

# Reconhecimento de Padrões em Sinais Eletrocardiográficos com Rede Neurofuzzy e Algoritmos Genéticos

Valfredo Pilla Jr<sup>1</sup>, Heitor Silvério Lopes<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Eletrônica

<sup>2</sup> Laboratório de Bioinformática

Centro Federal de Educação Tecnológica do Paraná

Av. 7 de setembro, 3165 - Curitiba, Brasil

valfredo@daeln.cefetpr.br, hslopes@cpgei.cefetpr.br

## Abstract

*In this work it is presented a neurofuzzy network that is applied to the detection of a specific wave of the electrocardiographic signal. The network was trained using genetic algorithms, using a software package publicly available in the Internet. The training procedure, its parameters and details of the application are presented. Results suggest that this kind of network is suitable for the identification of patterns in unidimensional time-varying signals.*

## 1. Introdução

Neste trabalho uma arquitetura de rede *neurofuzzy* é aplicada no reconhecimento de um padrão específico em um sinal variante no tempo, a onda P do eletrocardiograma humano (ECG). Nós inicialmente revisamos algumas das características do sinal de ECG e mostramos porque existe interesse no reconhecimento destas ondas. Em seguida, a arquitetura *neurofuzzy* é apresentada em detalhes assim como o seu treinamento, realizado através de algoritmos genéticos. Finalmente, os resultados são apresentados e discutidos mostrando a eficácia desta abordagem.

## 2. O sinal eletrocardiográfico

A classe de sinal bioelétrico utilizado neste trabalho, o ECG, é razoavelmente estruturado e relativamente bem comportado quando comparado aos outros sinais bioelétricos. O ECG é um potencial elétrico resultante medido sobre a superfície do corpo humano, sendo relacionado às contrações rítmicas do coração. O ECG é cíclico e compreende diversas formas de onda relevantes, conhecidas como P, Q, R, S e T. Algumas vezes uma onda adicional (U) é registrada após a ocorrência da onda T. A figura 1 apresenta um ciclo típico de ECG para um paciente normal. A forma do sinal de ECG é variável e dependente da técnica empregada na coleta. Neste trabalho, todos os sinais de ECG são os definidos como derivação 2.

A onda P é produzida pela despolarização atrial, o complexo QRS pela despolarização ventricular e a onda T pela repolarização ventricular. Quando doenças cardíacas ou deficiências estão presentes, a morfologia da forma de onda do ECG pode ser substancialmente modificada. Ainda, a temporização entre as ondas (e sua variabilidade) tem sido freqüentemente utilizada como um parâmetro em procedimentos de diagnóstico. Particularmente a morfologia da onda P e sua temporização são importantes no diagnóstico de fibrilação atrial [2,12,13]. Para medir precisamente o intervalo de tempo entre dois eventos elétricos no ECG, é necessário identificar as partes da forma de onda. A detecção em tempo real da onda P é um desafio devido à sua amplitude relativamente baixa, à uma relação sinal/ruído baixa e a presença de outras ondas adjacentes. Trabalhos anteriores na detecção da onda P geralmente baseiam-se em técnicas de processamento de sinais [3,4,15] e servem ao diagnóstico de arritmias sinusais. Este trabalho apresenta um método mais geral para detectar estruturas particulares em sinais e mostra sua aplicação em uma difícil tarefa de reconhecimento de padrões.

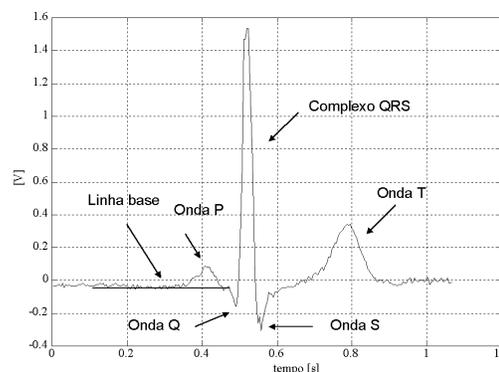


Figura 1: Um ciclo completo do sinal de ECG, tomado na forma da derivação 2 de um sujeito normal

### 3. Metodologia

Os sinais de ECG utilizados neste trabalho foram coletados de três voluntários, utilizando um eletrocardiógrafo diretamente conectado à um computador de mesa. O ECG foi amostrado em uma taxa de 240 amostras / segundo, com uma resolução padrão de 8 bits. Todas as três amostras foram salvas em arquivos para serem utilizadas no treinamento e teste da rede.

