



TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO

**CLASSIFICAÇÃO DE SINAIS DE VARIABILIDADE
DA FREQUÊNCIA CARDÍACA POR MEIO DE ANÁLISE
DE COMPONENTES PRINCIPAIS E REDES NEURAIS**

Rosana Ribeiro Lima

Brasília, julho de 2012

UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA

FACULDADE DE TECNOLOGIA

UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
Faculdade de Tecnologia

TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO

**CLASSIFICAÇÃO DE SINAIS DE VARIABILIDADE
DA FREQUÊNCIA CARDÍACA POR MEIO DE ANÁLISE
DE COMPONENTES PRINCIPAIS E REDES NEURAIS**

Rosana Ribeiro Lima

*Relatório submetido ao Departamento de Engenharia
Elétrica como requisito parcial para obtenção
do grau de Graduação em Engenharia Elétrica*

Banca Examinadora

João Luiz Azevedo de Carvalho, ENE/UnB
Orientador

Flávia Maria Guerra de Sousa Aranha Oliveira,
ENE/UnB
Examinador interno

Adolfo Bauchspiess, ENE/UnB
Examinador interno

Dedicatória

Dedico este trabalho a Deus, a única razão de toda a minha jornada desde o dia do meu nascimento, o único que dá sentido a minha existência.

Dedico a todos aqueles que procuram incentivar e trabalham pelo desenvolvimento da Engenharia Biomédica no Brasil. A aplicação de tecnologias e conhecimentos científicos na Medicina é lindíssima e espero mesmo que daqui para a frente o mercado de trabalho para esses profissionais cresça bastante.

Dedico também a todas as pessoas, amigos ou familiares, que me deram apoio emocional, carinho e cuidado de alguma forma no período de elaboração deste trabalho.

Rosana Ribeiro Lima

Agradecimentos

Em memória de Polly.

Ao final de longos caminhos percorridos, é possível ver o quanto mudou. O quanto o ponto de chegada distoa do ponto de partida. O quanto ficamos diferentes por tudo que aconteceu no meio do caminho, e o quanto as coisas ao redor também mudaram. Quando a gente chega feliz e satisfeito, por ter completado a jornada, e sabedores de que tudo que aconteceu, para o bem ou para o mal, foram oportunidades de nos fazer pessoas melhores. A mesma alma, a mesma vida, mas melhores. Sou grata por isso. Por tudo que aconteceu nesse caminho, que me fez ser quem sou hoje. Alguns momentos lindos e memoráveis, outros, nem tanto. Houve vezes de querer chorar muito, e nessas vezes eu me aproximei de gente que nem imaginava, gente que está do meu lado até hoje. Houve vezes de aprender que é preciso lidar com consequências, e ser firme e saber tomar decisões. Houve momentos de sorrir muito, e celebrar, e conhecer e estar com pessoas maravilhosas. Por tudo isso eu agradeço muito. A vida pode não ser perfeita, e acredito que nunca tudo é exatamente como desejamos. Mas ela é linda, e eu sou muito grata a Deus pelas pessoas que ele colocou na minha vida, e por permitir que eu passasse pela etapa da graduação. Uma coisa aprendi com meus pais: Deus sempre conduz as coisas com muita sabedoria. Ao meu pai, à minha mãe, à minha irmã Dica, meus amigos Cris, Jana, Ricco (e muitos outros!), minha felicidade e meus agradecimentos. Fico feliz de saber que, apesar desse longo caminho ter chegado ao final, a vida continua, e sou capaz de projetar meus planos e sonhos para o futuro.

Agradeço muito também a todos os meus colegas de classe e professores, por me acompanharem e me ajudarem de diversas formas ao longo dessa jornada, e em especial ao prof. João Luiz, por ter acreditado em mim e por todo o apoio e incentivo aos meus estudos e pesquisas.

Rosana Ribeiro Lima

RESUMO

O presente trabalho apresenta um método de identificação e classificação de padrões em sinais de variabilidade da frequência cardíaca. Esses padrões podem ser de diversos tipos, ou seja, para auxílio ao reconhecimento de diversas patologias ou situações. Isso permite, de forma direta, o conhecimento de como se dá o balanceamento entre as atividades simpática e parassimpática do sistema nervoso autônomo (SNA), visto que estas são responsáveis pelo controle da frequência cardíaca. As aplicações aqui mostradas para este método são pelo menos três: a identificação, o estudo e descoberta de padrões do SNA em diversas atividades e situações; o apoio à identificação de momentos de crise em indivíduos com reconhecidamente alguma patologia; o apoio ao diagnóstico de patologias em indivíduos sob suspeita médica. Para isso, serão utilizados conceitos de pré-processamento, processamentos de sinais, redução de dimensionalidade por análise dos componentes principais (PCA) ou redes auto-organizáveis de Kohonen (SOM) e classificação por redes perceptron multicamadas. Os resultados encontrados ao final validam a eficácia do método proposto.

ABSTRACT

This monograph presents a method for identification and classification of patterns in heart rate variability signals. These patterns can be of various kinds, for identification of different pathologies or situations. It therefore allows the assessment of the sympathetic and vagal activities in the autonomic nervous system (ANS), since they are responsible for the heart rate management. There are at least three forms of applicability of this method, which are presented: research for patterns in ANS in different activities and situations; the computer-aided identification of moments of crisis in individuals with some known pathology; and the computer-aided diagnosis of pathologies. This is performed by pre-processing the HRV signal, followed by feature extraction, dimensionality reduction through principal component analysis (PCA) or self-organizing maps (SOM), and classification through a multilayer perceptron (MLP) network. The results achieved validate the effectiveness of the proposed method.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	1
1.1	MOTIVAÇÃO	1
1.2	PESQUISAS ANTERIORES	2
1.3	PROPOSTA	2
1.4	APRESENTAÇÃO DO MANUSCRITO	2
2	VARIABILIDADE DA FREQUÊNCIA CARDÍACA (HRV)	3
2.1	CONCEITO	3
2.2	SISTEMA NERVOSO AUTÔNOMO	3
2.3	BATIMENTOS ECTÓPICOS E FALSOS NEGATIVOS E POSITIVOS	4
2.4	ANÁLISE DO SINAL DE HRV	5
2.4.1	INTRODUÇÃO	5
2.4.2	ANÁLISE TEMPORAL	6
2.4.3	ANÁLISE ESPECTRAL	6
2.4.4	ANÁLISE DE POINCARÉ	10
2.4.5	ANÁLISE SEQUENCIAL	11
3	CLASSIFICAÇÃO DOS PADRÕES	14
3.1	REDES MLP	14
3.1.1	INTRODUÇÃO: O PERCEPTRON	14
3.1.2	MLP: A REDE PERCEPTRON MULTICAMADAS	15
3.2	REDES SOM	17
3.3	ANÁLISE DOS COMPONENTES PRINCIPAIS (PCA)	20
4	METODOLOGIA	23
4.1	INTRODUÇÃO	23
4.2	ARQUITETURA GERAL	23
4.3	ESCOLHA DE SINAIS DO BANCO DE DADOS PHYSIOBANK	25
4.3.1	GRUPO 1: <i>oscilações exageradas da frequência cardíaca durante duas técnicas de meditação</i>	25
4.3.2	GRUPO 2: <i>banco de dados do ritmo do nó sinusal normal MIT-BIH</i>	25
4.3.3	GRUPO 3: <i>banco de dados de intervalos RR com ritmo do nó sinusal normal</i>	26
4.3.4	GRUPO 4: <i>banco de dados Fantasia</i>	27

4.3.5	GRUPO 5: <i>banco de dados de apneia do sono</i>	27
4.3.6	GRUPO 6: <i>banco de dados de oscilações da frequência cardíaca pós-crise de epilepsia parcial</i>	28
4.4	ETAPA 1: PRÉ-PROCESSAMENTO DOS SINAIS	28
4.5	ETAPA 2: PROCESSAMENTO DOS SINAIS E EXTRAÇÃO DE SUAS CARACTERÍSTICAS	31
4.6	ETAPA 3: APLICAÇÃO DA ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS OU DA REDE SOM	33
4.7	ETAPA 4: APLICAÇÃO DA REDE PERCEPTRON MULTICAMADAS	34
4.8	ETAPA 5: TESTES: COMO FOI FEITA A ESCOLHA DOS PARÂMETROS	35
5	RESULTADOS EXPERIMENTAIS	38
5.1	INTRODUÇÃO	38
5.2	(I) APLICAÇÃO NA IDENTIFICAÇÃO E CLASSIFICAÇÃO DE PADRÕES - CLASSIFICAÇÃO <i>A</i>	39
5.3	(II) APLICAÇÃO NA IDENTIFICAÇÃO DE PERÍODOS DE CRISE DE ALGUMA PATOLOGIA: CLASSIFICAÇÕES <i>B</i> E <i>C</i>	41
5.3.1	CLASSIFICAÇÃO <i>B</i> : <i>entre indivíduos durante e fora de uma crise de apneia do sono</i>	41
5.3.2	CLASSIFICAÇÃO <i>C</i> : <i>entre indivíduos durante e fora de uma crise de epilepsia parcial</i>	43
5.4	(III) APLICAÇÃO NO DIAGNÓSTICO DE PATOLOGIAS: CLASSIFICAÇÃO <i>D</i>	46
5.5	RESUMO DOS RESULTADOS	48
6	CONCLUSÕES	53
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	54
	ANEXOS	57
I	CÓDIGOS	58
II	LISTA DE PUBLICAÇÕES	64

LISTA DE FIGURAS

2.1	Sinal de eletrocardiograma com a identificação do intervalo RR (adaptada de figura da referência [1])	4
2.2	Imagem obtida pelo ECGLab de trecho de sinal de HRV mostrando a ocorrência de um batimento ectópico.	5
2.3	Gráfico da densidade do espectro de potência de um sinal RR (de indivíduo saudável durante respiração metronômica) por dois métodos: DFT e AR.	9
2.4	Espectro de frequência dos modelos de janela mais utilizados. Gráfico obtido da referência [2].....	10
2.5	Exemplo de <i>plot</i> de Poincaré de sinal de HRV de um indivíduo saudável durante respiração metronômica. A linha reta representa a regressão linear dos pontos.	11
2.6	Exemplo de <i>plot</i> sequencial das diferenças de sinal de HRV de indivíduo saudável durante respiração metronômica. Neste caso, foram calculados 26,7% dos pontos com tendência à diminuição da frequência cardíaca e 22,7% com tendência ao aumento.	12
2.7	Relação entre RMSSD e pNN50. Medidas de HRV de 857 gravadores Holter 24h em sobreviventes de infarto do miocárdio agudo antes da alta hospitalar. Dados do Programa de Vistoria de Pesquisa Pós-Infarto St. George. Gráfico obtido da referência [3].....	13
3.1	Diagrama de blocos com a representação do funcionamento do perceptron.	15
3.2	Classificação de <i>perceptron</i> entre duas classes linearmente separáveis.....	16
3.3	Organização da rede MLP e sentido de propagação dos sinais [4].....	17
3.4	Neurônios em mapa bidimensional. Cada um contém pesos correspondentes a dados de um modelo de espectro de fala de curto período. Figura obtida da referência [5]. Note que eles são dispostos no mapa bidimensional de maneira a ficarem próximos aos neurônios de modelos semelhantes.	19
3.5	Neurônios (em verde) após o ajuste de pesos e os agrupamentos de classes realizados (marcadas por elipses). Os dados são representados pelos pequenos pontos contidos em cada agrupamento. Figura extraída da referência [6]	20
3.6	Exemplificação do uso de PCA para redução de dimensionalidade, em dados de entrada originalmente bidimensionais: um dos autovetores, mais significativo, acompanha o padrão de comportamento dos dados (a), enquanto o outro, menos significativo (b), é perpendicular àquele, e pode ser descartado sem grande prejuízo ao padrão observado. Figura obtida da referência [7].	22

4.1	Diagrama mostrando o projeto dividido em duas partes.	24
4.2	Diagrama de blocos com o esquemático do processo de pré-processamento e processamento de sinais realizado no projeto.	25
4.3	Diagrama de blocos com o esquemático do processo de redução do número de parâmetros (SOM, PCA) e treinamento realizados na parte 1 do projeto.	26
4.4	Diagrama de blocos com o esquemático do processo de redução do número de parâmetros (SOM, PCA) e teste realizados na parte 2 do projeto.	27
4.5	Interface mostrada no link de obtenção dos arquivos ASCII com sinal de HRV do banco de dados Physiobank do Physionet. Em evidência na figura, a seleção do grupo 2 (nsrdb).	28
4.6	Exemplo de código de Matlab utilizado para transformar o arquivo extraído do Physionet para a forma desejada (uma coluna de arquivo ASCII com os intervalos RR), já com os falsos positivos e negativos removidos. Neste exemplo, o código trata do grupo 6, de sinais de epilepsia.	29
4.7	Ilustração do módulo “ectopicsRR” do ECGLab, após a identificação dos ectópicos e pausas compensatórias (ambos em vermelho) com o novo código de detecção automática.	31
4.8	Código implementado para realizar o método de PCA. A variável <i>nn</i> indica o número de dimensões desejadas na matriz de saída.	34
4.9	Ilustração de exemplo da topologia hexagonal da rede SOM feita no Matlab, com $n_1 = 8$ e $n_2 = 8$, e portanto 64 neurônios.	35
4.10	Código para criação, treinamento e teste da rede SOM e <i>plot</i> dos posicionamentos dos dados após o teste.	36
4.11	Código para criação, treinamento e teste da rede MLP de 10 neurônios, com limiar de erro quadrático médio 0,0001 (abaixo desse valor, o treinamento é interrompido) e função de ativação <i>logsig</i> . O código mostra ainda a binarização para identificação das classificações e a contabilização dos erros.	37
4.12	Código utilizado no embaralhamento da matriz <i>info</i> (que antes se chamava <i>info_ordem</i>) e da matriz <i>target</i> (que antes se chamava <i>target_ordem</i>).	37
5.1	Matriz dos parâmetros extraídos dos sinais da classificação <i>A</i> (<i>info_ordem</i>), com sinais agrupados e ajustes feitos para favorecer a visualização.	41
5.2	Matriz com dimensões reduzidas após o PCA dos sinais da classificação <i>A</i> (<i>info_ordem</i>), com sinais agrupados e ajustes feitos para favorecer a visualização.	42
5.3	Topologia do mapeamento SOM dos parâmetros extraídos na classificação <i>A</i> . Azuis são indivíduos em atividades cotidianas; em vermelho, assistindo ao filme Fantasia; em preto, os que se deseja classificar.	43
5.4	Matriz dos parâmetros extraídos dos sinais da classificação <i>B</i> (<i>info_ordem</i>), com sinais agrupados e ajustes feitos para favorecer a visualização.	45
5.5	Matriz com dimensões reduzidas após o PCA dos sinais da classificação <i>B</i> (<i>info_ordem</i>), com sinais agrupados e ajustes feitos para favorecer a visualização.	46

5.6	Exemplos de topologia do mapeamento SOM dos parâmetros extraídos na classificação B. Azuis são indivíduos em estado normal de sono, fora de crise de apneia; em vermelho, com alerta de crise de apneia; em preto, os que se deseja classificar.	47
5.7	Matriz dos parâmetros extraídos dos sinais da classificação <i>C (info_ordem)</i> , com sinais agrupados e ajustes feitos para favorecer a visualização.	49
5.8	Matriz com dimensões reduzidas após o PCA dos sinais da classificação <i>C (info_ordem)</i> , com sinais agrupados e ajustes feitos para favorecer a visualização.	50
5.9	Exemplos de topologia do mapeamento SOM dos parâmetros extraídos na classificação C. Azuis são indivíduos fora da crise de epilepsia; em vermelho, durante a crise; em preto, os que se deseja classificar.	50
5.10	Matriz dos parâmetros extraídos dos sinais da classificação <i>D (info_ordem)</i> , com sinais agrupados e ajustes feitos para favorecer a visualização.	52
5.11	Matriz com dimensões reduzidas após o PCA dos sinais da classificação <i>D (info_ordem)</i> , com sinais agrupados e ajustes feitos para favorecer a visualização.	52
I.1	Trecho de código mostrando como foram definidas algumas variáveis importantes na obtenção dos parâmetros extraídos.	58
I.2	Código utilizado para processar cada sinal, extraindo os parâmetros e colocando na matriz <i>info_ordem</i>	59
I.3	Código da função <i>FaixaDeValores.m</i>	59
I.4	Código da função <i>Coeficientes.m</i>	59
I.5	Código da função <i>AumDimFreq.m</i>	60
I.6	Código da função <i>DiferencasSucessivas.m</i>	61
I.7	Código da função <i>AnaliseAR.m</i>	62
I.8	Código da função <i>FatoresDifSuc.m</i>	63

LISTA DE TABELAS

5.1	Testes realizados para encontrar uma configuração com maior taxa de acerto na classificação <i>A</i> com PCA	40
5.2	Testes realizados para encontrar uma configuração com maior taxa de acerto na classificação <i>B</i> com PCA	44
5.3	Testes realizados para encontrar uma configuração com maior taxa de acerto na classificação <i>C</i> com PCA	48
5.4	Testes realizados para encontrar uma configuração com maior taxa de acerto na classificação <i>D</i> com PCA	51
5.5	Tabela com resumo das melhores taxas de acerto médio encontradas para cada classificação	51

LISTA DE SÍMBOLOS

Símbolos Latinos

f_s	Frequência de amostragem	[Hz]
t	Tempo	[s]

Símbolos Gregos

Δ	Varição entre duas grandezas similares
----------	--

Grupos Adimensionais

e	Número de Euler
-----	-----------------

Subscritos

HF	referente a alta frequência (faixa de 0,15 a 0,40 Hz)
LF	referente a baixa frequência (faixa de 0,05 a 0,15 Hz)
$limite$	quando se refere ao EQM, indica o valor de erro quadrático médio que a rede deve atingir para interromper seu treinamento

Sobrescritos

–	Valor médio
---	-------------

Siglas

ANS	<i>autonomic nervous system</i> (ou SNA, sistema nervoso autônomo)
AR	auto-regressivo
DFT	<i>discrete Fourier transform</i> (transformada discreta de Fourier)
ECG	eletrocardiograma
EEG	eletroencefalograma
EQM	erro quadrático médio
FFT	<i>fast Fourier transform</i> (transformada rápida de Fourier)
HF	<i>high frequency</i> (alta frequência), referente a faixa do espectro de potência
HRV	<i>heart rate variability</i> (variabilidade da frequência cardíaca)
LF	<i>low frequency</i> (baixa frequência), referente a faixa no espectro de potência
MLP	<i>multilayer perceptron</i> (perceptron multicamadas)
PCA	<i>principal component analysis</i> (análise de componentes principais)
PSD	<i>power spectrum density</i> (densidade do espectro de potência)
RMS	<i>root mean square</i> (raiz quadrada da média dos quadrados)
RMSSD	<i>root mean square of successive differences</i> (raiz quadrada da média dos quadrados das diferenças sucessivas)
SNA	sistema nervoso autônomo
SOM	<i>self-organizing maps</i> (mapas auto-organizáveis de Kohonen)
S-RAA	sistema renina-angiotensina-aldosterona (ou sistema renina-angiotensina)
VLF	<i>very low frequency</i> (frequência muito baixa), referente a faixa do espectro de potência

Capítulo 1

Introdução

O estudo da variabilidade da frequência cardíaca permite entender o comportamento do sistema nervoso autônomo (SNA) em diferentes indivíduos e diferentes situações. A identificação de padrões por meio da análise desse sinal permite portanto o auxílio ao diagnóstico, à identificação de períodos de crise de doenças e o estudo de alterações sofridas pelo SNA conforme determinadas atividades. Este trabalho visa apresentar um modelo para o reconhecimento desses padrões e, portanto, a classificação desses sinais.

1.1 Motivação

No corpo humano os sistemas convivem bem interligados entre si. Portanto, mesmo uma alteração neurológica pode acarretar alterações no ritmo cardíaco. A atuação do sistema nervoso autônomo (SNA) é afetada em um alto número de patologias. Dessa forma, seu estudo é importante tanto para a avaliação dos sintomas que podem ser gerados no corpo quanto para diagnóstico de doenças. A análise de sinais de variabilidade da frequência cardíaca (*heart rate variability*, ou HRV) é um importante recurso, pois reflete o comportamento do SNA. Este desempenha papel fundamental no controle da função vegetativa do corpo humano. Regula água corporal, temperatura corporal, estados como raiva e alerta e funções internas, como o sistema cardiovascular [8]. O SNA atua na frequência dos batimentos cardíacos da seguinte forma: aumentando a frequência cardíaca (sistema nervoso simpático) ou diminuindo a frequência cardíaca (sistema nervoso parassimpático).

O desenvolvimento de ferramentas que reconheçam padrões e classifiquem sinais de HRV pode ajudar a entender o funcionamento de patologias, auxiliar o diagnóstico de pacientes e estimular pesquisas e descobertas na Medicina. Para isso, podem ser utilizados recursos de Engenharia, como processamento de sinais, redes neurais e métodos matemáticos como a análise de componentes principais (*principal component analysis*, ou PCA).

