Mecânicos.
- Melo, B. R. P. D., Vieira, R. V. & Coradine, L. C. (2011), 'An Evolutionary Wave Detector For The Electrocardiogram', *IEEE International Conference on Intelligent Computing and Integrated Systems (ICISS2011)*.
- MISODOR (2010), 'Os Princípios Básicos Do Diagnóstico Elétrico Em Cardiologia'.
- MIT (2005), 'MIT-BIH Database Distribution', Disponível em <http://ecg.mit.edu/>. Último acesso em 26/06/2011.



- Moreira, F. C. (2007), Aplicações de Sistemas de Monitoramento e Supervisão de Processos, Tcc, Universidade de São Paulo - USP.
- Novák, D. (2000), Processing of ECG signal using Wavelets, PhD thesis, Czech Technical University in Prague.
- Pachauri, A. & Bhuyan, M. (2009), ‘Robust Detection of R-Wave Using Wavelet Technique’, *World Academy of Science, Engineering and Technology* pp. 901–905.
- Pereira, B. M. A. D. S. (2008), Sistema de aquisição de sinais biomédicos baseado num telefone celular, Dissertação de mestrado, Universidade Técnica de Lisboa.
- PhysioNet/MIT (2003), ‘PhysioToolkit - The WFDB Toolbox for Matlab’, Disponível em: <http://www.physionet.org/physiotools/matlab/wfdb-swig-matlab/>. Último acesso em 26 de junho de 2011.
- PhysioNet/MIT (2008), ‘QRS detection and waveform boundary recognition using ecg-puwave’.
- PhysioNet/MIT (2010a), ‘PhysioBank - MIT-BIH Arrhythmia Database’, Disponível em: <http://www.physionet.org/physiobank/database/mitdb>. Último acesso em 20 de junho de 2011.
- PhysioNet/MIT (2010b), ‘PhysioToolkit - The WFDB Software Package’, Disponível em: <http://www.physionet.org/physiotools/wfdb.shtml>. Último acesso em 20 de junho de 2011.
- Pinto, I. V., Alves, L. B., Ortigueira, M. D. & Batista, A. G. (2005), ‘ECG Wave Detector and Delineation with Wavelets’. URL [http://www2.uninova.pt/~sim\\$mdo/publ\\_files/D93-ECGWAVEDETECTORANDELINEATIONWITHWAVELETS.pdf](http://www2.uninova.pt/~sim$mdo/publ_files/D93-ECGWAVEDETECTORANDELINEATIONWITHWAVELETS.pdf).
- Ramos Jr, V. W., Melo, B. R. P., Lopes, R. V. V. & Coradine, L. C. (2010), A Modified Evolutionary Algorithm Approach For Blind Channel, *in* Z. Ghassemlooy & W. P. Ng, eds, ‘Seventh IEEE, IET International Symposium on Communication Systems, Networks and Digital Signal Processing’, Vol. II, School of Computing, Engineering and Information Sciences, Northumbria University, United Kingdom, Newcastle upon Tyne, United Kingdom, pp. 551–555. URL <http://www.csndsp.com>.
- Rangayyan, R. M. (2002), *Biomedical Signal Analysis: A Case-Study Approach*, IEEE Press.
- Raut, A. R. & Malik, L. G. (2011), ‘ZigBee Based Industrial Automation Profile for Power Monitoring Systems’, *International Journal on Computer Science and Engineering* **3**(5), 2028–2033. URL <http://www.inggjournals.com/ijcse/doc/IJCSE11-03-05-177.pdf>.

- Rosa, I. C. R. & Matta, C. E. (1999), 'Classificação de sinais eletrocardiográficos usando Redes Neurais Artificiais', *Encontro Latino Americano de Iniciação Científica VIII*, 82–85.
- Sahambi, J. S., Tandon, S. N. & Bhatt, R. K. P. (1997), 'Using Wavelet Transforms for ECG Characterization', *Engineering In Medicine And Biology*.
- Sahambi, J. S., Tandon, S. N. & Bhatt, R. K. P. (2000), 'An automated approach to beat-by-beat QT-interval analysis', *IEEE Engineering in Medicine and Biology magazine* **19**(3), 97–101. URL <http://scholar.google.com/scholar?hl=en&btnG=Search&q=intitle:An+Automated+Approach+to+Beat-by-Beat+QT-Interval+Analysis#0>.
- Silveira, C. S. (2007), Uma Proposta de Tecnologia Embarcada na Internação Domiciliar, Dissertação de mestrado, Universidade Federal da Bahia.
- Sociedade Brasileira de Medicina, S. (2003), *Diretriz de interpretação de eletrocardiograma de repouso*, Vol. 80, volume 80, ed., Sociedade Brasileira de Cardiologia.
- Souza, C. B., Andreão, R. V. & Segatto, M. V. (2006), 'Processamento de sinais de ECG para geração automática de alarmes', *VI Workshop de Informática Médica - WIM* pp. 247–251.
- Sun, Y., Chan, K. L. & Krishnan, S. M. (2005), 'Characteristic wave detection in ECG signal using morphological transform', *BMC cardiovascular disorders* **5**, 28. URL <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1266028/>.
- The MathWorks (2011a), 'MATLAB - The Language Of Technical Computing', Disponível em: <http://www.mathworks.com/products/matlab/>. Último acesso em 26 de junho de 2011.
- The MathWorks (2011b), 'Signal Processing Toolbox', Disponível em <http://www.mathworks.com/products/signal/>. Último acesso em 20 de julho de 2011.
- Ubeyli, E. (2009), 'Decision support systems for time-varying biomedical signals: EEG signals classification', *Expert Systems with Applications* **36**(2), 2275–2284. URL <http://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0957417407006872>.
- UIC, U. I. C. (2010), 'Introduction to ECG filtering', Disponível em [http://quequero.org/Introduction\\_to\\_ECG\\_filtering](http://quequero.org/Introduction_to_ECG_filtering). Último acesso em 26 de junho de 2010.
- van Dijk, A. I. J. M. & Renzullo, L. J. (2011), 'Water resource monitoring systems and the role of satellite observations', *Hydrology and Earth System Sciences* **15**(1), 39–55. URL <http://www.hydrol-earth-syst-sci.net/15/39/2011/>.

- Vasconcelos Jr, G. P. (2005), TinyMonitor Um framework para o desenvolvimento de aplicações de monitoramento de sinais vitais de pacientes, Dissertação de mestrado, Universidade Federal de Pernambuco.
- Vieira, R. V. (2003), Um Algoritmo Genético Baseado em Tipos Abstratos de Dados e Sua Especificação em Z, Tese de doutorado, Universidade Federal de Pernambuco.
- Volpato, E. C. (2005), Processamento Digital de Eletrocardiograma: Estudo e Implementação de um Detector de Arritmias Cardíacas, Tcc- trabalho de conclusão de curso, Universidade Federal de Santa Maria.
- Volpato, E. C. (2008), Apoio à Decisão na Detecção de Flutter e Fibrilação Ventricular em Eletrocardiograma, Dissertação de mestrado, Universidade Federal de Santa Maria.