Após observar-se um conjunto de sinais de ECG adquiridos e considerando a taxa de amostragem, concluiu-se empiricamente que aproximadamente 35 amostras consecutivas eram suficientes para representar a onda P. O critério para determinar o início e o fim da onda P foi o limite de 0,05% da máxima amplitude, referenciada à linha base.

Seja  $\mathbf{D}_{m \times p}$  a matriz que contém  $m$  amostras de  $p$  pontos das formas de onda P escolhidas aleatoriamente. Para eliminar o *offset* entre vetores amostrados, a seguinte operação é feita:

$$D_{ij} = D_{ij} - \min_{i=1}^m(D_{ij}), \quad 1 \leq j \leq p \quad (1)$$

Além desses dados, dois outros vetores, vetor média ( $\bar{x}_j$ ) e vetor desvio padrão ( $\sigma_j$ ), são extraídos, definidos como:

$$\bar{x}_j = \frac{1}{m} \cdot \sum_{i=1}^m D_{ij}, \quad 1 \leq j \leq p \quad (2)$$

$$\sigma_j = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^m (D_{ij} - \bar{x}_j)^2}{m-1}}, \quad 1 \leq j \leq p \quad (3)$$

Os vetores definidos pelas equações 2 e 3 são usados como parâmetros das funções de pertinência da primeira camada da rede que será discutida na próxima seção.

### 4. A rede neurofuzzy

A arquitetura da rede *neurofuzzy* [1,8] é apresentada na figura 2. Nesta rede, as  $N$  entradas correspondem à janela amostrada da forma de onda de ECG. Assim, no processo de localização das ondas P, as amostras de sinal são seqüencialmente aplicadas à entrada, onde a primeira entrada recebe a amostra mais recente de sinal,  $x_{n+p}$ , enquanto que a última entrada recebe a amostra mais antiga,  $x_n$ .

Os elementos da figura 2 estão definidos na tabela 1 e a inferência lógica desenvolvida pela rede *neurofuzzy* é:

**SE** ( $x$  é adequadamente conformado) **ENTÃO** (o sinal pertence à classe P)

A primeira camada da rede realiza um mapeamento *fuzzy* representado como  $f: \mathbf{x} \rightarrow a$ . As funções de pertinência ( $a_i$ ) são definidas como curvas de distribuição normal, como mostrado na equação 4.

Tabela 1: Elementos da rede *neurofuzzy*

$\mathbf{x}$	vetor de amostras de ECG
$x_n$	$n$ -ésima amostra
$y_n$	$n$ -ésimo valor de saída da rede
$[\bar{x}_1, \bar{x}_2, K, \bar{x}_p]$	Média (equação 2)
$[\sigma_1, \sigma_2, K, \sigma_p]$	Desvio padrão (equação 3)
$\mathbf{a} = [a_1, a_2, K, a_p]$	saída dos conjuntos <i>fuzzy</i>
$\mathbf{w} = [w_1, w_2, K, w_p]$	pesos da rede

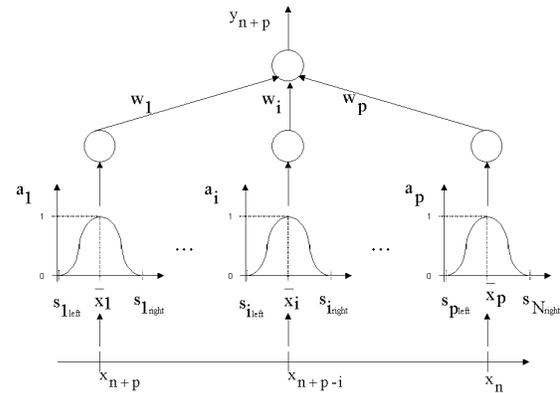


Figura 2: A arquitetura da rede *neurofuzzy*

$$a_i = e^{-0.5 \cdot \left( \frac{(x_i - \bar{x}_i)}{k \cdot \frac{\sigma_i}{i}} \right)^2}, \quad 1 \leq i \leq p \quad (4)$$

Nestas funções de pertinência, os valores centrais de seus suportes ( $\bar{x}_i$ ) correspondem aos valores médios calculados com a equação 2, para os  $M$  sinais de treinamento ( $\mathbf{D}_{m \times p}$ ). Os valores de ( $\sigma_i$ ) correspondem ao desvio padrão calculado pela equação 3 para os mesmos dados de treinamento. O desvio padrão é ajustado pela constante  $k$ , ajustada para 3, a fim de assegurar que todas as amostras estão incluídas nos limites do suporte das funções de pertinência. O suporte

as funções de pertinência são definidos pelas equações 5 e 6.