1.2 Pesquisas anteriores

Na literatura, é possível encontrar registro de diversos tipos de classificadores sendo aplicados a sinais biomédicos. Dentre eles: a estimação do ângulo de flexão do joelho por meio de sinais eletromiográficos, para permitir o controle de próteses da perna [9] e a classificação de tipos de câncer por meio de expressão de genes utilizando redes neurais [10]. Alguns trabalhos fazem a análise e pesquisas de sinais de HRV [11, 12, 13], e tratam de questões como a remoção de batimentos ectópicos [14], entre outras. Este trabalho aborda o tema de classificadores neurais aplicados a sinais de HRV.

1.3 Proposta

A proposta é de um sistema com etapas de: pré-processamento, extração de parâmetros que tragam informações acerca do sinal, redução de dimensionalidade e classificação propriamente dita. Para a última etapa, de classificação, será utilizada uma rede perceptron multicamadas, o que aponta para a necessidade de dados conhecidos para serem utilizados na etapa de treinamento, antes da classificação.

Por meio de dados disponíveis gratuitamente em meio eletrônico [15], o objetivo é mostrar a aplicabilidade do sistema implementado no reconhecimento de grupos de indivíduos em situações reais. Para isso, as classificações aqui realizadas como exemplo serão para grupos de indivíduos saudáveis ou não, em momentos de crise ou não, e realizando atividades distintas.

Ao final, o trabalho deseja contribuir com: a apresentação de um modelo para a identificação, estudo e descoberta de padrões em sinais de HRV sob diversos contextos. Por meio disso, estimular o desenvolvimento e a futura aplicação de uma ferramenta para auxílio ao diagnóstico. O sistema proposto tem a intenção de ser robusto, ou seja, possível de ser aplicado a diversos tipos de alteração no sinal de HRV.

1.4 Apresentação do manuscrito

No capítulo 2, é feito um estudo sobre sinais de HRV, seu pré-processamento e suas características que podem ser mostradas por meio de parâmetros, além de sua relação com o SNA. Em seguida, o capítulo 3 descreve os métodos empregados para a redução dos parâmetros extraídos dos sinais e sua classificação em padrões. Esses métodos serão: redes auto-organizáveis de Kohonen (*self-organizing maps*, ou SOM), redes perceptron multicamadas (*multilayer perceptron* ou MLP) e método PCA. A metodologia empregada na construção do sistema (sinais utilizados, descrição do pré-processamento, processamento e classificação como um todo) está descrita no capítulo 4. Em seguida, no capítulo 5, são apresentados os resultados da taxa de acerto das classificações feitas como exemplo, para verificação da aplicabilidade e validação do sistema. Isto é seguido das conclusões, no capítulo 6.

Capítulo 2

Variabilidade da frequência cardíaca (HRV)

A avaliação da variabilidade da frequência cardíaca (HRV) pode ser usada como um meio para avaliação do comportamento do sistema nervoso autônomo. A forma de obtenção do sinal de HRV, as informações fisiológicas que ele contém, o pré-processamento a que pode ser submetido e o seu processamento para a extração de parâmetros característicos são apresentados neste capítulo.

2.1 Conceito

O sinal de variabilidade da frequência cardíaca, também conhecido como sinal de HRV (*heart rate variability*) é a informação dos intervalos de tempo entre cada par de batimentos cardíacos consecutivos ao longo do tempo, para determinado indivíduo. Traz importantes informações acerca da atuação do sistema nervoso autônomo simpático e parassimpático, pois estes são responsáveis por atuar aumentando e diminuindo a frequência cardíaca, respectivamente.

Pode-se obter o sinal de HRV a partir de um sinal de eletrocardiograma. Sabe-se que, neste, cada ciclo cardíaco é representado por uma sequência de eventos característicos, medidos em termos de diferença de potencial elétrico. Um desses eventos é durante a contração ventricular, marcada pelo aparecimento do complexo QRS, como mostra a figura 2.1. O ponto mais elevado do sinal de eletrocardiograma geralmente é a onda R; logo, uma forma de calcular as distâncias entre os batimentos é por meio do cálculo da distância RR (distância entre as ondas R).

2.2 Sistema nervoso autônomo

O conhecimento da atuação do sistema nervoso autônomo (SNA) é importante, pois este é responsável pelo controle de funções internas do corpo. O SNA é dividido em ramos simpático e parassimpático. Dentre as atribuições do primeiro, podem ser citados: o aumento da intensidade

da atividade mental, a aceleração dos batimentos cardíacos, o aumento do metabolismo na maior parte das células e a inibição das secreções. Já para o segundo, podem ser citados: o controle da secreção gástrica e pancreática, a desaceleração dos batimentos cardíacos, a focalização dos olhos e a dilatação das pupilas. Muitas vezes, os efeitos estimulantes entre esses dois sistemas, simpático e parassimpático, são antagônicos entre si, e a regulação e equilíbrio entre ambos é essencial para o bom funcionamento de muitas atividades vegetativas do corpo [8].

2.3 Batimentos ectópicos e falsos negativos e positivos

No batimento cardíaco normal, a atividade elétrica do coração tem origem em uma estrutura anatômica do coração chamada nó sinusal ou sinoatrial. O SNA atua diretamente no controle da frequência da atividade elétrica deste nó. Quando a atividade elétrica tem origem em outra parte do coração antes da entrada em ação do nó sinusal, tem-se o chamado batimento ectópico [16], que é portanto o batimento prematuro que ocorre quando os átrios ou ventrículos são ativados eletricamente antes de um batimento cardíaco normal [17]. Essas contrações, em geral, são comuns e não evidenciam perigos, a não ser em indivíduos com cardiopatias. São geralmente seguidos de pausas compensatórias, que correspondem à ocorrência de um intervalo RR mais longo que o normal, logo após o intervalo RR curto, prévio ao batimento ectópico.

Como não são devidos à atuação do SNA, os ectópicos devem ser desconsiderados para a análise dos controles simpático e parassimpático. Para isso, primeiramente devem ser identificados, seja diretamente no ECG, seja no sinal de HRV, como foi feito neste trabalho. A primeira forma é mais recomendada, por permitir uma análise mais completa do batimento cardíaco, entretanto pode demandar muito tempo, principalmente quando se trata de um grande volume de sinal [12]. A identificação do ectópico diretamente do sinal de HRV segue sua definição: dentre intervalos de determinado valor, o ectópico geralmente se destaca por ter um intervalo mais curto, seguido ou não de um mais longo. Isso pode ser visto na figura 2.2, obtida com o software ECGLab [2]. Após a identificação, os batimentos ectópicos e as pausas devem ser tratados (por algum método de interpolação), ou ainda removidos (o sinal fica então como se os intervalos dos batimentos descartados nunca tivessem existido).

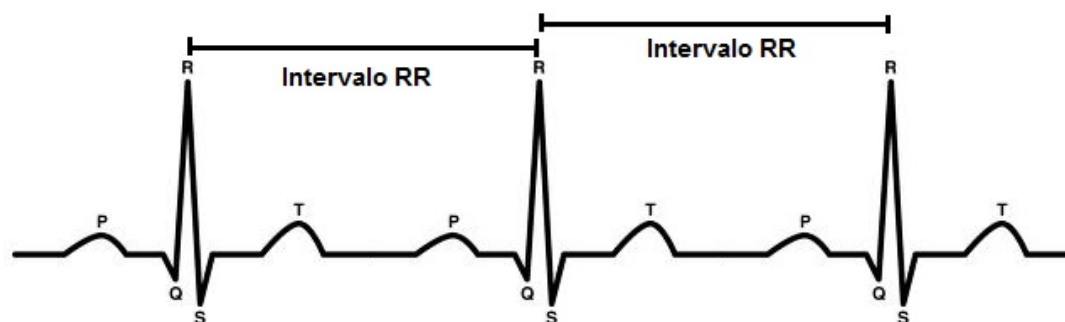


Figura 2.1: Sinal de eletrocardiograma com a identificação do intervalo RR (adaptada de figura da referência [1])

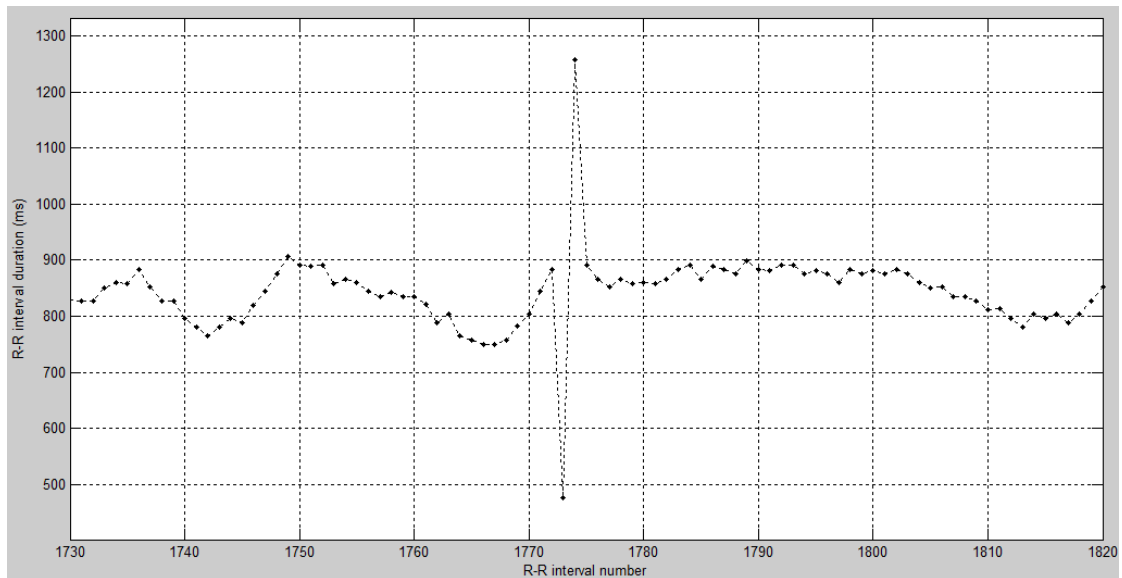


Figura 2.2: Imagem obtida pelo ECGLab de trecho de sinal de HRV mostrando a ocorrência de um batimento ectópico.

Muitas vezes, entretanto, aparecem também nos sinais de HRV batimentos com intervalos exageradamente altos ou baixos, sem nenhum valor anormal logo antes ou logo depois. Nesses casos, frequentemente trata-se de falsos negativos ou falsos positivos. Os primeiros dizem respeito a faltas no sistema de identificação de batimentos, enquanto os segundos dizem respeito à identificação de batimentos de maneira equivocada, ou seja, sem eles terem acontecido (no caso da identificação a partir do ECG, isso pode ocorrer devido a um limiar demasiadamente alto para identificação dos eventos R ou demasiadamente baixo, respectivamente). Tanto o falso negativo quanto o falso positivo são falhas, e portanto devem ser retirados do sinal de HRV, como se nunca tivessem existido, pois não retratam qualquer interferência do sistema nervoso na frequência cardíaca.

2.4 Análise do sinal de HRV

2.4.1 Introdução

A análise do sinal de HRV pode ser feita de diversas formas, dentre elas: temporal, que é a análise do comportamento no domínio do tempo; espectral, que consiste na análise no domínio da frequência; análise do *plot* de Poincaré, que consiste na análise dos pares de intervalos RR sucessivos; e, por fim, análise sequencial, que mostra o comportamento de diferenças sucessivas entre intervalos RR consecutivos. Abaixo, segue uma breve descrição acerca de cada um dos métodos mencionados. Vale ressaltar que existem ainda outros métodos de análise do sinal de HRV, como a análise destendenciada de flutuação [11] e a análise tempo-frequencial [2]. Tais métodos entretanto não foram abordados neste trabalho, e um dos motivos é que seu alvo principal são sinais de longa duração, o que não corresponde aos sinais aqui utilizados.

Deve ser ressaltado que, para análise do HRV, ao fazer comparações, devem ser levados em

consideração fatores individuais sempre que possível (idade, sexo, condicionamento físico, pressão sanguínea e respiração). De uma forma geral, uma grande disparidade ou desconhecimento entre esses componentes pode levar a conclusões errôneas. Portanto, as comparações devem ser feitas entre grupos sob condições similares (a despeito da que se deseja classificar) [18, 3].

2.4.2 Análise temporal

A análise temporal, como o nome indica, é a análise da representação dos intervalos RR em função do tempo. Assim, é a análise direta do próprio sinal de HRV, por meio da extração de parâmetros como valor máximo de intervalo, valor mínimo, faixa dinâmica, média, desvio-padrão, variância, coeficiente de variação (desvio-padrão dividido pela média), faixa máximo-mínimo, e percentil. Muitos desses parâmetros, como média e percentil podem ser classificados também como forma de análise estatística, mas aqui considerou-se que fazem parte da análise temporal pois são calculados diretamente sobre a forma temporal do sinal de RR.

Os valores máximo e mínimo indicam os valores extremos de intervalo RR para determinada janela de sinal. A faixa dinâmica é o valor da diferença entre esses extremos. Média, desvio-padrão, variância são conceitos bem definidos e conhecidos na estatística. A primeira diz respeito ao valor médio dos valores; o segundo e o terceiro estão estritamente relacionados (desvio-padrão é a raiz quadrada da variância, e diz respeito ao desvio que os valores pontuais costumam apresentar em relação à média do sinal). Percentil $n\%$ indica o valor de sinal abaixo do qual estão $n\%$ dos dados do sinal. Por exemplo: dizer que um valor é percentil 25% (primeiro quartil) corresponde a dizer que 25% dos dados do sinal têm valores abaixo daquele. Dessa forma, é direta a conclusão de que percentil 50% corresponde à mediana do sinal. O valor de percentil 75% é chamado valor de terceiro quartil. Seja um sinal com n pontos, em que x_i são os valores para cada ponto do sinal, em que i varia de 1 até n . As equações (2.1) e (2.2) mostram de forma sucinta a definição de média (\bar{X}), variância (σ^2) e de desvio-padrão (σ) para este sinal, respectivamente.

$$\bar{X} = \frac{\sum_n (x_i)}{n} \quad (2.1)$$

$$\sigma = \sqrt{\sigma^2} = \sqrt{\frac{\sum_n (x_i - \bar{X})^2}{(n - 1)}} \quad (2.2)$$

2.4.3 Análise espectral

A análise espectral permite o estudo de componentes do sinal em diferentes frequências. Nela, pode-se obter a densidade do espectro de potência (*power spectrum density* ou PSD), para análise da distribuição da energia do sinal, e extrair parâmetros como quantidade de energia de alta frequência e de baixa frequência (as faixas de frequência para estudo ficam a critério do analisador, e elas são definidas conforme conhecimento prévio na literatura do que elas representam). Pode-se obter ainda a razão entre energias de baixa e de alta frequência.

As energias de alta frequência estão associadas a componentes de alta frequência do sinal, ou seja, a oscilações em um curto intervalo de tempo. Quanto mais representativas são essas oscilações, maior deve ser essa energia. Por esta razão, é muito importante que os batimentos ectópicos sejam removidos, a fim de não causarem um (falso) aumento na energia de alta frequência obtida. De forma semelhante, energia de baixa frequência se refere aos componentes de oscilações do sinal em um intervalo mais longo de tempo (tendendo ao infinito, portanto, poderia incluir o próprio componente constante do sinal; como este não é desejado para esta análise, a média do sinal deve ser retirada). Geralmente são utilizados sinais de cerca de 5 minutos, de modo a cobrir a resolução espectral desejada. Para as altas frequências, utiliza-se a faixa de 0,15 Hz a 0,4 Hz, correspondendo à faixa de frequência de resposta do sistema nervoso parassimpático; para as baixas frequências, considera-se de 0,04 Hz a 0,15 Hz. Além dos valores de energia absoluta, podem ser calculados valores de energia normalizada. Para isso, basta tomar o valor da energia de alta ou baixa frequência (HF, ou *high frequency*, e LF ou *low frequency*, respectivamente) e dividi-lo pela faixa de energia total, subtraídas a energia de frequência muito baixa (VLF, ou *very low frequency*) e a energia de frequência acima de 0,4 Hz, como mostram as equações (2.3) e (2.4). Para sinais curtos, pode-se dizer que E_{VLF} corresponde a energias na faixa abaixo de 0,04 Hz, e seu uso para avaliação não é recomendável neste caso. Entretanto, caso fossem utilizados sinais de 24h obtidos pelo gravador Holter, devido à alta resolução espectral, a E_{VLF} poderia ser levada em consideração e poderiam ser medidas ainda faixas de ultra baixa frequência (*ultra-low frequency* ou ULF), para valores de frequência abaixo de 0,003Hz [3]. ¹

$$E_{LFnorm.} = \frac{E_{LF}}{E_{LF} + E_{HF}} \quad (2.3)$$

$$E_{HFnorm.} = \frac{E_{HF}}{E_{LF} + E_{HF}} \quad (2.4)$$

Há diversos métodos que possibilitam a análise espectral, dentre eles: a transformada de Fourier (no caso, a transformada discreta de Fourier, ou DFT) e o modelo auto-regressivo (AR). Ambos permitem encontrar a densidade do espectro de potência. Mas o modelo AR é muitas vezes preferido, pois aproxima a envoltória do espectro de frequência do sinal por uma equação que assemelha um filtro só de pólos [19]. Assim, a curva espectral fica mais suave. Enquanto isso, a curva da DFT é formada de grandes variações em forma de picos. Para a obtenção da DFT ou do modelo AR, é importante antes reamostrar o sinal desejado de maneira uniforme (para isso, neste trabalho são utilizadas *splines* cúbicas).

Em seguida, seja N o número total de pontos e x_n o valor de intervalo RR assumido por cada ponto, com a média dos intervalos retirada. A equação (2.5) a seguir mostra como encontrar a DFT desejada para os sinais sem média.

$$F(k) = \sum_{n=0}^{N-1} x_n e^{-i2\pi k \frac{n}{N}} \quad (2.5)$$

¹Para o cálculo da energia normalizada neste trabalho, entretanto, foi calculada a energia em relação a $E_{VLF} + E_{LF} + E_{HF}$. Foi verificado que o componente E_{VLF} , apesar da natureza desconhecida, ajudou na separação dos grupos; portanto, necessita de mais estudo.

Para o espectro de Fourier, seja T_s o período de amostragem e N o número de pontos, e seja $F(k)$ a DFT do sinal tratado. Então, a função da densidade do espectro de potência pode ser determinada pela equação (2.6).

$$PSD(k) = T_s \frac{|F(k)|^2}{N} \quad (2.6)$$

Deve-se ressaltar que, para minimizar o esforço computacional necessário, em vez da DFT propriamente dita, pode ser calculada a FFT (transformada rápida de Fourier), que é um algoritmo rápido para implementação da primeira e gera resultados idênticos. Enquanto a primeira requer N^2 operações, a segunda requer somente até $N \log(N)$ operações.

Já para o espectro auto-regressivo, faz-se o cálculo dos parâmetros do polinômio que estima o modelo do sinal RR (sem o valor médio deste), supondo um filtro de resposta infinita ao impulso só de pólos. O sinal RR é assumido como a saída de um sistema AR cuja entrada é ruído branco. Esse sistema tem $H(k)$ como função de transferência. Pelo Matlab, isso pode ser feito utilizando o método de Burg. Seja um modelo AR de ordem p . A equação (2.7) a seguir mostra o $H(z)$ que se deseja calcular por esse método, por meio da descoberta dos parâmetros α_n , e da estimação da variância do ruído branco de entrada (λ).

$$H(z) = \frac{1}{1 + \sum_{n=1}^p \alpha_n z^{-n}} \quad (2.7)$$

Para se descobrir o $H(k)$, basta fazer as substituições necessárias: $z = e^{j\omega}$, em que $j \cdot j = -1$, e é o número de Euler e ω é a frequência angular em rads/s; $\omega = 2\pi f$, em que f é a frequência linear (em Hz); e por fim $f = \frac{k \cdot f_s}{N}$, em que f_s é a frequência de amostragem para o novo modelo e N é o seu número de amostras. Tem-se então a equação (2.8)

$$H(k) = \frac{1}{1 + \sum_{n=1}^p \alpha_n e^{-j2\pi k f_s n / N}} \quad (2.8)$$

Calcula-se, então, a resposta em frequência $H(k)$, conforme um novo valor de amostragem. Seja T esse período de reamostragem, $H(k)$ o espectro de frequência para o modelo AR, e λ a variância do ruído de predição (variância encontrada após o cálculo dos coeficientes AR). Então, a função da densidade do espectro de potência pode ser determinada pela equação (2.9).

$$PSD(k) = \lambda T |H(k)|^2 \quad (2.9)$$

As equações (2.6) e (2.9), quando plotadas, resultam nos gráficos da figura 2.3.

Antes de transformar o sinal RR sem média para o espectro da frequência, deve-se interpolá-lo para que fique com intervalo de amostragem uniforme e em seguida atentar para a janela utilizada no domínio do tempo. Isto é, o sinal RR de duração finita equivale a um sinal de RR de duração infinita multiplicado, ponto a ponto, por uma janela retangular. No domínio espectral, isso indica que haverá um espalhamento do valor obtido em cada frequência, nas frequências próximas

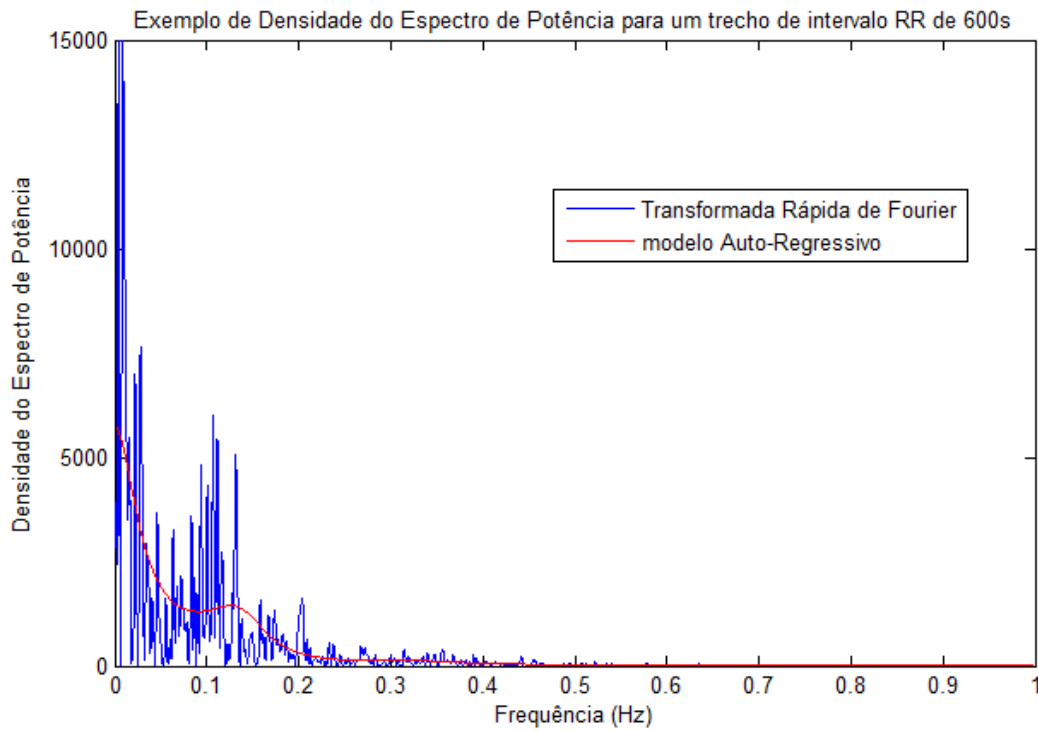


Figura 2.3: Gráfico da densidade do espectro de potência de um sinal RR (de indivíduo saudável durante respiração metronômica) por dois métodos: DFT e AR.

(convolução com um *sinc*). Para diminuir esse espalhamento, podem ser utilizadas janelas com menor espalhamento lateral; entretanto, à medida em que este diminui, aumenta a largura do lóbulo espectral e, portanto, a resolução espectral torna-se menor (esse outro extremo pode ser observado na janela Blackman). O melhor portanto é procurar uma solução de compromisso entre resolução espectral e largura do lóbulo principal. Esse equilíbrio foi encontrado ao se utilizar a janela de Hanning. A figura 2.4 [2] ilustra a explicação dada com uma comparação entre as diversas janelas.

Já é de conhecimento comum na literatura científica que a análise de componentes de alta frequência se refere ao estudo do comportamento do controle exercido pelo sistema nervoso parassimpático [20, 21], mas ainda permanece duvidoso o significado do estudo de energias em baixa frequência. Há estudos discordantes sobre esse tema: alguns defendem que a região de baixa frequência parece representar o comportamento simpático [22] e outros ressaltam o fato de que essa é uma região incerta [3], seja porque o sistema parassimpático pode responder em uma vasta faixa de frequências enquanto o simpático, somente em faixas abaixo de cerca de 0,1 Hz [23], seja porque há suspeitas da participação do sistema renina-angiotensina-aldosterona (S-RAA) e do reflexo baro-receptor nas regiões do espectro de baixa frequência [20, 21]. Há ainda estudos cujos resultados questionam a investigação do sistema nervoso simpático pelo sinal de HRV [24]. O fato é que o conhecimento dessa região espectral (baixas frequências, até 0,1 Hz) precisa ser melhor investigado [21].

A explicação fisiológica para a resposta mais rápida dada pelo sistema nervoso parassimpático

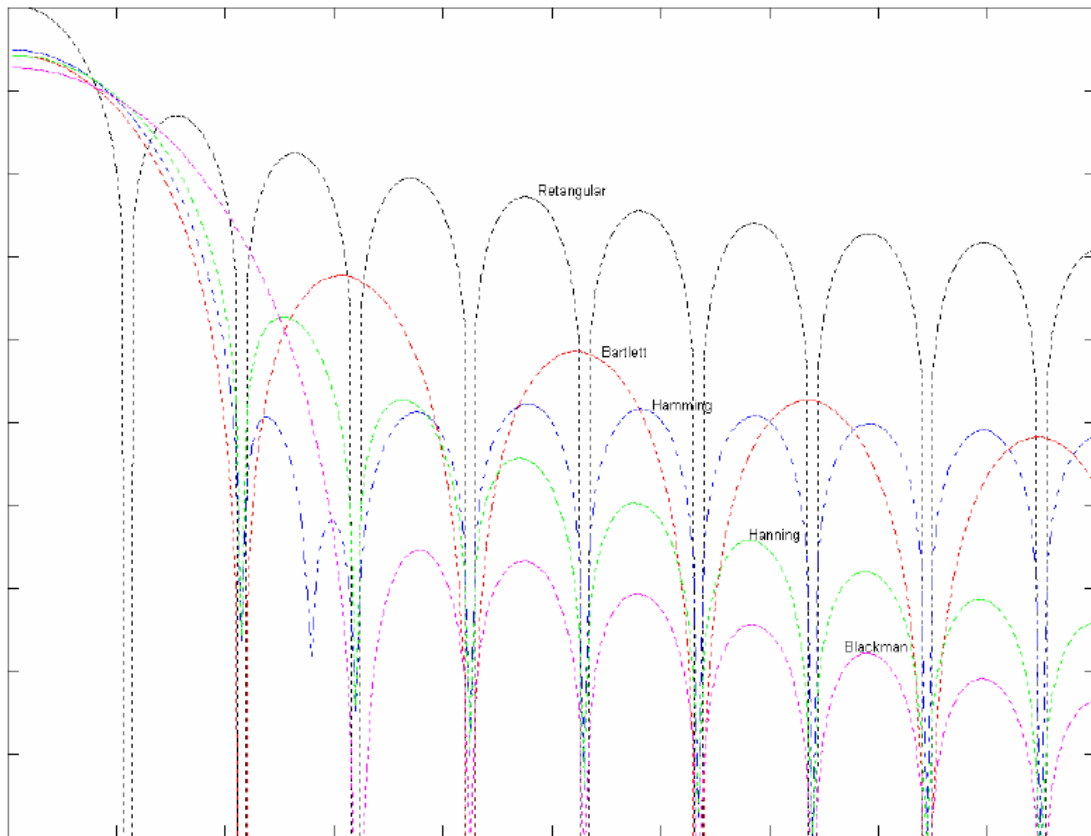


Figura 2.4: Espectro de frequência dos modelos de janela mais utilizados. Gráfico obtido da referência [2].

está nos neurotransmissores liberados. A influência parassimpática é mediada pela liberação de acetilcolina, e os receptores respondem a essa liberação ao aumentar a condutância de K^+ da membrana da célula. A influência simpática é mediada pela liberação de epinefrina e norepinefrina. Como o nó sinusal é rico em acetilcolinesterase (enzima responsável pela quebra da acetilcolina), o efeito do impulso parassimpático é mais rápido porque a acetilcolina é rapidamente hidrolisada [3].

2.4.4 Análise de Poincaré

Na análise de Poincaré, primeiro deve ser feito o *plot* dos intervalos RR sucessivos. A partir da análise de parâmetros entre eles, algumas informações podem ser extraídas. A figura 2.5 mostra um exemplo de *plot* de Poincaré para um sinal de HRV. Nela, para cada intervalo de posição n , são mostrados o valor do intervalo n em milissegundos (o próprio x) e o valor do seguinte, $n + 1$, em milissegundos, no eixo y .

A partir da figura, pode-se fazer uma regressão de reta e achar os coeficientes a e b tal que procuram satisfazer $y = ax + b$ para cada ponto. Esses são os coeficientes angular e linear de regressão, respectivamente. Sua análise permite conhecer o comportamento padrão da amostra sucessiva, quando se tem a amostra atual conhecida. Pode-se ainda fazer a análise da correlação

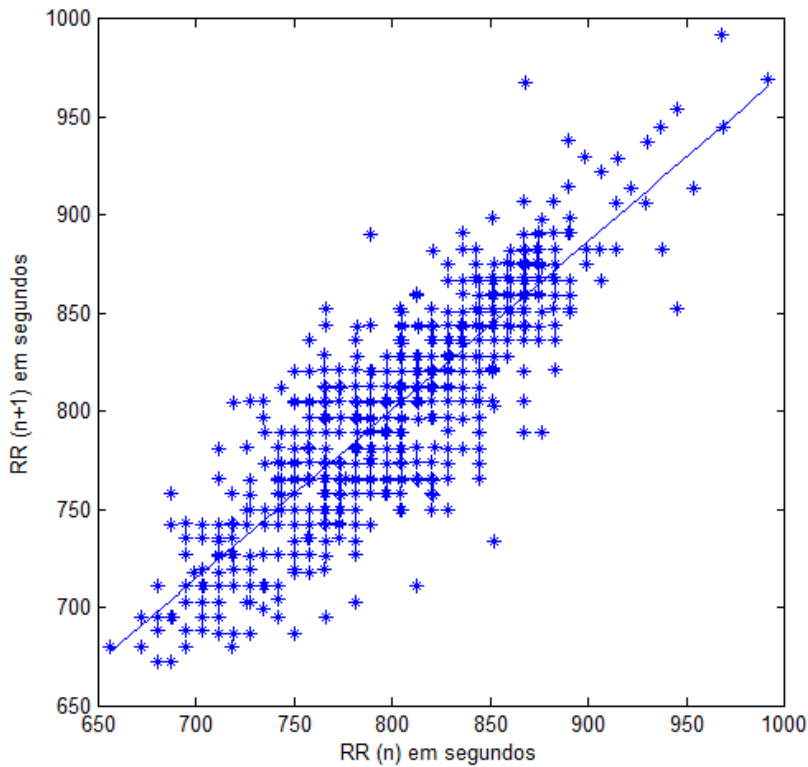


Figura 2.5: Exemplo de *plot* de Poincaré de sinal de HRV de um indivíduo saudável durante respiração metronômica. A linha reta representa a regressão linear dos pontos.

entre x e y . Quando se calcula a matriz de correlação entre x e y , pode-se conhecer o comportamento da covariância entre eles, e portanto a medida de como variam conjuntamente. Essa é uma medida estatística e está associada à avaliação das similaridades do comportamento de x e y . No sinal de HRV, essa correlação pode ser interpretada como uma forma de avaliar o quanto o indivíduo não está interrelacionado com fatores externos, e sim concentrado em si mesmo. Outro parâmetro que pode ser extraído nessa análise é o centróide do plot de Poincaré. Ele pode ser obtido ao se fazer a média entre os valores de x e em seguida a média entre os valores de y do plot de Poincaré.

2.4.5 Análise Sequencial

A análise sequencial é obtida de maneira semelhante à análise de Poincaré. Enquanto esta diz respeito ao comportamento entre intervalos sucessivos, aquela trata do comportamento de diferenças sucessivas entre intervalos RR sucessivos, ou seja, o comportamento de valores de $\Delta RR(n)$ sucessivos, tal que $\Delta RR(n) = RR(n+1) - RR(n)$. A figura 2.6 mostra um exemplo de plot de análise sequencial.

A partir dessa análise, pode-se detectar a porcentagem de pontos com tendência ao aumento da frequência cardíaca (quando duas diferenças sucessivas apresentam valor negativo, ou seja, ocorre a diminuição dos intervalos RR duas vezes seguidas) ou com tendência à sua diminuição (quando

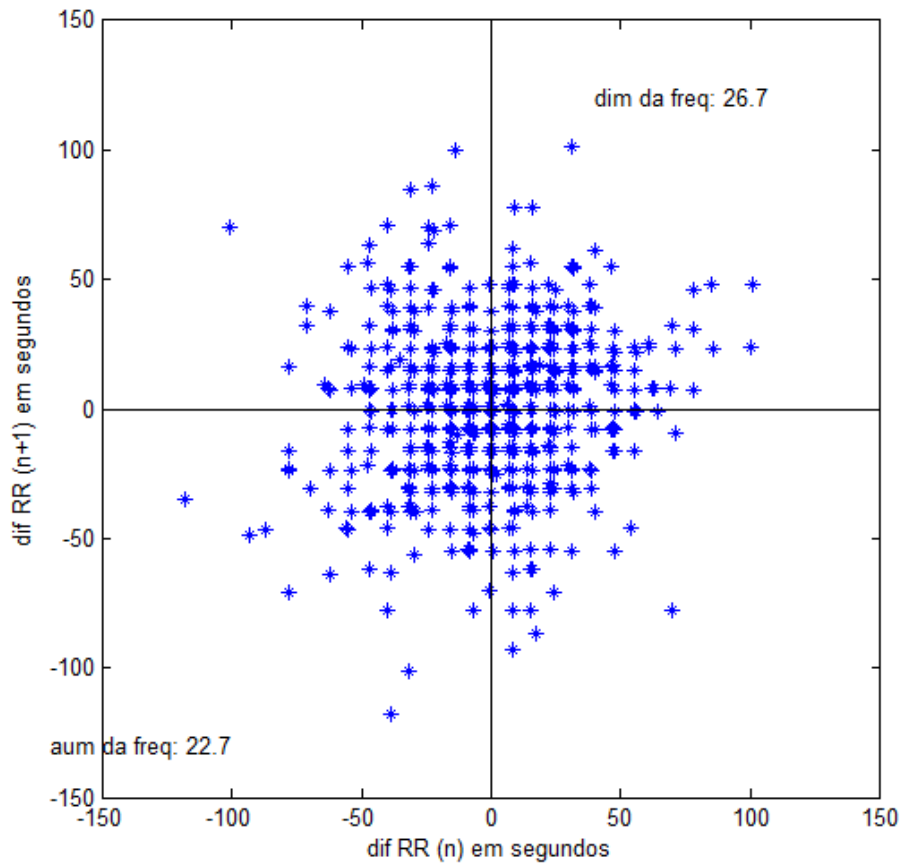


Figura 2.6: Exemplo de *plot* sequencial das diferenças de sinal de HRV de indivíduo saudável durante respiração metronômica. Neste caso, foram calculados 26,7% dos pontos com tendência à diminuição da frequência cardíaca e 22,7% com tendência ao aumento.

duas diferenças sucessivas apresentam valor positivo, ou seja, ocorre o aumento dos intervalos RR duas vezes seguidas). Para isso, separa-se e classifica-se os pontos do *plot* em 4 quadrantes, dentre os quais o primeiro (+/+) corresponde a duas diferenças sucessivas de valor positivo, portanto representa uma tendência à redução da frequência cardíaca; e o terceiro (-/-) corresponde a duas diferenças sucessivas de valor negativo, portanto representa uma tendência ao aumento da frequência cardíaca.

São calculados ainda o pNN50 e o RMSSD. O primeiro é a porcentagem das diferenças absolutas entre intervalos RR sucessivos que excedem 50ms, dentre todas as diferenças absolutas de intervalos sucessivos do sinal analisado. Um valor alto para esse parâmetro pode indicar uma tendência a variações bruscas entre os intervalos RR. O segundo é o valor RMS (raiz quadrada da média dos quadrados) das diferenças sucessivas, e traz em si uma avaliação semelhante ao do pNN50.

É conhecido que o pNN50 e o RMSSD têm medidas altamente correlacionadas e, por sua vez, têm alta correlação com valores de energia de alta frequência no domínio espectral. O RMSSD pode ser considerado uma medida da arritmia sinusual respiratória (RSA), que por sua vez é capaz de medir a atividade do sistema nervoso parassimpático [18]. Isto é, tanto o pNN50 quanto o RMSSD podem ser utilizados para avaliar e comparar o aumento da atividade parassimpática.

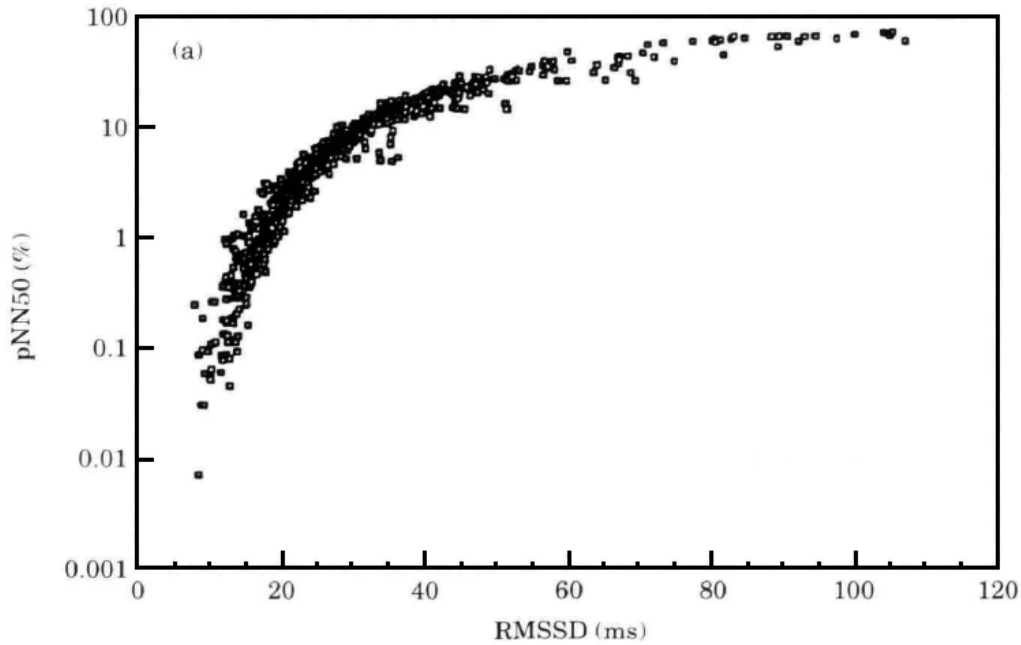


Figura 2.7: Relação entre RMSSD e pNN50. Medidas de HRV de 857 gravadores Holter 24h em sobreviventes de infarto do miocárdio agudo antes da alta hospitalar. Dados do Programa de Vistoria de Pesquisa Pós-Infarto St. George. Gráfico obtido da referência [3].

Ainda assim, o uso de ambos neste trabalho é respaldado pela idéia de que, em geral, para certa faixa de valores, o pNN50 tem maior sensibilidade, sendo portanto um bom medidor, enquanto para outras, o RMSSD traz uma medida mais apurada [3]. A figura 2.7 mostra essa situação. Note que, para valores de RMSSD acima de cerca de 30 ms, este é um medidor mais sensível; já para valores de RMSSD abaixo de 30 ms, o pNN50 parece ser mais sensível.

Pode-se calcular ainda a correlação entre as diferenças sucessivas de intervalos sucessivos. Ela pode ser capaz de indicar, por exemplo, que um indivíduo está mais concentrado, menos influenciável por fatores externos em um momento de meditação (caso em que a diferença entre os batimentos RR sucessivos atuais está altamente correlacionada com a diferença anterior) [25].

Os parâmetros citados aqui constituem uma sugestão para análise do sinal de HRV sob diversos aspectos. Entretanto, a partir deles, podem surgir outras idéias para a extração de novos parâmetros característicos.

Capítulo 3

Classificação dos padrões

Neste capítulo, serão abordados os métodos que foram utilizados neste trabalho para a classificação dos padrões, de maneira direta (obtenção das saídas desejadas) ou auxiliar (redução do número de variáveis). São eles: as redes auto-organizáveis de Kohonen (redes SOM), a rede perceptron multicamadas (MLP) e a análise de componentes principais (PCA), sendo que os dois primeiros são formas de redes neurais artificiais e a última é um recurso matemático de processamento de sinais. Tanto a rede SOM quanto o método de PCA são importantes ferramentas de redução de dimensionalidade [26], e serão aqui utilizadas com este propósito.

3.1 Redes MLP

3.1.1 Introdução: O perceptron

Dentre os primeiros trabalhos que surgiram para desenvolver modelos matemáticos fundamentados no neurônio biológico, tratando assim do chamado “neurônio artificial”, está o modelo básico do perceptron, desenvolvido por Rosenblatt [27], capaz de reconhecer padrões simples. A inspiração na biologia se deve ao alto paralelismo e conectividade existentes entre os neurônios humanos. O modelo básico do perceptron despertou o interesse da comunidade científica da época, que logo demonstrou as limitações do seu uso (impossibilidade dessas redes realizarem a correta classificação para problemas não linearmente separáveis).

Surgiu então a alternativa do uso da rede com mais de uma camada, por meio do desenvolvimento de um algoritmo chamado de *backpropagation*, que permitia ajustar os pesos dos diversos neurônios. Foram desenvolvidos então algoritmos de aprendizado baseados nessa nova descoberta, como o de Levenberg–Marquardt. Essas redes de perceptron com múltiplas camadas (ou multicamadas) são as chamadas redes MLP (multilayer perceptron), mais robustas que os perceptrons

individuais.