A segunda transformação produzida pela rede é a soma linear dos valores de saída das funções de pertinência, na forma:  $g:a \rightarrow y$ , onde a saída *defuzzyficada* da função é dada pela equação 7, e os pesos definem a importância relativa de cada entrada.

Deve-se notar que  $\sum_{i=1}^p w_i = 1$ .

$$s_{i_{\text{left}}} = \bar{x}_i - k \cdot \sigma_i, \quad 1 \leq i \leq p \quad (5)$$

$$s_{i_{\text{right}}} = \bar{x}_i + k \cdot \sigma_i, \quad 1 \leq i \leq p \quad (6)$$

$$y_n = \sum_{j=1}^p a_j \cdot w_j \quad (7)$$

## 5. O treinamento da rede *neurofuzzy* com algoritmos genéticos

O processo de treinamento da rede pode ser visto como uma busca no espaço multidimensional do conjunto de pesos. Esta busca procura pelo conjunto de pesos ótimos que minimize o erro total quando da identificação dos padrões de treinamento. Neste problema em particular, a busca objetiva encontrar um conjunto de pesos que obtenha a máxima discriminação das ondas P com relação aos outros elementos do sinal de ECG. Apesar dos algoritmos tradicionais para o treinamento de redes neurais, o uso de Algoritmos Genéticos (AGs) tem se mostrado prático e eficiente para o treinamento tanto da arquitetura quanto do conjunto de pesos de redes *neurofuzzy* [9,11]. O conjunto de pesos da rede foram otimizados utilizando um sistema baseado no pacote de programas GALOPPS revisão 3.2 [6], publicamente disponível na Internet.

Um Algoritmo Genético [5] é uma técnica fortemente baseada no modelo Darwiniano da evolução das espécies e é largamente aplicado em tarefas de otimização. O uso de AGs em problemas práticos envolve duas definições principais: a codificação do cromossomo e a função de *fitness*. Os outros parâmetros controlam a busca através de AG são apresentados em detalhes na seção 5.3.

### 5.1 Representação do cromossomo

O número de entradas na rede *neurofuzzy* foi definido em 35, como discutido na seção 3. Assim, o conjunto de pesos a ser encontrado pode ser considerado como um vetor de 35 posições. O AG padrão emprega representação binária em vez de números reais, de forma que cada elemento do vetor deve ser convertido para binário. Este processo,

conhecido como quantização, requer que uma precisão arbitrária seja previamente escolhida. Aqui, 8 bits foram suficientes para representar a faixa possível de cada peso: de 0 até  $1-(1/256)$ , representando 00000000 até 11111111 em binário. O cromossomo é então representado com  $8 \times 35 = 280$  bits, definindo um espaço de busca de  $2^{280} \approx 1.94 \times 10^{84}$  pontos discretos. Este espaço de busca é tão grande que ele dificilmente poderia ser inteiramente vasculhado em tempo aceitável com nossa tecnologia computacional corrente. Isto enfatiza o uso de uma técnica eficiente, AGs, para tratar deste problema.

### 5.2 Função de *fitness*

A função de *fitness* mensura quão bom candidato para a solução do problema é um indivíduo. O sucesso ou não de uma implementação com AG é fortemente influenciada pela escolha da função de *fitness*. A função de *fitness* é, em última análise, a função que está sendo otimizado com o uso de AG. Uma função de *fitness* mal escolhida pode dificultar a busca da mesma forma que uma função bem projetada pode induzir a uma convergência rápida.

A função de *fitness* utilizada é a definida pela equação 8, sendo calculada através da saída da rede  $y_n$  quando um dos vetores de treinamento previamente selecionados (incluídos em  $\mathbf{D}_{m \times p}$ ) é aplicado para as entradas. O valor de saída da rede ( $y_n$ ) pertence à faixa [0,1], assim deve-se esperar  $y_n = 1$  como o resultado ótimo para todos os vetores de treinamento. Em cada geração o vetor de treinamento é trocado, tomado sequencialmente do conjunto de exemplos de treinamento.

$$\text{fitness}_n = \frac{1}{1 + \left( \frac{y_n - 1}{0.125} \right)^2} \quad (8)$$

### 5.3 Parâmetros do GA

Algoritmos Genéticos geralmente empregam dois operadores principais: *crossover* e mutação. A reprodução não é considerado um operador, mas um procedimento que ocorre antes da aplicação dos operadores genéticos. O núcleo da reprodução reside na seleção de indivíduos de uma geração segundo seus *fitness* para formar um conjunto de soluções, ao qual os operadores devem ser aplicados.