Os perceptrons funcionam da seguinte forma: constituído de n sinais de entrada (x_i com i variando de 1 até n) e um único sinal de saída y , sejam os pesos sinápticos definidos por w_i com i variando de 1 até n . Seja θ seu valor de limiar de ativação, ou termo de ponderação. Então sua saída é definida pelas equações mostradas em (3.1).

$$\begin{cases} u = \sum_{i=1}^n w_i x_i - \theta \\ y = g(u) \end{cases} \quad (3.1)$$

Na equação referida, $g(u)$ é a função de ativação e u é chamado de potencial de ativação. A figura 3.1 mostra o diagrama de blocos com o esquemático do perceptron, conforme descrito. A função de ativação tipicamente utilizada é um degrau ou degrau bipolar, a fim de realizar a classificação da entrada em duas possíveis classes na saída.

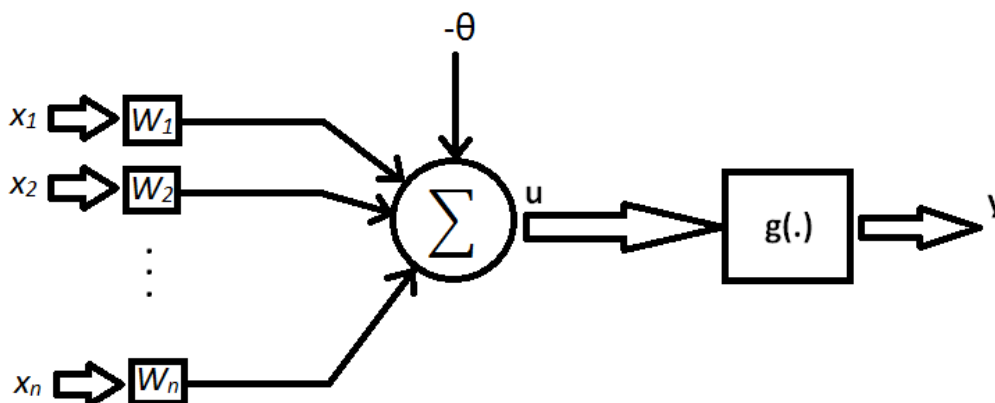


Figura 3.1: Diagrama de blocos com a representação do funcionamento do perceptron.

É direta a conclusão de que, caso as classes a serem classificadas não sejam linearmente separáveis, um só *perceptron* não é suficiente para a correta classificação. Isso ocorre porque a equação de saída desse neurônio em função das entradas é linear. A figura 3.2 a seguir deixa mais clara essa conclusão, mostrando um exemplo de classes que podem ser separadas por um perceptron.

3.1.2 MLP: A rede perceptron multicamadas

Com base na limitação do perceptron, um sistema com pelo menos uma camada intermediária de neurônios pode ser desejável. Isso ocorre no MLP, em que se utiliza pelo menos uma camada intermediária de neurônios, além da camada de saída. Já na camada de entrada, os dados de entrada são recebidos. A propagação dos sinais de entrada pelo MLP ocorre sempre em direção à camada de saída, e tem-se portanto a chamada arquitetura *feedforward*. A figura 3.3 ilustra a organização da rede MLP. Cada neurônio nesta rede funciona seguindo o mesmo modelo do perceptron individual na geração de sua saída.

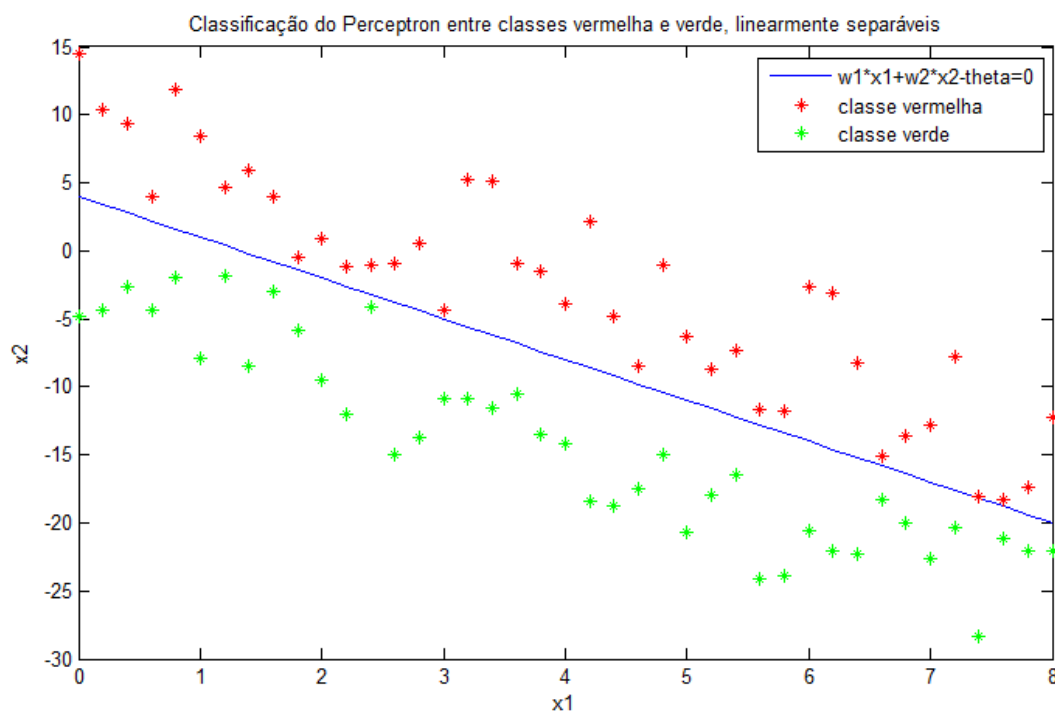


Figura 3.2: Classificação de *perceptron* entre duas classes linearmente separáveis.

Até agora foi tratado o processo de teste, a utilização final da rede MLP. Para que ela seja utilizada, entretanto, é preciso um processo de treinamento da rede. Para isso, um conjunto de dados de treinamento deve ser utilizado para ensiná-la os tipos de dados que se deseja classificar. O algoritmo de aprendizado da rede MLP, *backpropagation*, ou propagação reversa, ou ainda regra Delta generalizada, realiza os ajustes dos pesos sinápticos e limiares de ativação de maneira que, para os sinais de entrada utilizados no treinamento, os erros produzidos pelas respostas da rede frente àquelas desejadas seja cada vez menor. Então, pode-se dizer que o treinamento dessa rede é um processo supervisionado, pois compara os valores de saída desejados, *target*, com os valores obtidos. O ajuste dos pesos consiste em duas etapas principais: a primeira no sentido da entrada para a saída (e a verificação do erro quadrático médio em relação à saída desejada) e a segunda no sentido contrário, para realizar o ajuste dos pesos nos neurônios, baseado no gradiente da função erro quadrático. Para mais detalhes sobre esse método, recomenda-se consultar a bibliografia [28]. Dessa forma, o algoritmo converge quando o erro quadrático médio (EQM) entre duas épocas sucessivas for suficientemente pequeno. Esse procedimento de etapa *forward* e etapa *backward* é realizado tantas vezes quanto necessário, em um total chamado de número de épocas.

O importante de se ressaltar aqui é que, da mesma forma que a pequena quantidade de neurônios pode não ser suficiente para a classificação adequada dos dados (como os perceptrons para problemas não linearmente separáveis), a quantidade exagerada de neurônios pode resultar em uma classificação igualmente inadequada. Para entender isso, basta imaginar que, em vez de generalizar, o excesso de neurônios pode procurar desenvolver memória excessiva para os dados de treinamento, “decorando-os”, e se tornar insuficiente para os demais. Por isso, é importante saber a medida da quantidade de neurônios que se deve utilizar. Para isso, recomenda-se um bom

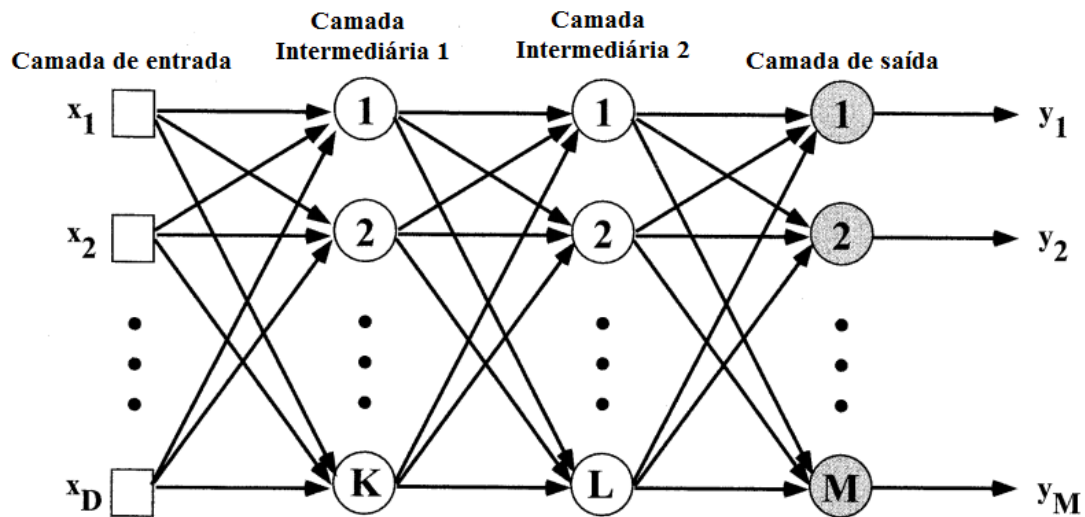


Figura 3.3: Organização da rede MLP e sentido de propagação dos sinais [4]

conhecimento do sistema, ou ainda uma quantidade razoável de dados para validação ou teste. Diferente dos dados de treinamento, os dados de validação são utilizados para, entre as épocas de treinamento, validar a rede e verificar a taxa de acerto na classificação. Caso a taxa de acerto para os dados de validação seja acima de determinado valor, o sistema interrompe o treinamento. Quando se tem muitos dados, esse é um recurso muito útil. Entretanto, para um pequeno volume de dados de validação, pode ser uma medida perigosa, visto que as oscilações na taxa de acerto de uma quantidade de amostras pequenas tendem a ser maiores. Já os dados de teste não têm interferência direta no sentido de interromper o treinamento.

Para os neurônios da MLP, diferente do perceptron, em geral utilizam-se diversos tipos de funções de ativação além da degrau e da degrau bipolar (como a tangente hiperbólica, logarítmica, linear). O uso da função mais apropriada depende do tipo de saída que se espera do sistema.

De maneira geral, quanto maior e mais variada for a quantidade de sinais de entrada na etapa de treino, mais robusta a rede ficará. Isso se deve ao fato de que, ao analisar um grande e vasto número de casos, a rede passa a aprender com situações bem variadas, e a capacidade de classificação acertada para casos desconhecidos tende a ser maior.

As possíveis atribuições das redes MLP são: regressão de funções, classificação de padrões e funcionalidades relacionadas a sistemas dinâmicos (variantes no tempo). Neste trabalho, elas serão utilizadas para classificação de padrões.

3.2 Redes SOM

Redes auto-organizáveis de Kohonen, ou redes SOM (*self-organizing maps*), são estruturas neurais artificiais de aprendizagem não-supervisionada. Isso significa que inexistem saídas desejadas no processo de treinamento da rede. Esse processo, portanto, vai ser baseado na observação de

informações relevantes sobre o comportamento das entradas. São redes de método de treinamento competitivo, que detectam similaridades, correlação e regularidade nos padrões de entrada [28] e os agrupam em classes, ou *clusters*, num processo chamado de clusterização (embora a rede SOM possa ser usada com outras finalidades, essa é a sua principal). Por meio desse agrupamento, é possível identificar características similares entre as amostras, identificar relações.

O princípio por detrás do aprendizado competitivo é a concorrência entre os neurônios. Para cada amostra, os neurônios competem entre si e um deles sai vencedor da competição. Pela vitória, o prêmio é ter seus pesos ajustados. Caso haja conexões laterais desse neurônio com seus vizinhos (relação geralmente definida pela delimitação de um raio de vizinhança), os pesos destes também serão ajustados. A forma utilizada para determinar o neurônio vitorioso é sua proximidade com a amostra $\{x^{(k)}\}$, que contém i dimensões de entrada. Para isso, as dimensões da amostra são comparadas com os pesos do neurônio j de pesos $\{w_i^{(j)}\}$, e calcula-se a distância entre eles conforme mostra a equação (3.2). A incógnita $dist_j^{(k)}$ apresenta os valores calculados de distância para um neurônio j em relação à uma amostra k . O neurônio que apresentar a menor distância em relação a determinada amostra é o neurônio vencedor. Ocorre então o ajuste dos pesos, no sentido de diminuir ainda mais a distância entre o neurônio vencedor e a amostra. Caso se utilizem relações de vizinhança, os neurônios mais próximos também devem ser ajustados nesse sentido, só que em menor proporção. O número de pesos do neurônio é igual ao número de dimensões das amostras. Recomenda-se que tanto os neurônios quanto as amostras tenham seus valores de pesos normalizados.

$$dist_j^{(k)} = \sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i^{(k)} - w_i^{(j)})^2} \quad (3.2)$$

Após a convergência, o objetivo é deixar cada vetor de neurônio posicionado nos centros dos agrupamentos de amostras com características em comum. Após esse agrupamento, algum conhecimento prévio pode ser utilizado para separar as amostras em classes. Nesse ponto, é importante discernir duas formas de visualizar a rede SOM [29]. A primeira se refere diretamente ao ajuste de pesos dos neurônios, seu consequente reposicionamento e ao fato de que o número de pesos de cada neurônio é igual ao número de dimensões em cada dado de entrada. A segunda diz respeito ao mapa topológico, que pode ter menos dimensões que as entradas, abriga os neurônios conforme determinada grade fixa (hexagonal, quadrada, aleatória) e é responsável por permitir a classificação dos dados após o treinamento.

Essa classificação é feita em função de seus neurônios representantes: por exemplo, um caso em que, após o treinamento, os neurônios 1 e 2 apontam para centros de aglomerados cujas amostras são da classe A; enquanto os neurônios 3 e 4 apontam para centros de aglomerados cujas amostras são da classe B. Os mapas topológicos informam como é a distribuição dos neurônios frente a seus vizinhos. É importante ressaltar que os mapas topológicos muitas vezes têm apenas 2 ou 3 dimensões, mesmo quando os neurônios têm várias dimensões (ou pesos). É dessa forma que a rede constitui uma ferramenta eficaz na redução de dimensionalidade, e é muitas vezes utilizada com este propósito [26]. Para isso, a rede SOM converte relações complexas, estatísticas, não-lineares

entre dados multidimensionais em relações geométricas simples de baixas dimensões [5]. A figura 3.4 mostra, exemplificadamente, como a rede SOM assemelha dados complexos em uma grade de nós bidimensional. Nota-se que cada neurônio em relação a seus vizinhos apresenta características muito similares.

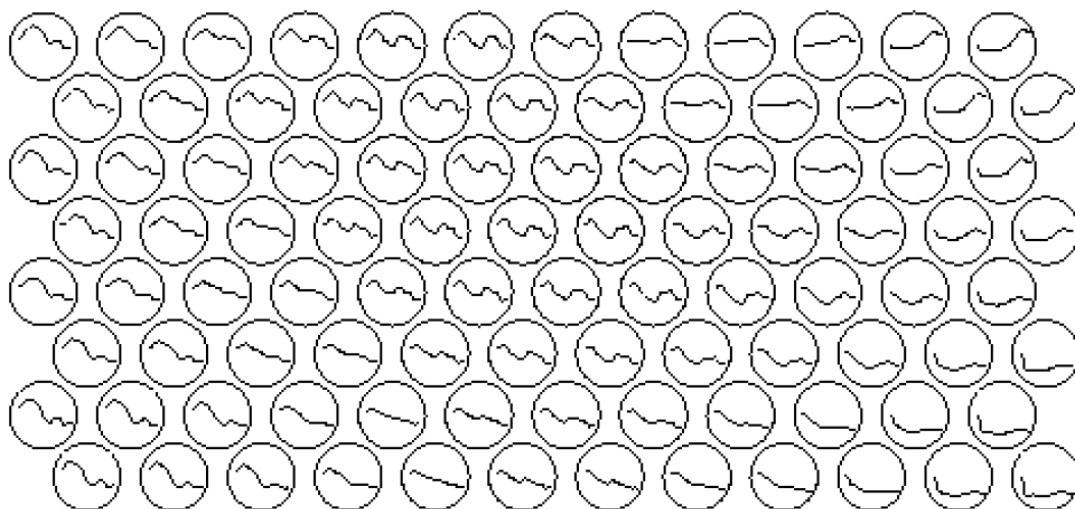


Figura 3.4: Neurônios em mapa bidimensional. Cada um contém pesos correspondentes a dados de um modelo de espectro de fala de curto período. Figura obtida da referência [5]. Note que eles são dispostos no mapa bidimensional de maneira a ficarem próximos aos neurônios de modelos semelhantes.

Na etapa de teste, ou seja, quando se quer saber o posicionamento dos dados a se classificar, estes podem ser plotados. Cada dado assumirá a posição do neurônio correspondente à menor distância entre os valores dos pesos deste e os valores das dimensões de entrada. Dessa forma, mesmo que a rede SOM não tenha aprendido supervisionado, o conhecimento prévio da classificação de cada dado utilizado no treinamento permite a identificação dos neurônios responsáveis por cada classe, e portanto, permite a classificação de novas amostras no teste. Como exemplo, na figura 3.4 pode-se supor que os 5×5 primeiros neurônios correspondem a amostras de determinado grupo, enquanto os demais identificam outros grupos. A figura 3.5 mostra exemplificadamente o agrupamento feito pelas redes SOM.

A escolha do número de neurônios nessa rede deve ser abrangente em relação ao número de estados que um dado de entrada pode assumir para fins de classificação. Podem ser feitos testes para que seja feita a melhor escolha.

Na redução de variáveis por rede SOM, é recomendável a análise visual do teste da topologia dos dados utilizados para treinamento, caso tenham valores desejados (*target*) conhecidos. Isso porque o posicionamento final dos vetores depende, além dos dados de treinamento, das condições de inicialização daqueles, ou seja, em diferentes treinamentos com os mesmos dados, podem ser obtidas topologias diferentes. A análise visual permite certificar-se da qualidade da separação feita entre diferentes grupos de dados.

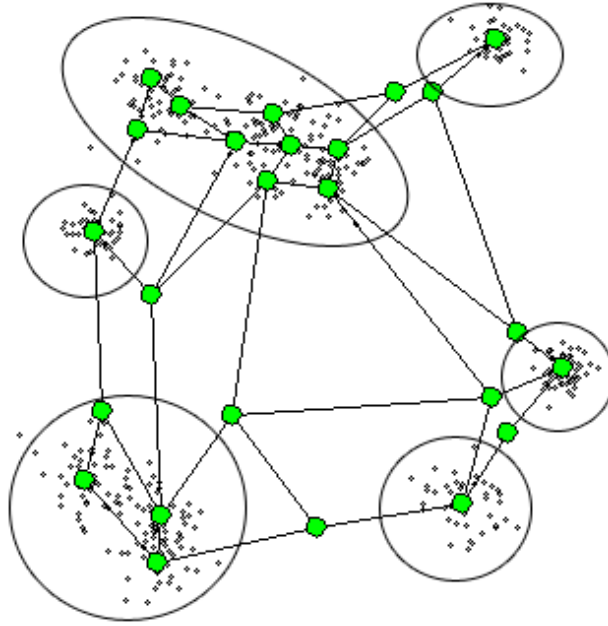


Figura 3.5: Neurônios (em verde) após o ajuste de pesos e os agrupamentos de classes realizados (marcadas por elipses). Os dados são representados pelos pequenos pontos contidos em cada agrupamento. Figura extraída da referência [6]

3.3 Análise dos componentes principais (PCA)

A análise dos componentes principais (PCA) é um método estatístico com aplicações importantes no processo de reconhecimento de padrões em dados multidimensionais [30]. Ela consiste nas etapas: obtenção de dados; subtração da média em cada dimensão; cálculo da matriz de covariância; cálculo dos autovalores e autovetores da matriz de covariância; definição de uma matriz característica; extração dos dados finais. Essas etapas são melhor explicadas a seguir.

Seja M uma matriz com m linhas e n colunas, tal que cada linha indica uma dimensão (portanto, há m dimensões) e cada coluna indica um dado de entrada (portanto, n dados). Com esses dados na forma matricial, a primeira etapa é subtrair a média em cada dimensão: para cada linha, calcula-se a média entre todas as colunas. Cada média calculada corresponde à média para uma das dimensões. Essas médias devem ser subtraídas das dimensões correspondentes na matriz M . Seja M_r a matriz M após a retirada das médias das dimensões. A fim de prosseguir, deve-se saber o conceito de covariância entre dois sinais. Ela é definida conforme a equação (3.3).

$$\text{cov}(X, Y) = \frac{\sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X})(Y_i - \bar{Y})}{n - 1} \quad (3.3)$$

Deseja-se calcular então a matriz com as covariâncias entre as dimensões. Para isso, primeiramente deve-se fazer a transposta da matriz M_r . Em seguida, deve-se calcular a matriz de covariância da matriz M_r^T (M_r transposta), ou seja, a matriz contendo os valores da covariância entre as suas m dimensões. A matriz de covariância $\text{cov}(M_r^T)$, portanto, terá m linhas e m colunas, sendo definida pela equação (3.4).

$$\text{cov}(M_r^T) = \begin{pmatrix} \text{cov}(M_{r1}, M_{r1}) & \text{cov}(M_{r1}, M_{r2}) & \cdots & \text{cov}(M_{r1}, M_{rm}) \\ \text{cov}(M_{r2}, M_{r1}) & \text{cov}(M_{r2}, M_{r2}) & \cdots & \text{cov}(M_{r2}, M_{rm}) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \text{cov}(M_{rm}, M_{r1}) & \text{cov}(M_{rm}, M_{r2}) & \cdots & \text{cov}(M_{rm}, M_{rm}) \end{pmatrix} \quad (3.4)$$

Na equação (3.4), $\text{cov}(M_{ri}, M_{rj})$ indica a covariância entre as linhas i e j da matriz M_r , ou seja, entre as dimensões ocupadas pelas linhas i e j dos dados de entrada. Infere-se que a matriz de covariância será uma matriz simétrica, ou seja, coincide com sua própria transposta.

A próxima etapa da PCA é encontrar os autovetores e autovalores da matriz $\text{cov}(M_r^T)$. Estes são conceitos da álgebra linear, e so podem ser encontrados para matrizes quadradas. De maneira simplificada, segue a definição de autovetor e autovalor: seja uma matriz quadrada A , $m \times m$, uma transformação linear a ser realizada em um vetor v (v é um vetor coluna de m linhas); se v não é o vetor nulo e existe um escalar λ tal que cumpra a equação (3.5), v é denominado autovetor de A , e λ é seu autovalor.

$$A \times v = \lambda \times v \quad (3.5)$$

Como, em tese, os infinitos múltiplos de v também podem ser considerados autovetores, assume-se que os autovetores devem estar normalizados. Nem toda matriz quadrada tem autovetores, mas quando tem, supondo que a matriz seja $m \times m$, há um total de m autovetores, e todos são perpendiculares (ou ortogonais) entre si. No caso da PCA, os autovetores existem, e podem ser encontrados. Entretanto, encontrar os autovetores pode ser uma tarefa dispendiosa, principalmente quando o número de dimensões dos dados é muito grande (acima de 3). Portanto, métodos iterativos e o auxílio de ferramentas computacionais podem ser muito úteis. Para mais informações sobre como encontrar os autovetores, recomenda-se a referência [31].

No processo de extrair os autovetores da matriz de covariância, são extraídas informações que caracterizam os dados. Tem-se m autovetores de m linhas e 1 coluna. A última etapa do processo é selecionar os autovetores que se quer manter. Para tal, devem ser escolhidos os x autovetores cujos autovalores são maiores. O número de autovetores original corresponde ao número total de dimensões. Assim, reduzindo o número de autovetores, reduz-se também o número de dimensões dos dados finais. A matriz de componentes principais E_v será dada pelos autovetores escolhidos e transpostos, ou seja, cada autovetor ocupa 1 linha e m colunas, e quanto mais significativo for o autovetor (ou seja, quanto maior seu autovalor), mais no topo de E_v ele ficará. Supondo que se deseja que os dados finais tenham x dimensões, E_v será uma matriz $x \times m$. A matriz final é obtida conforme a equação (3.6).

$$R = E_v \times M_r \quad (3.6)$$

Já é sabido que M_r é $m \times n$, portanto, na operação de multiplicação de matrizes, R é uma matriz com $x \times n$. Cada coluna corresponde a um dado de entrada, e cada linha corresponde a suas novas dimensões. Nota-se que a informação não utilizada dos autovetores descartados será

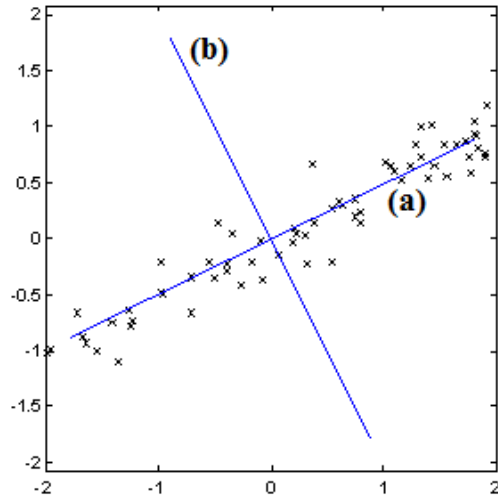


Figura 3.6: Exemplificação do uso de PCA para redução de dimensionalidade, em dados de entrada originalmente bidimensionais: um dos autovetores, mais significativo, acompanha o padrão de comportamento dos dados (a), enquanto o outro, menos significativo (b), é perpendicular àquele, e pode ser descartado sem grande prejuízo ao padrão observado. Figura obtida da referência [7].

uma informação perdida na obtenção da matriz final. Portanto, quanto mais dimensões forem utilizadas, menos perda de informação haverá. Para alguns casos, essa perda é mais significativa que em outros, portanto deve-se achar uma solução de compromisso entre a não relevância dos dados perdidos para as próximas etapas de classificação e o número reduzido de dimensões que se deseja obter. Caso nenhum autovetor seja descartado, ou seja, caso E_v seja $m \times m$, a matriz R será a própria matriz de dados originais (M_r). A imagem 3.6 mostra exemplificadamente como são formados os autovetores em um conjunto de dados originalmente bidimensionais.

A técnica de PCA é muito utilizada para redução do número de dimensões, ou para compressão de dados. Assim como as redes SOM, nessa técnica ocorre perda de informação, e é recomendável ter algum conhecimento prévio dos dados utilizados (a fim de saber quantos autovetores se deve manter). O capítulo a seguir fará uma exposição mais detalhada acerca da metodologia deste trabalho, e de como foram implementadas cada uma das técnicas descritas neste capítulo.

Capítulo 4

Metodologia

4.1 Introdução

O projeto teve o objetivo de criar um sistema capaz de classificar sinais de HRV dentre alguns grupos predeterminados, por meio do reconhecimento de padrões entre eles. Para isso, foram utilizados sinais extraídos do banco de dados Physiobank do Physionet [15]. Este é um banco de dados *online* e gratuito com uma coleção de dados fisiológicos de diversos tipos (sinais de eletrocardiograma, de HRV, de eletroencefalograma, eletromiográfico, fluxo de ar nasal, temperatura corporal e outros) e fontes diferentes. Inclui sinais biomédicos de indivíduos saudáveis em diversos contextos ou com uma variedade de problemas de saúde, como morte súbita ou insuficiência cardíaca, epilepsia, apneia do sono, e outros. Esses indivíduos são de diversas idades e gêneros.

Por meio deste banco de dados, foram explorados tipos de classificação que potencialmente seriam feitos entre os sinais de HRV disponíveis. Para isso, foram considerados os protocolos conhecidos acerca dos grupos de dados, a fim de que fossem levadas em consideração as condições de idade e gênero de seus indivíduos. Os sinais analisados para uma mesma classificação foram tratados também a fim de que tivessem aproximadamente o mesmo intervalo de duração. Essas medidas foram importantes, na medida em que uma disparidade entre essas características poderia ocasionar diferenças significativas não relacionadas às diferenças que de fato se deseja classificar, e assim dar a ilusão de melhoria da capacidade de acerto da classificação pretendida.

Para o desenvolvimento do sistema, foi utilizado o software Matlab (The Mathworks Inc., Natick, MA, EUA) versão R2011a. Para auxílio na etapa do pré-processamento dos sinais, principalmente na identificação de batimentos ectópicos, foi utilizado também o ECGLab [2].

4.2 Arquitetura geral

Foram feitas diversas classificações para validar o modelo do sistema. Elas e seus resultados serão aqui apresentados.

É importante separar os sinais utilizados em dois tipos: de treinamento, utilizados para preparar

as redes neurais do sistema para o tipo de sinal que se deseja classificar; e de teste, para comprovar a eficácia da classificação. Os primeiros foram utilizados na primeira parte do projeto; os segundos, na segunda parte. O diagrama da figura 4.1 a seguir mostra essas partes, e em seguida, uma explicação um pouco mais detalhada de cada uma. Os sinais para cada parte foram escolhidos aleatoriamente, os de treinamento correspondendo a 90% dos sinais, e os de teste, a 10%.

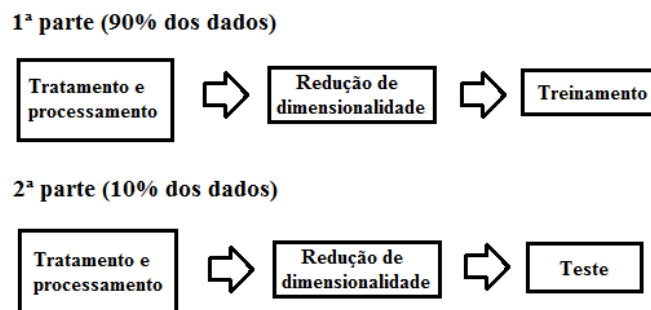


Figura 4.1: Diagrama mostrando o projeto dividido em duas partes.

O projeto consistiu essencialmente nas seguintes etapas: pré-processamento (ou tratamento) do sinal bruto obtido do Physiobank (remoção de falsos positivos, negativos, interpolação de ec-tópicos e obtenção dos sinais em formato de variável do Matlab); processamento (extração de parâmetros característicos dos sinais); redução da dimensionalidade dos parâmetros utilizados por meio de análise de componentes principais ou redes SOM; uso do conjunto dos dados de treinamento para treino da rede MLP; uso do conjunto de dados de teste para verificar a eficácia do sistema classificatório.

A mesma classificação foi realizada diversas vezes e em cada uma os dados escolhidos para treino e teste eram escolhidos de maneira aleatória; estes eram utilizados para calcular a taxa de acerto e, ao final, foi calculada a taxa de acerto médio. Foram feitos vários testes de maneira a determinar variáveis da configuração do sistema (na PCA, na SOM ou na MLP) que maximizassem a taxa de acerto médio obtida.

A figura 4.2 ilustra o esquemático do pré-processamento dos sinais e a extração de parâmetros (processamento), processo que ocorre no início das partes 1 e 2 do sistema (portanto, para todos os sinais). A figura 4.3 ilustra o processo de redução de dimensionalidade (por meio de redes SOM ou PCA) e treinamento, que ocorrem na parte 1 após o pré-processamento do sinal e sua extração de parâmetros (mostrados na figura 4.2). A figura 4.4 ilustra o processo de redução de dimensionalidade (por meio de redes SOM ou PCA) e teste, que ocorrem na parte 2 após o pré-processamento do sinal e sua extração de parâmetros (mostrados na figura 4.2).

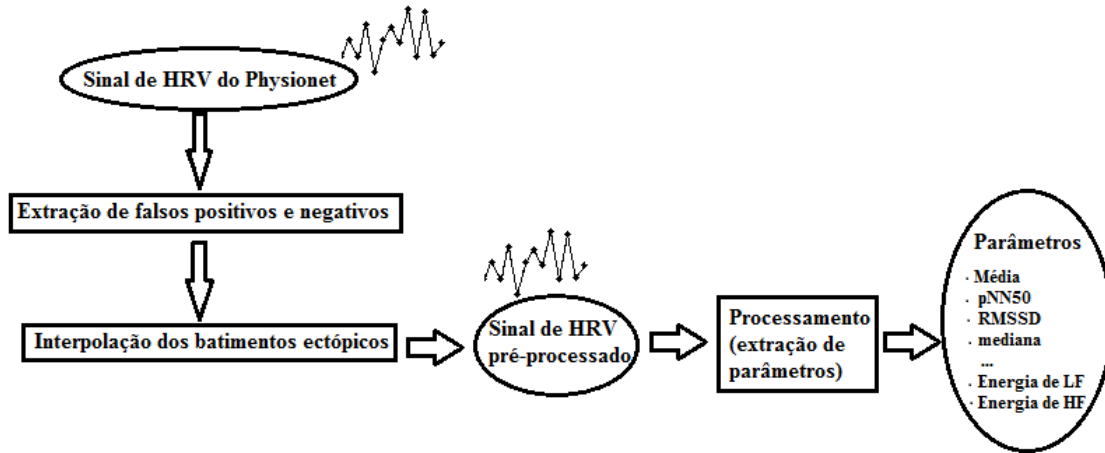


Figura 4.2: Diagrama de blocos com o esquemático do processo de pré-processamento e processamento de sinais realizado no projeto.

4.3 Escolha de sinais do banco de dados Physiobank

Os grupos de sinais escolhidos do Physionet [15] para classificação utilizados neste trabalho estão descritos nesta seção¹.

4.3.1 Grupo 1: *oscilações exageradas da frequência cardíaca durante duas técnicas de meditação*

Este grupo trata de 5 séries de sinais de HRV diferentes, todas obtidas de indivíduos saudáveis, e foi originalmente utilizado no trabalho de referência [32]. Essas séries são: de indivíduos em técnica de meditação Yoga; em meditação Chi; em respiração espontânea durante o sono; em respiração metronômica; e de atletas de triatlo durante o sono antes da prova. Exceto pelos atletas de triatlo, com um excelente condicionamento físico, as condições de saúde gerais entre os grupos são similares. As gravações do ECG no monitor Holter permitiram a obtenção do sinal de variabilidade cardíaca dos pacientes. Entretanto, deste grupo, somente os sinais de HRV de indivíduos em respiração espontânea serão utilizados neste trabalho e são aqui descritos: sinais de 11 indivíduos em respiração espontânea, sem meditar, 8 mulheres e 3 homens, com faixa de idade de 20 a 35 anos, média de 29 anos, durante o sono. São sinais de originalmente 6 horas cada. No Physionet, a referência desse grupo é “meditation/data”.

4.3.2 Grupo 2: *banco de dados do ritmo do nó sinusal normal MIT-BIH*

Esse banco de dados foi criado pelo MIT (*Massachusetts Institute of Technology*, inclui 18 gravações de ECG de longa duração de indivíduos do Laboratório de Arritmia no *Boston’s Beth Israel Hospital* (agora o *Beth Israel Deaconess Medical Center*). Os indivíduos desse banco de

¹Descrição de cada banco de dados presente no link <http://physionet.org/physiobank/database/>

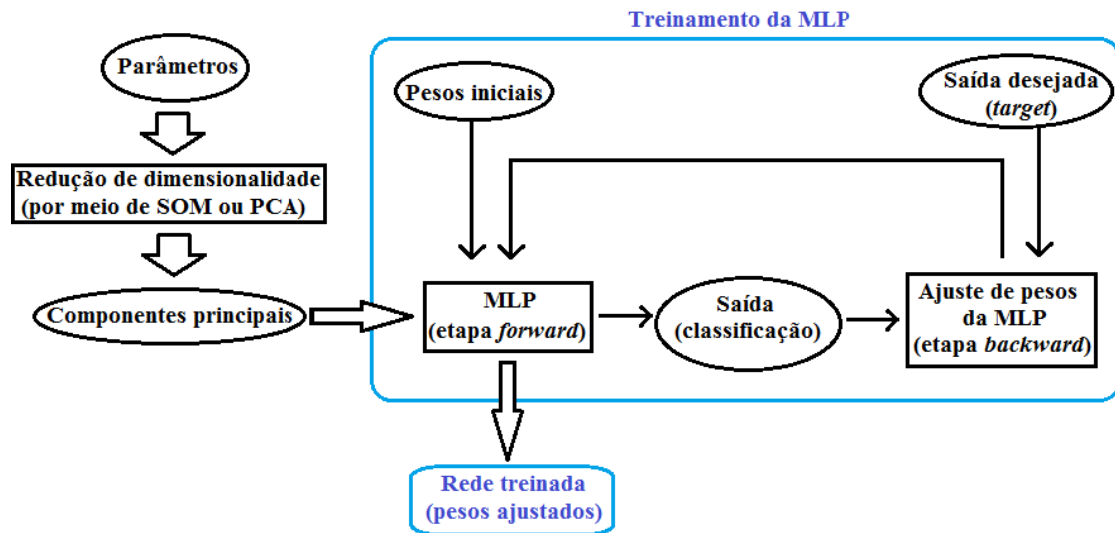


Figura 4.3: Diagrama de blocos com o esquemático do processo de redução do número de parâmetros (SOM, PCA) e treinamento realizados na parte 1 do projeto.

dados não apresentaram arritmias significativas e incluem: 5 homens, com idade de 26 a 45 anos, e 13 mulheres, com idade entre 20 a 50 anos. Os sinais de HRV correspondentes também foram fornecidos diretamente pelo Physionet, com cerca de 24 horas de duração cada, e correspondem a registros da frequência cardíaca ao decorrer de atividades cotidianas. No Physionet, esse grupo tem a referência “nsrdb”, e estão disponíveis 18 sinais.

4.3.3 Grupo 3: banco de dados de intervalos RR com ritmo do nó sinusal normal

Esse banco de dados, muito semelhante ao do grupo 2, inclui anotações de intervalos RR para 54 registros de ECG de longa duração em indivíduos saudáveis com ritmo sinusal normal, sendo 30 homens, com idades de 28 a 76 anos, e 24 mulheres, com idade de 58 a 73 anos. A designação saudável significa aqui não só a ausência de doenças coronárias cardíacas, mas de qualquer outra doença que pudesse ser detectada por meio do sinal de HRV. Os registros do ECG original não estavam disponíveis, mas haviam sido digitalizados a 128 amostras por segundo, e as anotações dos batimentos foram obtidas por análise automática, com revisão e correção manuais. As contribuições dos dados foram feitas por Phyllis Stein, da *Washington University School of Medicine*, em St. Louis, e Rochelle Goldsmith, da *Columbia-Presbyterian Medical Center*, New York. O estudo foi aprovado pelo *Columbia-Presbyterian Medical Center* e pelo *Jewish Hospital of St Louis*. Os pacientes assinaram um formulário de consentimento autorizando o registro e uso de algumas informações dos dados e o uso de gravação de ECG contínua por 24 horas, ao longo de atividades cotidianas [33]. No Physionet, a referência desse grupo é “nsr2db”, e estão disponíveis 54 sinais.

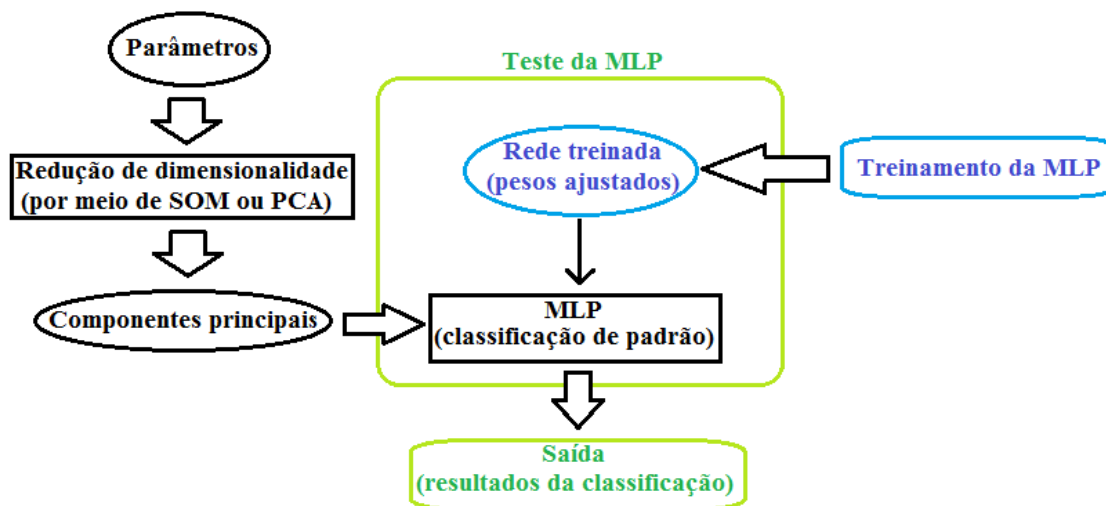


Figura 4.4: Diagrama de blocos com o esquemático do processo de redução do número de parâmetros (SOM, PCA) e teste realizados na parte 2 do projeto.

4.3.4 Grupo 4: *banco de dados Fantasia*

Esse banco de dados contém sinais de ECG, pressão sanguínea e respiração de indivíduos enquanto assistiam ao filme Fantasia, produzido pela Disney em 1940. O banco foi separado em sinais de 20 pessoas jovens (de 21 a 34 anos) e 20 idosas (de 68 a 85 anos) em posição supina, em relaxamento no ritmo sinusal, e assistiam ao filme para ajudar a manterem-se acordados. Cada um desses subgrupos (jovens e idosos) contém 10 homens e 10 mulheres em cada, e os sinais foram obtidos ao longo de cerca de 2 horas [34]. Os sinais de ECG, respiração e pressão foram digitalizados a 250 Hz. Cada batida foi identificada por um algoritmo, e verificada em seguida por inspeção visual, o que permitiu a obtenção do sinal de HRV. No Physionet, o nome de referência desse grupo é “fantasia”.