Entre os diversos esquemas de seleção possíveis para a reprodução, nós utilizamos o método da Amostragem Universal Estocástica (SUS - *Stochastic Universal Sampling*). O SUS fornece uma baixa dispersão sobre a distribuição desejada dos indivíduos e é livre de polarização. Ele é considerado suficientemente rápido para o processamento serial e

mais eficiente que os métodos de seleção da Roleta, Resto Estocástico e do Torneio [6,10]. Para muitos problemas tratados com AGs, o uso de parâmetros de execução dentro de determinadas faixas geralmente produz resultados satisfatórios [7]. Para este problema, nós usamos uma tamanho de população de ( $\lambda$ ) de 70 indivíduos, com comprimento ( $\Lambda$ ) de 280 bits. O AG foi processado para 160 gerações e a população inicial ( $P^0$ ) foi formada aleatoriamente. A probabilidade de mutação ( $p_m$ ) foi definida  $1/\lambda$ , i.e., 0,014, e a probabilidade de *crossover* ( $p_c$ ) em 0,6.

## 6. Resultados

Um total de três testes completos e independentes foram realizados usando os arquivos de sinais previamente adquiridos. Estes três arquivos possuem diferentes tamanhos e para cada caso de teste, cinco ondas P foram tomadas aleatoriamente (usando o critério da seção 3). Cada conjunto de cinco segmentos foi usado para treinar uma rede *neurofuzzy* segundo o procedimento previamente descrito. Após o treinamento da rede, ela foi aplicada ao restante do arquivo de sinal de ECG. A tabela 2 resume os resultados obtidos.

Tabela 2: Resultados da detecção da onda P para três diferentes sujeitos

Caso de teste #	Limiar de Detecção	# de ciclos de ECG	Ondas P detectadas	Ondas P não detectadas	Falsas ondas P
1	0.5	26	25	1	0
2	0.6	27	24	3	1
3	0.6	17	11	6	0

O critério adotado para a detecção positiva foi a presença de amplitudes superiores a do limiar de detecção na saída da rede. Este limiar foi ajustado empiricamente e de acordo com nossos experimentos, está otimamente localizado na faixa de 0,5 a 0,6. O procedimento de treinamento de uma rede para cada caso de teste (sujeito) é devido principalmente à variabilidade dos sinais biológicos, tendo sido inspirado por [14]. Se nós utilizássemos uma rede treinada para um sujeito em outro, os resultados tenderiam a ser piores.

Na tabela 2, “Falsas ondas P” identifica os casos em que a rede detectou um segmento de sinal de ECG como sendo uma onda P e de fato este não o era. Nestes casos a onda detectada foi, de fato, uma onda T exacerbada.

A figura 3 apresenta uma vista em detalhe de alguns ciclos de ECG assim como da saída da rede ( $y_n$ ), onde é possível visualizar os pontos exatos de ocorrência dos picos. Estes pontos aproximadamente identificam o

final da onda P, ou seja, o início da onda P está localizado aproximadamente 35 amostras de sinal atrás.

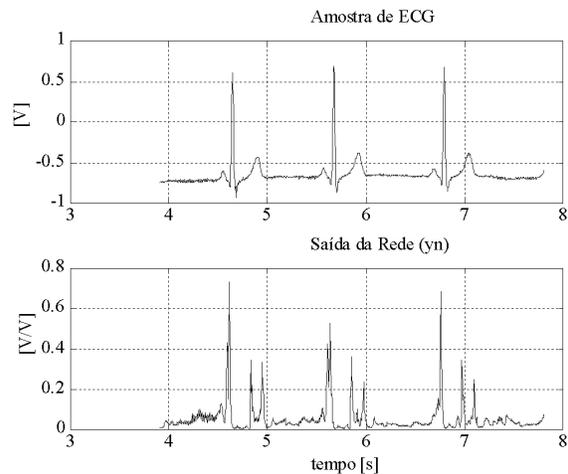


Figura 3: Vista detalhada de um sinal de ECG real (acima) e a correspondente saída da rede  $y_n$  (abaixo)