4.3.5 Grupo 5: *banco de dados de apneia do sono*

Esse banco consiste em 70 registros de sinais biomédicos, com duração que varia de 401 a 578 minutos cada, obtidos durante o sono, de sinais de indivíduos que sofrem com apneia. Cada registro contém um sinal de ECG, um conjunto de anotações de ocorrência de apneia, e um conjunto de anotações de ocorrência de QRS (para geração do sinal de HRV). Além do sinal de ECG, foram medidos outros sinais como fluxo de ar oronasal e saturação de oxigênio. Dentre os dados do banco, a duração de tempo de respiração normal (fora da crise) varia de 11 a 535 minutos. A duração de tempo de respiração com a desordem (crise de apneia) varia de 0 a 534 minutos. Baseados nesses números, os sinais estavam separados em três subgrupos: registros com menos de 5 minutos de respiração com apneia (subgrupo “normal” cujo critério foi cumprido por 20 registros); registros com 100 minutos ou mais de apneia (cujo critério foi cumprido por 40 registros, e os indivíduos por eles responsáveis são 15 homens e 1 mulher, com faixa de idade de 29 a 63 anos e média de 50 anos; estes são os registros utilizados neste trabalho); registros intermediários, ou seja, que têm entre 5

e 100 minutos de crise de apneia (esse critério foi cumprido por 10 registros) [35]. No Physionet, o nome de referência desse grupo é “apnea-ecg”.

4.3.6 Grupo 6: banco de dados de oscilações da frequência cardíaca pós-crise de epilepsia parcial

Esse banco contém dados de 11 ataques de epilepsia parcial (em um total de 7 sinais) registrados em pacientes mulheres durante monitoramento de EEG e ECG. Os pacientes eram da faixa de idade de 31 a 48 anos, sem evidência de doenças cardíacas. O protocolo de aquisição foi aprovado pelo comitê do *Beth Israel Deaconess Medical Center* em investigações clínicas. Os instantes de início e fim da epilepsia foram identificados e registrados por um aparelho de EEG, sem que este tivesse conhecimento dos sinais de HRV. Os sinais de ECG foram amostrados a 200 Hz. Dos registros de ECG digitalizados, um arquivo de anotações com as batidas de HRV foi obtido [36]. No Physionet, o nome de referência desse grupo é “szdb”.

4.4 Etapa 1: Pré-processamento dos sinais

Todos os dados foram já adquiridos diretamente do Physionet como dados de HRV, e não de ECG². Na configuração, foi selecionada a forma “show annotations as text”, e foram escolhidas as referências (em *database*) e os dados (em *record*) dos grupos desejados. Um exemplo é mostrado na figura 4.5. Foi escolhida a duração de “12 horas” ou “até o final”, visto que os dados a serem processados posteriormente não teriam duração maior do que essa. O formato de tempo escolhido foi segundos, e o formato de data padrão. Na saída, foi obtido um arquivo no formato ASCII, com a primeira coluna indicando os segundos do instante de tempo de cada batimento cardíaco registrado, e a segunda coluna e a terceira continham essa mesma informação, só que em minutos e em horas, respectivamente; as demais colunas podiam conter informações acerca do tipo de batimento cardíaco (dizendo por exemplo se tem origem no nó sinusal ou se é ectópico), mas muitas vezes não continham (caso em que aparecia somente um sinal de interrogação). Esse procedimento foi realizado várias vezes e foram adquiridos, ao final, vários arquivos ASCII, em que cada um continha um sinal de HRV dos grupos mencionados.

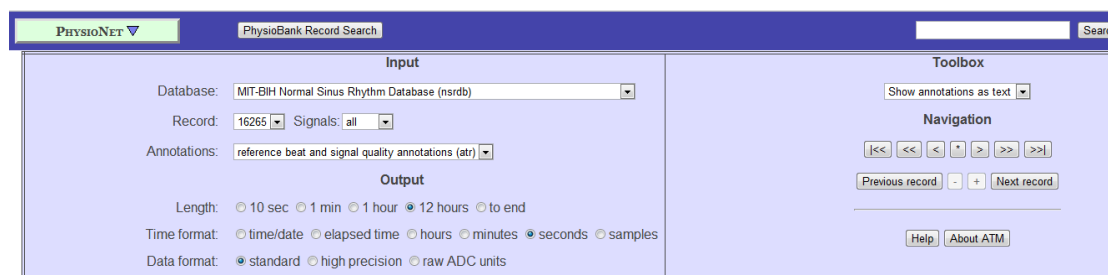


Figura 4.5: Interface mostrada no link de obtenção dos arquivos ASCII com sinal de HRV do banco de dados Physiobank do Physionet. Em evidência na figura, a seleção do grupo 2 (nsrdb).

²Foram obtidos por meio do link <http://www.physionet.org/cgi-bin/atm/ATM>

A tarefa seguinte foi, por meio de um código de Matlab, criar novos arquivos ASCII, cada um correspondente a um sinal, mas com outra configuração. Em vez do formato extraído do Physionet, o novo arquivo na saída deveria ter apenas uma coluna, em que cada linha indica a duração de tempo entre um batimento cardíaco e outro (definido por meio do intervalo RR). Esse procedimento foi importante porque se tinha uma função de Matlab (“leannotations.m”) capaz de ler arquivos nesse formato de uma coluna e gerar as variáveis de Matlab correspondentes ao sinal de HRV. Para isso, bem como para a remoção dos falsos negativos e positivos, os arquivos originais ASCII de cada grupo foram colocados em uma pasta. Em seguida, foi utilizado o modelo de código da figura 4.6 para tratar os sinais de cada um desses grupos. Nessa figura, tem-se a referência a duas funções, não originalmente presentes no Matlab, “leannotations.m” e “removefalsos.m”. A primeira teve a primeira versão desenvolvida pelo prof. João Luiz A. de Carvalho, capaz de receber um arquivo conforme os que foram extraídos no Physionet e gerar na saída uma variável com os intervalos RR e os instantes de tempo de ocorrência de cada um. Essa versão foi adaptada neste projeto, a fim de que as variáveis de saída tenham somente os *nn* primeiros pontos ou os *tt* primeiros segundos desejados. Recomenda-se que sejam tomados trechos um pouco maiores que os trechos finais desejados, pois após a retirada dos falsos a duração do sinal pode ser novamente alterada. Essa adaptação foi feita a fim de que os sinais a serem processados para cada classificação não fossem muito longos e, entre si, tivessem aproximadamente a mesma duração. Na figura, *tt* e *nn* foram definidos iguais a 0, e nesse caso o sinal HRV da saída será correspondente, em duração, ao sinal do arquivo de entrada.

```

pasta='C:\Users\Rosana\Documents\UnB\PrimeiroSemestre2012\sinais_physionet\';
NSinais=7;
nn=0;
tt=0;

for cont=1:NSinais

    %Bloco para leitura do sinal de HRV do arquivo texto original
    c=num2str(cont);
    filename=strcat(pasta,'epilepsia-RR\backup\sz',c,'.txt');
    [intervaloRR,tempoRR,~,~]=leannotations(filename,nn,tt);
    intervaloRR_proc=removefalsos(intervaloRR);

    %Bloco para salvar o sinal de HRV antes da remoção dos falsos
    filename2=strcat('sz',c,'RR','.txt');
    mkdir(strcat(pasta,'epilepsia-RR-falsos'));
    [fid,~]=fopen(strcat(pasta,'epilepsia-RR-falsos\', 'falso-',filename2), 'wt', 'n', 'US-ASCII');
    fprintf(fid, '%d \n', intervaloRR);

    %Bloco para salvar o sinal de HRV após a remoção dos falsos
    mkdir(strcat(pasta,'epilepsia-RR'));
    [fid,~]=fopen(strcat(pasta,'epilepsia-RR\', filename2), 'wt', 'n', 'US-ASCII');
    fprintf(fid, '%d \n', intervaloRR_proc);

    fclose(fid);

end

```

Figura 4.6: Exemplo de código de Matlab utilizado para transformar o arquivo extraído do Physionet para a forma desejada (uma coluna de arquivo ASCII com os intervalos RR), já com os falsos positivos e negativos removidos. Neste exemplo, o código trata do grupo 6, de sinais de epilepsia.

A segunda função mencionada, “removefalsos.m”, foi desenvolvida neste projeto, e tem objetivo

de, ao receber um sinal de intervalos RR na entrada como um vetor de Matlab, identificar os intervalos falsos e retirá-los, gerando um vetor de intervalos RR de saída sem eles. Nessa função, foi definido um limiar para o falso negativo 1,8·(valor padrão) e outro para o falso positivo, de 0,6·(valor padrão). Esse valor padrão foi definido em função da mediana dos intervalos RR mais próximos ao intervalo analisado (para a análise de cada intervalo, os mais próximos foram definidos como os 12 intervalos anteriores, caso existam, o atual e os 12 seguintes, caso existam). A mediana foi escolhida e não a média, visto que aquela é mais tolerante à presença de dados falsos com valores exorbitantes. O intervalo de consideração também foi pequeno (de 12 antes a 12 depois), visto que, para grandes intervalos, podem ocorrer variações de forma a abranger uma vasta faixa de valores de intervalo RR (resultando um valor padrão distorcido). No código, ainda, caso a mediana calculada para o intervalo sob análise fosse muito distinta do valor padrão anterior, presumia-se que havia algum batimento falso ou ectópico interferindo nos cálculos e então o valor padrão se mantinha o mesmo de imediatamente antes. Para determinar se estava muito distinta ou não, foram utilizados outros dois limiares, a saber, 30% acima ou 40% abaixo. Ao detectar falsos, a função os elimina do vetor de intervalos RR. O algoritmo aqui descrito para a função “removefalsos.m” foi testado empiricamente, por meio da comparação do sinal após a remoção e antes da remoção. Isso foi feito da seguinte forma: conforme mostra o código da figura 4.6, tanto o sinal antes como após a remoção foram salvos (o primeiro identificado com a prévia “falso-” e a terminação “RR” e o segundo apenas com a terminação “RR”). Depois, puderam ser comparados e verificados por meio do ECGLab, no módulo “ectopicsRR”, uma ferramenta com função de identificação visual e automática e tratamento de batimentos ectópicos. Essa análise foi feita em alguns sinais como exemplo, e foi verificado seu bom funcionamento.

Em seguida, a tarefa foi identificar, retirar e interpolar os ectópicos. Para isso, ainda no módulo “ectopicsRR” do ECGLab [2], foi aberto o arquivo ASCII com intervalos RR no formato de coluna. Foi então possível plotar os intervalos, fazer a detecção automática e ainda detecção por conferência visual, corrigindo ou confirmando o resultado da detecção automática. Entretanto, o algoritmo de detecção presente no ECGLab original foi tirado e outro algoritmo foi desenvolvido e colocado em seu lugar. No novo algoritmo, para cada intervalo RR em análise, era calculado o valor padrão com base na mediana dos valores próximos, de maneira semelhante ao que foi feito no algoritmo de identificação de falsos. Para detectar os ectópicos, contudo, foram utilizados apenas os 5 intervalos antes, o atual e os 5 intervalos seguintes para a definição de intervalos próximos. Em seguida, foi considerado o limiar de identificação de ectópico como sendo 12% abaixo do valor padrão. Portanto, valores abaixo desse limiar foram considerados ectópicos e, se logo após eles houvesse um valor 10% acima do valor padrão, este seria considerado uma pausa compensatória. Ao identificar ectópicos ou pausas, o algoritmo marcava esses batimentos. A detecção automática desenvolvida se mostrou muito eficiente para a maioria dos casos. Quando necessário, entretanto, fazia-se a marcação ou desmarcação por intervenção manual, após a conferência visual. Após a marcação de todos os ectópicos e pausas compensatórias, era-se salvo um novo arquivo com as marcações feitas e a terminação “ok” no nome do arquivo. Essa terminação teve a função de indicar os arquivos de sinais que estivessem prontos para a próxima etapa. Em seguida, no menu, selecionava-se a opção “R-R Interval” e em seguida “Remove Ectopics & Interpolate”, a fim de interpolar com *splines* cúbicas o sinal e achar os novos valores no lugar dos batimentos marcados.

O resultado era salvo novamente. A figura 4.7 mostra um exemplo de trecho de sinal de HRV que, apenas com a detecção automática, identificou com sucesso os batimentos ectópicos.

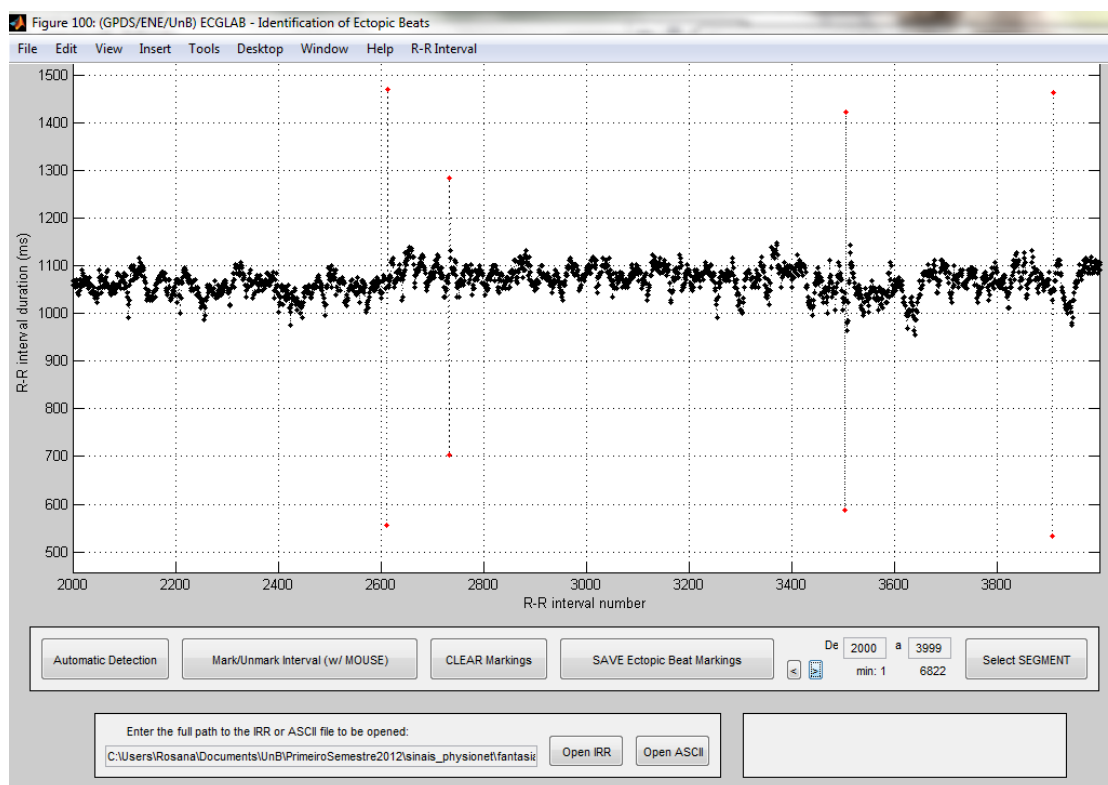


Figura 4.7: Ilustração do módulo “ectopicsRR” do ECGLab, após a identificação dos ectópicos e pausas compensatórias (ambos em vermelho) com o novo código de detecção automática.

4.5 Etapa 2: Processamento dos sinais e extração de suas características

Antes da extração de parâmetros, deve ser feito o ajuste final do tamanho (em número de intervalos ou em duração) do sinal de HRV. No algoritmo de cada classificação realizada, os arquivos com terminação “ok” salvos na etapa anterior foram utilizados para gerar os vetores de intervalos RR (com a duração de cada intervalo) e de tempo RR (com os instantes de tempo de detecção de cada intervalo) já tratados. Ambos foram processados por meio de diversas funções a fim de gerar parâmetros descritivos para cada sinal. Esses parâmetros foram discutidos no capítulo 2, e estão listados a seguir.

1. Faixa de valores RR;
2. Média;
3. Desvio padrão;
4. Variância;

5. Coeficiente de variação;
6. Porcentagem de diminuição da frequência cardíaca;
7. Porcentagem de aumento da frequência cardíaca;
8. Coeficiente de correlação entre os eixos do plot de Poincaré;
9. RMSSD (root mean square of successive differences), ou valor quadrático médio entre duas diferenças sucessivas;
10. pNN50 (porcentagem das diferenças sucessivas que estão acima de 50ms);
11. Valor no eixo x do centroide de Poincaré;
12. Valor no eixo y do centroide de Poincaré;
13. Energia de alta frequência;
14. Energia de baixa frequência;
15. Razão entre energia de baixa frequência e de alta frequência;
16. Percentil de 25%;
17. Percentil de 50% (mediana);
18. Percentil de 75%;
19. a , tal que $y = a \cdot x + b$ é a equação de regressão para o *plot* de Poincaré;
20. b , tal que $y = a \cdot x + b$ é a equação de regressão para o *plot* de Poincaré;
21. Energia de alta frequência normalizada (em relação à energia até 0,4 Hz);
22. Energia de baixa frequência normalizada (em relação à energia até 0,4 Hz);
23. Coeficiente de correlação entre os eixos do *plot* de diferenças sucessivas;

Conforme a numeração e a ordem aqui mencionada, os parâmetros de cada sinal eram armazenados em um vetor coluna de 23 linhas. Esses vetores coluna, por sua vez, foram combinados em uma única matriz, cada vetor alocado em uma coluna, de modo que cada sinal traria sua informação em uma das colunas, por meio de parâmetros descritivos. Essa matriz recebeu o nome de *info*. Portanto, seja p o número de parâmetros extraídos de cada sinal, e seja r o número de sinais de uma classificação, então a matriz *info* tem p linhas e r colunas. Paralelamente à geração dessa matriz, foi mantida uma outra matriz, *target*, com m linhas e r colunas, em que m é o número de possíveis diagnósticos, ou grupos distintos que se deseja classificar. Cada sinal era identificado com a mesma numeração de coluna em *info* e em *target*. Assim, para o diagnóstico de cada sinal (vetor coluna) pelo *target*, a linha correspondente ao grupo identificado recebe 1, e as demais linhas recebem 0. Ao final deste trabalho, em anexo, são mostradas as funções utilizadas para gerar cada um desses parâmetros.

4.6 Etapa 3: Aplicação da análise de componentes principais ou da rede SOM

Nesta etapa, de redução de dimensionalidade, a questão importante é fazer a solução de compromisso entre o número de dimensões (deseja-se o menor possível), e a quantidade de informação que se pode descartar.

No método de PCA, quanto maior o autovalor correspondente aos autovetores finais obtidos, maior a quantidade de informação a respeito dos dados que o autovetor contém. Portanto, foram escolhidos os p primeiros autovetores, com maiores autovalores correspondentes, p definido pelo usuário. Sua grande vantagem é que, caso as entradas do PCA sejam as mesmas, as saídas também o serão, e correspondem à identificação ortogonal dos p vetores mais significativos na geração dos dados originais. Além disso, o número de dimensões (p) pode ser escolhido pelo usuário, sem prejudicar a execução do código no Matlab.

Para a aplicação do PCA, coloca-se a matriz *info* como entrada, e define-se o valor de p . Em seguida, para a matriz de saída, de tamanho $p \times r$, normalizam-se em cada dimensão seus valores em relação ao valor máximo da dimensão de todos os sinais. O código para realização do método PCA foi elaborado no trabalho, e segue o método descrito no capítulo 3. Conforme descrito nesse capítulo, a figura 4.8 a seguir mostra o código da função implementada para realizar o método de PCA.

Já no método das redes SOM, recomenda-se a conferência visual da separação após o teste antes de prosseguir com a classificação da rede MLP. Isso porque a redução de dimensões aqui é muito drástica, para apenas 2 dimensões (houve problemas na execução do código ao se tentar fazer a redução para uma topologia acima de 3 dimensões, além de não favorecer a análise visual), e pode não refletir o reconhecimento do padrão entre os sinais. Além disso, a topologia final após o treinamento não é sempre a mesma, mesmo com os mesmos dados de entrada, porque depende da ordem em que estes são apresentados, do número de épocas de treinamento e dos pesos iniciais dos vetores (essas afirmativas foram verificadas na rede SOM do Matlab). Uma das vantagens do uso da SOM é a capacidade de prever a confiabilidade da classificação a ser feita simplesmente pela observação do posicionamento dos dados na topologia, pelo conhecimento dos valores de saída dos dados de treinamento. Além disso, da mesma forma, pode-se prever o número aproximado de neurônios que a rede MLP (próxima etapa do sistema) deve necessitar para realizar a classificação de maneira adequada.

Na aplicação das redes SOM, primeiramente cria-se uma estrutura com $n_1 \times n_2$ neurônios (eixo x e eixo y , respectivamente), em estrutura hexagonal, em que n_1 e n_2 são parâmetros da rede a serem definidos pelo usuário. A figura 4.9 a seguir mostra um exemplo de estrutura neural com topologia hexagonal em que $n_1 = 8$ e $n_2 = 8$.