## 7. Discussão e conclusões

O procedimento de treinamento da rede usando AGs foi rápido e produziu bons resultados. Isto confirma a utilidade das técnicas evolucionárias para o treinamento de redes neurais e o porque da crescente utilização de AGs nos últimos anos. Os resultados apresentados na seção 6 mostram um decréscimo na taxa de classificação correta do caso #1 para o #3. Isto é consistente com o fato de que a inspeção visual destes três sinais mostrar uma aumento da distorção e ruído. Porém, a taxa média de classificações corretas, 83,2%, pode ser considerada boa, relevando-se o ruído presente nas amostras e a variabilidade biológica de indivíduo para indivíduo.

Estes resultados promissores indicam que a arquitetura de redes *neurofuzzy*, juntamente com o procedimento de treinamento genético, é adequada para a detecção de *templates* em sinais temporais amostrados. Possivelmente esta conclusão pode ser extrapolada para outros sinais de origem não biológica.

Uma possibilidade para pesquisa posterior poderia ser o ajuste dinâmico do limiar, bem como algum tipo de treinamento adaptativo, como proposto em [14]. Finalmente, trabalhos futuros deverão também incluir a aplicação de redes *neurofuzzy* descritas para outros arquivos de ECG, para validar posteriormente os resultados registrados aqui.

## Referências

- [1] Z.Chi, H.Yan, T. Pham, Fuzzy algorithms: with applications to image processing and pattern recognition. Singapore: World Scientific Publishing, 1996.
- [2] C. Dimmer et al. Analysis of the P wave with signal averaging to assess the risk of atrial fibrillation after

- coronary artery bypass surgery. *Cardiology*, 89(1):19-24, 1998.
- [3] O. Fokapu, J.P. Girard, A new approach for P wave detection using analytic signal. In Proceedings 15<sup>th</sup> IEEE Engineering in Medicine and Biology Society Conference, San Diego, part I, 400-401, 1993.
- [4] K. Freeman, A. Singh, P wave detection of ambulatory ECG. In Proceedings 13<sup>th</sup> IEEE Engineering in Medicine and Biology Society Conference, Orlando, USA, part 2, 647-648, 1991.
- [5] D.E. Goldberg, Genetic algorithms in search, optimization and machine learning. Reading: Addison-Wesley, 1989.
- [6] E.D. Goodman, An introduction to GALOPPS. Technical report 96-07-01, Michigan State University, 1996.
- [7] J.J. Grefenstette, Optimization of control parameters for genetic algorithms. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics*, 16(1), 122-128, 1986.
- [8] S.K. Halgamuge, M. Glesner, Fuzzy neural networks: between functional equivalence and applicability. *International Journal of Neural Systems*, 6(2):185-196, 1995.
- [9] H. Ishigami, T. Fukuda, T. Shibata, F. Arai, Structure optimization of fuzzy neural networks by genetic algorithm. *Fuzzy Sets and Systems*, 71(3), 257-264, 1995.
- [10] P.G. Korning, Training neural networks by means of genetic algorithms working on very long chromosomes. *International Journal of Neural Systems*, 6(3):299-316, 1995.
- [11] P.V. Krishnamraju, J.J. Buckley, K.D. Reilly, Y. Hayashi, Genetic learning algorithms for fuzzy neural nets. In Proceedings 3<sup>rd</sup> IEEE International Conference on Fuzzy Systems, Orlando, USA, 1969-1974, 1994.
- [12] Liu Z. et al. Abnormalities of electrocardiographic P wave morphology and their relation to electrophysiological parameters of the atrium in patients with sick sinus syndrome. *Pacing Clinical Electrophysiology*, 21(1 pt 1):79-86, Jan. 1998.
- [13] J.E. Tamis, J.S. Steinberg. Value of the signal-averaged P wave analysis in predicting atrial fibrillation after cardiac surgery. *Journal of Electrocardiology*, 30(suppl):36-43, 1998.
- [14] Q. Xue, Y.H. Hu, W.J. Tompkins, Neural-network-based adaptive matched filtering for QRS detection. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 39(4), 317-329, 1992.
- [15] V.R. Zurro, A.L. Stelle, J. Nadal. Detection of atrial persistent rhythm based on P-wave recognition and RR intervals variability. In Proceedings of Computers in Cardiology, Vienna, Austria, 153-162, 1995.