Semelhantemente à PCA, a SOM é um método não supervisionado, ou seja, só participam do treinamento os dados de entrada característicos dos sinais (matriz *info*). Os parâmetros característicos de todos os sinais foram utilizados no treinamento da rede, e após o treinamento, todos foram utilizados novamente no procedimento de teste. Como resultado do teste, a topologia

```

function FinalData = PrincipalComponent(info,nn)
%aquí, as columnas de info representam os diversos sinais, ou amostras.
%as linhas de info representam os diversos parâmetros
[npar, totalsinais]=size(info);
%-----
%PRIMEIRA ETAPA: SUBTRAIR O VALOR MÉDIO DE CADA VETOR CONTENDO DADOS DE UM
%PARÂMETRO
med_dim=zeros(npar,1);
for k=1:npar
    med_dim(k)=sum(info(k,:));
end
med_dim=med_dim./totalsinais;
infoSemMedia=zeros(npar,totalsinais);
for k=1:totalsinais
    infoSemMedia(:,k)=info(:,k)-med_dim;
end
%-----
%SEGUNDA ETAPA: CALCULAR A MATRIZ DE COVARIÂNCIA
infoSemMediaT=infoSemMedia';
cov_info=cov(infoSemMediaT);
size(cov_info)
%-----
%TERCEIRA ETAPA: CALCULAR OS AUTOVETORES E AUTOVALORES DA MATRIZ DE
%COVARIÂNCIA
[V,D]=eig(cov_info); %eigenvalues = D (na diagonal principal) e
%eigenvectors = V
%-----
%QUARTA ETAPA: SELECIONAR OS nn AUTOVETORES COM MAIORES AUTOVALORES
AUTO_VET=V(:,(npar-nn+1):npar);
FeatVect=AUTO_VET(:,end:-1:1);
FinalData=FeatVect'*(infoSemMedia);
end

```

Figura 4.8: Código implementado para realizar o método de PCA. A variável *nn* indica o número de dimensões desejadas na matriz de saída.

deverá ter agrupado os sinais com padrões similares. Para conferência visual desse agrupamento ou clusterização, são levados em consideração apenas as columnas da matriz *target* correspondentes aos dados conhecidos, ou seja, os dados de treinamento. Ao final, semelhantemente à redução por PCA, todos os valores foram normalizados antes de entrar na rede MLP. A figura 4.10 a seguir ilustra o código utilizado na geração, treinamento e teste das redes SOM.

4.7 Etapa 4: Aplicação da rede perceptron multicamadas

A rede MLP é treinada conforme foi mostrado na figura 4.3 e em seguida testada conforme a figura 4.4. Nessa etapa 4 é feita a distinção entre dados de treino e dados de teste. Na prática, os valores de teste e de treino não são escolhidos: tem-se uma determinada coleção de dados conhecidos e uma determinada coleção de dados que se deseja classificar. Portanto, a denominação de dado de treino ou teste foi feita randomicamente e repetidamente, a fim de calcular a taxa de

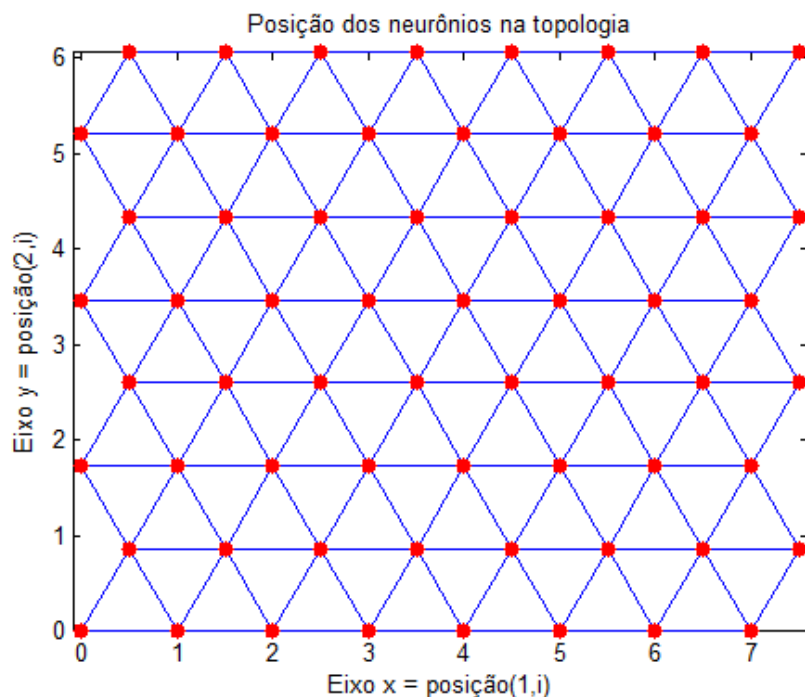


Figura 4.9: Ilustração de exemplo da topologia hexagonal da rede SOM feita no Matlab, com $n_1 = 8$ e $n_2 = 8$, e portanto 64 neurônios.

acerto médio, como será melhor explicado na etapa 5.

Na primeira parte do sistema, a MLP é utilizada para treino, e são utilizados somente os dados de treino, bem como seus *target* correspondentes. Variáveis como número de neurônios da rede e erro quadrático médio para interrupção do treinamento (EQM_{limite}) ficaram à escolha do usuário. A fim de evitar receber resultados de saída $(1, 1)^T$ ou $(0, 0)^T$ no teste, não foi escolhida a função de ativação degrau ou degrau bipolar, e sim a *logsig*. Em seguida, foi feita a binarização do resultado encontrado.

A figura 4.11 mostra a implementação do código da geração, treinamento e teste da rede treinada, além de mostrar a binarização feita para encontrar as classificações desejadas a partir dos valores de saída da rede e a contabilização dos erros. Como os dados de teste e treino foram separados antes da criação da rede, atribuiu-se o valor máximo para a taxa de treino, ou seja, 1 (100%). Foi determinado um máximo de 350 épocas de treinamento para todos os testes, mas em todos eles o treino alcançava o valor de EQM_{limite} antes de atingir o máximo de épocas.

4.8 Etapa 5: Testes: como foi feita a escolha dos parâmetros

A taxa de acerto médio foi medida em cada classificação, para diversas configurações de rede e de PCA. Para o cálculo do acerto médio, foram calculados os acertos para diversas possíveis escolhas entre dados de treinamento e dados de teste.


```

net_som = newsom(info,[n1 n2], 'hextop'); %criação da rede SOM com n1 x n2 neurônios
%plotsom(net_som.layers{1}.positions); %plota o posicionamento dos neurônios
net_som_tre = train(net_som,info); %treina a rede SOM
%-----
pos=zeros(2,totalsinais);
result_som = sim(net_som_tre, info); %simula os dados na rede SOM treinada,
%a fim de descobrir seu posicionamento na topologia.
figure;
for i = 1:totalsinais,
% neste loop, o ponto correspondente ao posicionamento de cada sinal é plotado
pos(:,i) = net_som_tre.layers{1}.positions(:,find(result_som(:,i)));
if ((target(1,i)==1)&&(i<=ntraindata))
% dados de treino cujo agrupamento final seja do primeiro tipo
plot(pos(1,i), pos(2,i),'.r')
hold on
text(pos(1,i), pos(2,i),char('1')); %identificação do primeiro tipo
elseif ((target(2,i)==1)&&(i<=ntraindata))
% dados de treino cujo agrupamento final seja do segundo tipo
plot(pos(1,i), pos(2,i),'*b')
hold on
text(pos(1,i), pos(2,i), char('2')); %identificação do segundo tipo
else
% os demais dados têm agrupamento desconhecido
plot(pos(1,i), pos(2,i), '.k')
hold on
text(pos(1,i), pos(2,i), char('?'));
end
xlim([-1 (neux+1)]); ylim([-1 (neuy+1)])
set(gca, 'xtick', []); set(gca, 'ytick', [])
drawnow; hold on
end

```

Figura 4.10: Código para criação, treinamento e teste da rede SOM e *plot* dos posicionamentos dos dados após o teste.

Essas escolhas eram feitas randomicamente da seguinte forma: ao longo de 500 iterações, cada iteração gerava um vetor linha embaralhado randomicamente com valores inteiros de 1 até o número de sinais (r), que não se repetiam. Usando esse vetor como referência, fazia-se um reposicionamento das colunas das matrizes *info* e *target*, que portanto passavam a ficar conformemente embaralhadas. O objetivo desse procedimento foi definir os dados de treino e de teste, e a ordem de entrada na rede neural de maneira aleatória. A figura 4.12 a seguir mostra o trecho de código utilizado responsável pelo embaralhamento. São tomados então os primeiros 90% dos dados conforme a nova ordem do embaralhamento, e utilizados para o processo de treinamento (parte 1 do sistema). O restante dos dados (os últimos 10% da ordem do embaralhamento) é utilizado para o teste, ou seja, na parte 2 do sistema (rever figura 4.1). Calcula-se então, para cada iteração (portanto, para cada embaralhamento), a taxa de acerto em relação aos dados de teste. Ao final das 500 iterações, era-se calculada a taxa de acerto médio, bem como o desvio padrão da taxa de acerto.

Alterando questões como o números de neurônios da MLP, mínimo erro quadrático médio para manutenção do treinamento (EQM_{limite}) e número de parâmetros após o redimensionamento (quantidade de dimensões após a PCA), foram obtidos diferentes valores de taxa de acerto médio. O objetivo então foi escolher a melhor configuração, ou seja, a melhor escolha para essas variáveis, a fim de maximizar o acerto médio para cada classificação.

```

net = newff(minmax(final_treino), minmax(target_treino), 10, {'logsig'}, 'trainlm');
net.divideParam.trainRatio=1;
net.divideParam.testRatio=0;
net.divideParam.valRatio=0;
net.trainParam.epochs = 350;
net.trainParam.min_grad = 0.0001;
net=train(net, final_treino, target_treino);
%testando a rede PMC com os dados de teste
yyy=sim(net,final_teste);
conta_err=0;

%para binarizar os valores de saída resultantes do teste:
for i=1:(totalsinais-ntraindata) %para cada dado de teste
    maior=max(yyy(:,i));
    Indice=-3;
    for kkk=1:mmm %análise de cada linha do target correspondente ao dado
        if ((yyy(kkk,i)==maior)&&(Indice<0))
            %ao maior valor presente no vetor coluna do target, será
            %atribuído o valor 1; e será atribuído 0 aos demais.
            yyy(kkk,i)=1;
            Indice=1;
        else
            yyy(kkk,i)=0;
        end
    end
end

if (yyy(:,i)==target(:,(i+ntraindata)))%compara a saída com o target
else
    conta_err=conta_err+1; %contabiliza os erros
end
end

```

Figura 4.11: Código para criação, treinamento e teste da rede MLP de 10 neurônios, com limiar de erro quadrático médio 0,0001 (abaixo desse valor, o treinamento é interrompido) e função de ativação *logsig*. O código mostra ainda a binarização para identificação das classificações e a contabilização dos erros.

```

A=1:totalsinais;
B=A(randperm(length(A)));
for i=1:length(B)
    info(:,B(i))=info_ordem(:,i);
    target(:,B(i))=target_ordem(:,i);
end

```

Figura 4.12: Código utilizado no embaralhamento da matriz *info* (que antes se chamava *info_ordem*) e da matriz *target* (que antes se chamava *target_ordem*).

Capítulo 5

Resultados Experimentais

O objetivo deste capítulo é a verificação e validação do sistema proposto neste trabalho. Para isso, serão mostrados essencialmente três tipos de aplicação para este sistema: (I) como forma de identificar e classificar padrões; (II) como forma de auxiliar a identificação de períodos de crise de alguma patologia; (III) como forma de auxílio ao diagnóstico de patologias.

5.1 Introdução

Serão apresentados resultados de acerto médio e desvio-padrão da taxa de acerto para diversas classificações, a saber: entre indivíduos assistindo ao filme Fantasia (Disney, 1940) *vs* indivíduos ao longo de atividades cotidianas (*A*); entre indivíduos durante e fora de uma crise de apneia do sono (*B*); entre indivíduos durante e fora de uma crise de epilepsia parcial (*C*); e entre indivíduos saudáveis, com respiração espontânea durante o sono *vs* indivíduos com apneia, mas em momentos fora da crise (*D*).

Para cada classificação, serão descritos: os testes realizados para obtenção da melhor configuração (com a melhor taxa de acerto médio); a ilustração da matriz de parâmetros obtida após a extração, para todos os sinais; e o resultado da redução de dimensionalidade, pela ilustração da matriz resultante no caso do método PCA, ou pela topologia da rede, no caso da rede SOM. Ainda, serão feitas algumas considerações fisiológicas acerca dos resultados encontrados.

Para a visualização, nas figuras de representação das matrizes a serem apresentadas, o valor mínimo obtido para cada parâmetro no total dos sinais era subtraído do mesmo parâmetro para todos os sinais. Em seguida, os valores resultantes eram normalizados em cada dimensão. Os valores mais altos são representados em cor mais clara.

5.2 (I) Aplicação na identificação e classificação de padrões - classificação A

Para a comparação em A , foram utilizados sinais de cerca de 20 minutos cada, de indivíduos assistindo ao filme *Fantasia vs* indivíduos ao longo de atividades cotidianas. Para isso, no algoritmo, havia um trecho para garantir que fossem tomados apenas intervalos dessa duração. Foi uma medida necessária, pois as duas classificações têm originalmente sinais de duração muito longa, e bem diferentes entre si (os indivíduos em atividades cotidianas foram sinais coletados dos grupos 2 e 3, de monitores Holter de 24 horas; e os de *Fantasia*, do grupo 4, têm duração aproximada do tempo do filme, ou seja, 124 minutos). Caso contrário, as diferenças de tamanho do sinal na entrada poderiam interferir de maneira indesejada em alguns parâmetros do sinal, como a faixa de valores. Sinais dos grupos 2 e 3 foram postos para receber um único *target* a fim de abrangerem faixas de idade variadas (47 sinais do grupo 2, de 20 a 50 anos; mais 15 sinais do grupo 3, de 58 a 73 anos). Semelhantemente, os sinais utilizados do grupo 4 têm faixa de idade de pessoas jovens (de 21 a 34 anos) e idosas (de 68 a 85 anos), e correspondem aos 38 primeiros sinais utilizados. Todos esses grupos são bem variados também com relação ao número de homens e mulheres. Foram utilizados, portanto, no total, 38 sinais de indivíduos assistindo *Fantasia*, e os 62 demais, de indivíduos em atividade normal. Como há dois alvos desejados para se classificar, a matriz *target* terá duas linhas. Suas 38 primeiras colunas serão $(1, 0)^T$ e as demais, $(0, 1)^T$ (antes do embaralhamento).

Primeiramente, foi testado o método PCA. A tabela 5.1 a seguir mostra a descrição dos testes feitos a fim de buscar uma configuração que minimizasse os erros da classificação. A taxa de acerto médio é representada por \overline{taxa}_{acerto} , e o desvio-padrão da taxa de acerto, por δ_{acerto} .

A configuração 15 foi considerada a melhor dentre as testadas, com resultados de acerto bem significativos. Além disso, o desvio-padrão baixo da taxa de acerto mostra que, para uma classificação feita sob essa configuração, a taxa de acerto deve variar pouco em relação ao valor médio calculado. Conforme a configuração 15, após a extração dos parâmetros característicos, a matriz de parâmetros \times sinais foi obtida, e está ilustrada a seguir na figura 5.1, mostrando algum padrão observado distinguindo os objetos da classificação.

A figura 5.2 mostra a matriz 4×100 após o PCA (com 4 dimensões para cada um dos 100 sinais, conforme a classificação 15). Deve-se ressaltar que a redução por PCA pode ser feita antes ou depois do embaralhamento, sem prejuízo ao resultado final. Entretanto, para visualização das matrizes mostradas neste capítulo, optou-se por fazer a redução antes do embaralhamento.

De modo geral, da figura 5.1 foram observadas as seguintes diferenças entre os dois grupos alvos de classificação: parâmetros 20 e 21 mais altos nos indivíduos assistindo ao filme; parâmetros 8 e 19 mais altos nos indivíduos em atividades cotidianas. O parâmetro 8 diz respeito ao coeficiente de correlação entre os eixos do *plot* de Poincaré, e seu baixo valor no grupo de *Fantasia* possivelmente indica que os sinais RR dos indivíduos desse grupo estejam mais interrelacionados com fatores externos, no caso, cenas do filme, e não só com o intervalo RR anterior. Semelhantemente, 19 e 20 são parâmetros que fazem a análise do *plot* de Poincaré, mas por meio de uma regressão. O parâmetro 21, que indica a energia de alta frequência normalizada, tem alta correlação com a

Tabela 5.1: Testes realizados para encontrar uma configuração com maior taxa de acerto na classificação A com PCA

Teste	Neurônios (MLP)	EQM_{limite}	Parâmetros após PCA	$\overline{\text{taxa}}_{acerto}(\%)$	$\delta_{acerto}(\%)$
1	20	10E-4	8	91,16	8,67
2	10	10E-4	4	96,86	5,66
3	10	10E-4	5	96,84	5,73
4	10	10E-4	6	96,06	6,03
5	10	10E-4	3	94,50	6,54
6	15	10E-4	4	96,40	6,03
7	5	10E-4	4	97,88	4,55
8	5	10E-3	4	97,70	4,79
9	5	10E-5	4	97,18	5,28
10	4	10E-4	4	97,18	5,01
11	6	10E-4	4	97,24	5,01
12	5	10E-4	5	97,06	5,41
13	6	10E-4	5	97,00	5,72
14	5	10E-4	6	96,50	5,40
15	5	10E-2	4	98,50	3,79
16	5	10E-1	4	92,04	12,06

atividade do sistema nervoso parassimpático. Dessa forma, seu valor mais escuro em atividades cotidianas indica baixa atividade desse sistema, e de uma forma geral, menor relaxamento em seus indivíduos.

Caso a classificação A seja feita utilizando rede SOM, esta deve ser treinada até que se obtenha uma topologia com boa separação entre os grupos conhecidos (treino). Na redução por SOM, o embaralhamento deve ser feito antes da redução de dimensionalidade, somente os dados de treino são considerados na avaliação da qualidade da clusterização da rede. Foram feitos alguns testes utilizando redes SOM, e o critério para a avaliação da qualidade do mapa foi se era possível reconhecer topologicamente o valor desejado dos dados de teste. Os resultados do agrupamento da SOM foram bons. A figura 5.3 mostra alguns exemplos de topologia em que era possível prever a maior parte dos dados desconhecidos, ou de teste, representados por uma interrogação e um ponto preto. Os asteriscos em azul representam dados de treino de indivíduos em atividades cotidianas; os pontos em vermelho representam dados de treino de indivíduos assistindo Fantasia.

A configuração utilizada na rede SOM foi escolhida de modo a se obter a melhor clusterização. Ela corresponde a 12×12 neurônios na rede SOM e 500 épocas de treinamento. Foram escolhidos 8 neurônios na rede MLP, e $EQM_{limite} = 0,01$. A quantidade de dados de teste totais em cada classificação era 10. Portanto, nas figuras mostradas o resultado da classificação variou de 90% a 100%. Foi visto que a maioria dos resultados de mapeamentos considerados bons tinha taxa de

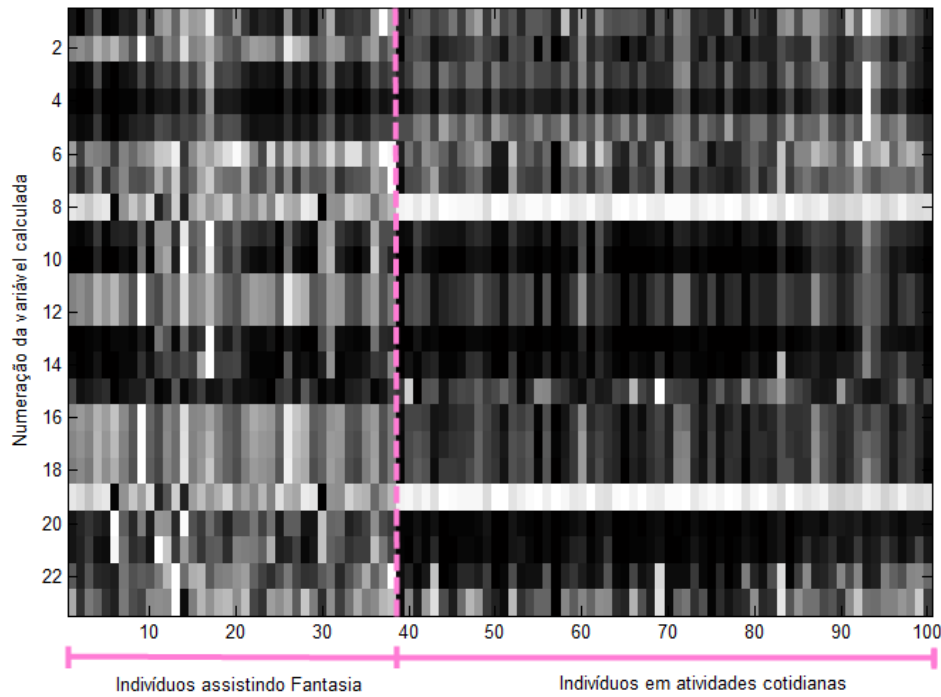


Figura 5.1: Matriz dos parâmetros extraídos dos sinais da classificação A ($info_order$), com sinais agrupados e ajustes feitos para favorecer a visualização.

acerto médio em torno dessa faixa.

5.3 (II) Aplicação na identificação de períodos de crise de alguma patologia: classificações B e C

5.3.1 Classificação B : entre indivíduos durante e fora de uma crise de apneia do sono

Para esta classificação, foram utilizados sinais durante o sono de 180 pontos (ou seja, de 180 intervalos RR) de indivíduos que têm crises de apneia longa, ou seja, de 100 minutos ou mais. Para a escolha dos sinais a serem utilizados, foram tomados sinais de HRV com comportamentos similares (o ideal é que a rede fosse treinada para um mesmo indivíduo, pois pode haver características fisiológicas distintas entre indivíduos diferentes). Os trechos de sinais de 180 pontos utilizados foram coletados de forma a preencher 3 subgrupos: o primeiro, com todos os intervalos RR do trecho tendo ocorrido durante a crise de apneia (32 sinais); o segundo, quando o trecho de sinal contempla o início de uma crise de apneia em algum momento do trecho (11 sinais); e o terceiro, quando o trecho de sinal foi obtido fora de uma crise de apneia (37 sinais). Os dois primeiros subgrupos foram classificados com um só tipo de $target$, a saber, $(1, 0)^T$, correspondendo à indicação de uma crise de apneia; o último grupo foi classificado com $target$ igual a $(0, 1)^T$, correspondendo a um estado estável fora da crise. No total, os sinais de 180 pontos tomados variam de 1m56 a

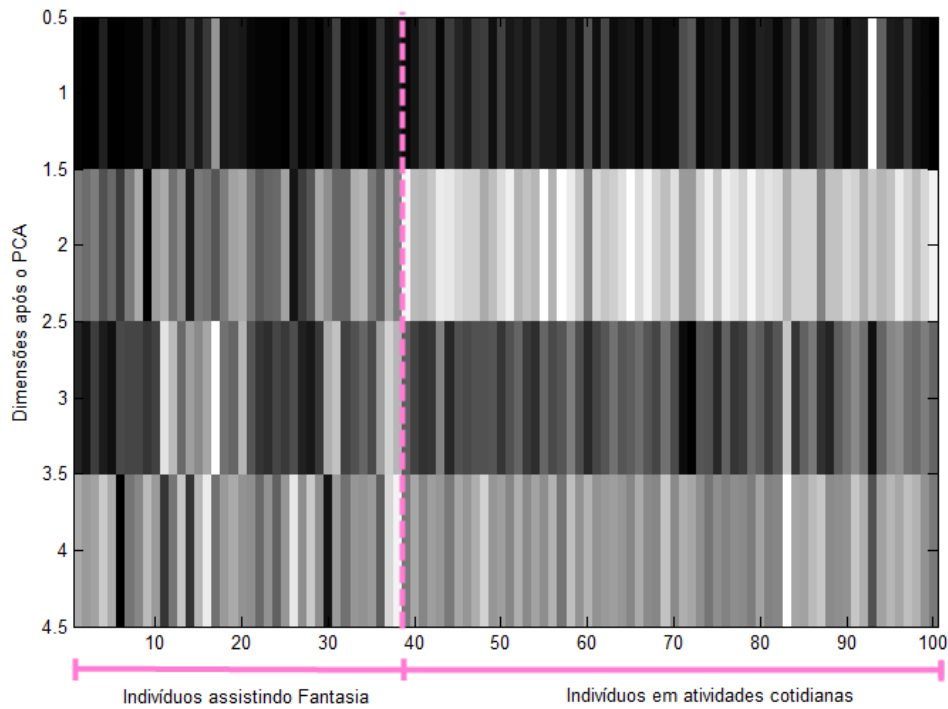


Figura 5.2: Matriz com dimensões reduzidas após o PCA dos sinais da classificação A (*info_ordem*), com sinais agrupados e ajustes feitos para favorecer a visualização.

3min12. Será mostrada aqui a implementação de sistema com método PCA para esta classificação.

Para o método de PCA, a tabela 5.2 mostra os testes feitos para esta classificação. A melhor configuração obtida foi a do teste 14, ou seja, com 3 dimensões após o PCA. A figura 5.4 mostra a matriz dos parâmetros extraídos (linhas) para cada sinal (colunas) nesta classificação. A figura 5.5 mostra a matriz resultante da redução de dimensões conforme a configuração do teste 14.

A alternativa PCA é mais recomendada neste caso, pois a SOM necessitaria de avaliação visual e a idéia do modelo é ser capaz de ser implementado em tempo real. Entretanto, uma alternativa com aplicação da rede SOM é mostrada, e poderia ser implementada caso o sistema não tivesse a necessidade da resposta em tempo real, ou caso não fosse realizada a avaliação visual da topologia da rede. Foram utilizadas redes SOM com 12×12 neurônios e 500 épocas de treinamento. Na MLP após a SOM, 8 neurônios. O resultado de algumas topologias SOM neste caso são mostradas na figura 5.6 a seguir. Considerando que foram utilizados 8 dados de teste, e os resultados da classificação tiveram de 0 a 2 erros apenas, isso correspondeu a uma faixa de 75% a 100% de acerto.

Apneia do sono é o termo usado para se referir à interrupção momentânea ou mais longa do ritmo respiratório, durante o sono, suficiente para causar hipoxemia e é frequentemente causada por um excesso de gordura na região do pescoço. O resultado é uma resposta compensatória por parte do SNA [37], com uma forte atividade simpática. Portanto, a faixa de valores de RR (parâmetro 1 na figura 5.4) tende a ser mais alta, devido à queda abrupta nos valores dos intervalos, mas também à busca do SNA pelo reestabelecimento do oxigênio no corpo. Viu-se que, nesses casos de crise de

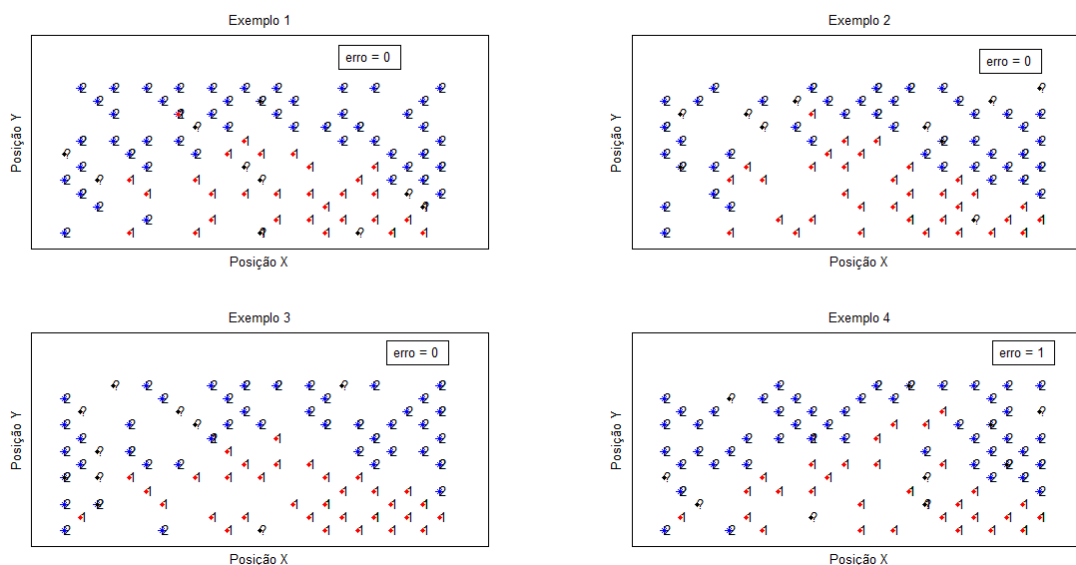


Figura 5.3: Topologia do mapeamento SOM dos parâmetros extraídos na classificação A. Azuis são indivíduos em atividades cotidianas; em vermelho, assistindo ao filme Fantasia; em preto, os que se deseja classificar.

apneia, as energias absolutas do espectro de frequência tendem a serem maiores tanto para alta frequência (parassimpático) quanto para baixa frequência, conforme mostrado pelos parâmetros 13 e 14.

5.3.2 Classificação C: *entre indivíduos durante e fora de uma crise de epilepsia parcial*

Algo importante de se considerar é que nem todos os ataques parciais são manifestados por meio de convulsões [38]. Portanto, pode ser interessante um método de auxílio para sua identificação. Para a comparação em C, foram utilizados sinais de 300 pontos, ou seja, de 300 intervalos RR em cada. Para isso, com o auxílio do ECGLab, foram tomados trechos em que eram registrados o início da epilepsia parcial. Para os testes, foram utilizados dois grupos distintos: sinais de indivíduos que nos últimos 300 intervalos RR manifestaram início de uma crise de epilepsia parcial, particularmente em meados do período (9 sinais no total); e sinais de indivíduos que, nesse mesmo período, não manifestaram essa crise (53 no total). O período correspondente aos 300 intervalos RR tomados em todos os sinais abrangeu a faixa de 2min43 a 5min10. A diferença na duração não foi considerada um problema neste caso, visto que o número de intervalos RR foi padronizado. Os 9 primeiros correspondem aos que manifestaram a crise, e têm $target$ igual a $(1, 0)^T$; os demais têm $target$ igual a $(0, 1)^T$. Como deseja-se que o sistema possa ser implementado em tempo real, semelhantemente ao caso da classificação B, preferiu-se utilizar o método de PCA.

A tabela 5.3 mostra a descrição dos testes feitos a fim de buscar uma configuração que minimizasse os erros da classificação. A taxa de acerto médio é representada por \overline{taxa}_{acerto} , e o

Tabela 5.2: Testes realizados para encontrar uma configuração com maior taxa de acerto na classificação B com PCA

Teste	Neurônios (MLP)	EQM_{limite}	Dimensões após PCA	$\overline{taxa}_{acerto}(\%)$	$\delta_{acerto}(\%)$
1	12	10E-2	7	89,75	10,13
2	12	10E-2	5	90,28	9,76
3	12	10E-2	6	90,60	9,94
4	5	10E-2	6	88,65	10,82
5	10	10E-2	6	88,70	10,70
6	15	10E-2	6	88,78	10,67
7	12	10E-3	6	88,25	11,05
8	22	10E-2	8	88,95	10,75
9	18	10E-2	8	88,40	10,61
10	7	10E-2	4	90,58	9,99
11	6	10E-2	4	91,68	9,52
12	5	10E-2	4	90,70	10,46
13	6	10E-2	5	89,18	10,76
14	6	10E-2	3	91,15	10,03
15	4	10E-2	3	90,40	10,24
16	6	10E-2	4	90,60	10,61
17	10	10E-2	3	89,15	10,87

desvio-padrão da taxa de acerto, por δ_{acerto} . A configuração no teste 3 obteve melhor taxa de acerto médio, também bastante significativo, e baixo desvio-padrão da taxa de acerto. Foi feita a extração dos parâmetros característicos, a matriz de parâmetros \times sinais foi obtida e está ilustrada na figura 5.7. Em seguida, a figura 5.8 mostra a matriz 3×62 após o PCA (com 3 dimensões para cada um dos 62 sinais, conforme a configuração do teste 3).

Chama-se de crise de epilepsia generalizada aquela em que uma descarga elétrica excessiva afeta todo o cérebro. Já na crise de epilepsia parcial, essa descarga afeta somente uma área cerebral específica. A crise parcial pode ter como consequência uma convulsão ou não. Caso tenha, é chamada de crise parcial complexa; caso não tenha, é chamada crise parcial simples, e pode gerar sensações como: medo, distorções na visão e na audição, e movimentos de partes do corpo da pessoa afetada [39]. A epilepsia parcial pode gerar episódios de fúria, embora especialistas forenses acreditem que dificilmente eles possam ser responsáveis por agressões criminais. Entretanto, foi observado que em estados pós-crise (pós-ictais) há uma chance maior de eventos desse tipo, caso haja um período de confusão pós-ictal prolongado [38]. Portanto, a identificação de períodos de crise de epilepsia parcial talvez seja importante para aplicações como esta. Neste contexto, é importante ressaltar que, nesta classificação, os sinais de períodos de confusão pós-ictal não foram utilizados como os sinais de indivíduos epiléticos fora da crise; para isso, foram utilizados sinais de períodos mais estáveis desses indivíduos.

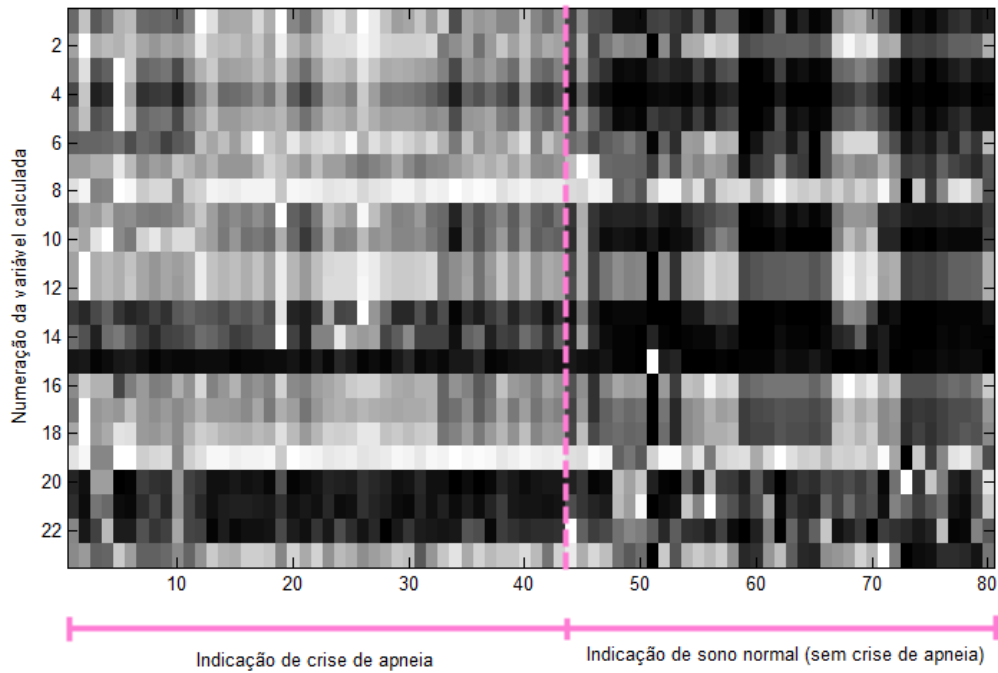


Figura 5.4: Matriz dos parâmetros extraídos dos sinais da classificação B (*info_order*), com sinais agrupados e ajustes feitos para favorecer a visualização.

Alguns estudos mostram uma tendência à disfunção do sistema nervoso autônomo gerada por descargas elétricas em períodos ictais de epilepsia. Foi observado nesta classificação que em pacientes com epilepsia parcial sem tratamento, parece haver uma disfunção simpática, de maneira consistente com a literatura [40]. Durante a crise, frequentemente ocorre uma queda muito brusca no valor dos intervalos RR, indicando uma atividade simpática mais elevada. Nos parâmetros extraídos dos sinais, isso indicou valores mais elevados para pacientes em crise principalmente para as variáveis 1, 3, 4 e 5 (faixa de valores, desvio-padrão, variância e coeficiente de variação), devido à brusca queda sofrida nos intervalos pelo início do período ictal. Isso pode ser facilmente notado na figura 5.7.

Como forma de apoiar o resultado da classificação, a redução de dimensões por rede SOM pode ser feita. O resultado foi uma taxa de acerto que variava entre 100% (nenhum erro) ou 85,71% (1 erro dentre os 7 dados de teste). A figura 5.9 a seguir mostra alguns exemplos dessas topologias. Os asteriscos em azul representam dados de treino de indivíduos fora da crise; os pontos em vermelho representam dados de treino de indivíduos durante a crise. A configuração utilizada na rede SOM foi: 12×12 neurônios e 500 épocas de treinamento. Foram escolhidos 5 neurônios na rede MLP, e $EQM_{limite} = 0,01$. A taxa de acerto verificada foi considerada alta, e pode ser utilizada, de modo geral, para apoiar os resultados obtidos pelo método PCA.

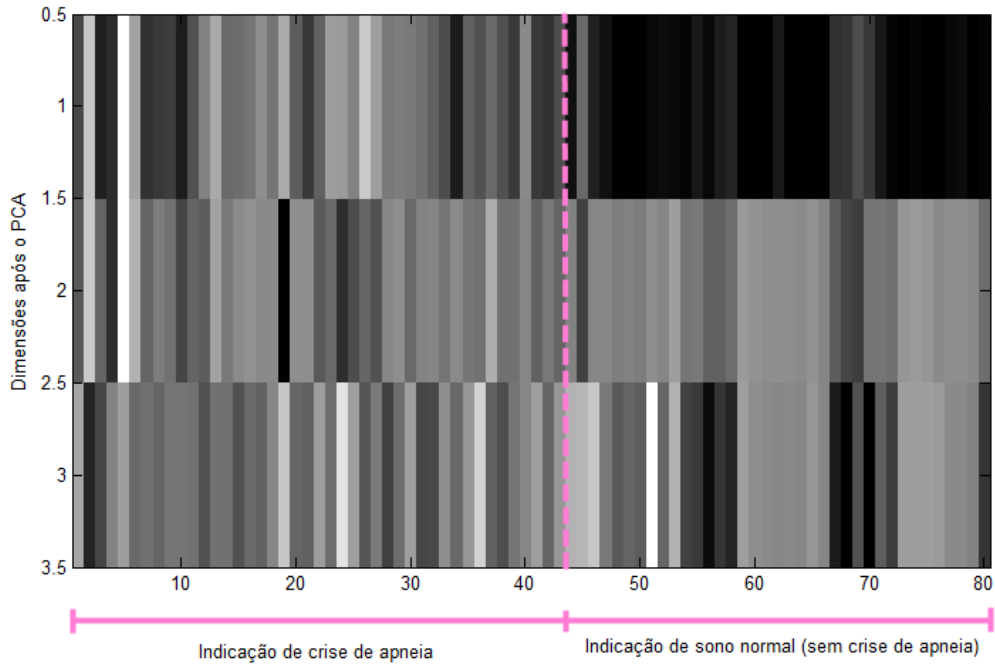


Figura 5.5: Matriz com dimensões reduzidas após o PCA dos sinais da classificação B ($info_order$), com sinais agrupados e ajustes feitos para favorecer a visualização.

5.4 (III) Aplicação no diagnóstico de patologias: classificação D

Nessa classificação, foram utilizados 48 trechos de sinais de 200 segundos (3min20) cada, sendo 11 deles de indivíduos com respiração espontânea durante o sono (grupo 1 descrito na metodologia) e 37 deles de indivíduos que sofrem de apneia, também durante o sono, mas fora do episódio de crise de apneia. O objetivo é reconhecer um padrão capaz de classificar indivíduos que sofrem ou não de apneia, a partir de sinais do sono, mesmo que nestes a crise não se manifeste. Foram utilizados sinais de indivíduos que sofrem de apneia mais longa (100 minutos ou mais), devido à maior quantidade de dados desse subgrupo.

Apesar das diferenças relativas entre os grupos do banco de dados (o de respiração espontânea tem origem em mais mulheres, e o de apneia é majoritariamente masculino; no de apneia a média de idade era consideravelmente maior), os resultados da separação ainda foram considerados bons. Isso porque, primeiramente, o quadro clínico mais favorável ao desenvolvimento de apneia é realmente em homens [41] de meia idade [42]. O ideal seria ter um sistema que se ajustasse à idade e gênero da pessoa em estudo, mas por limitação de quantidade de dados, a generalização dos sinais apresentados parece razoável. Em segundo lugar, o simples fato de tomar-se sinais de HRV de indivíduos diferentes, mesmo com as mesmas condições de gênero e idade, pode ser suficiente para que eles apresentem características muito distintas. Então, embora a preferência seja realmente por utilizar dados de indivíduos sob as condições mais similares possíveis (a despeito das condições a serem classificadas), nesta classificação os resultados ainda foram considerados razoáveis, ainda que não totalmente conclusivos. Para comprovar a validação do modelo, sugere-se que, em outros trabalhos, sejam tomados dados mais semelhantes para este tipo de classificação. Às primeiras 11

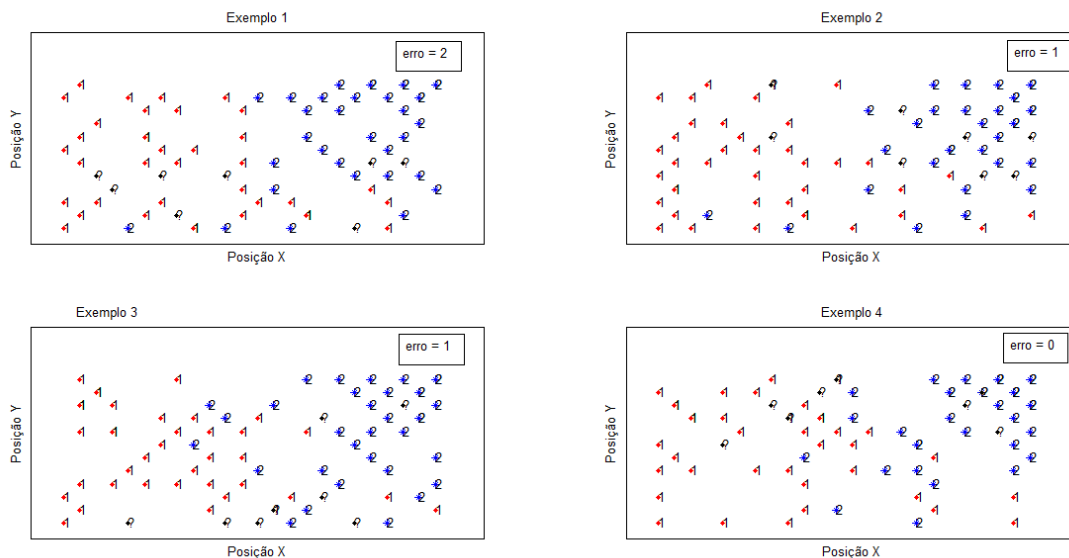


Figura 5.6: Exemplos de topologia do mapeamento SOM dos parâmetros extraídos na classificação B. Azuis são indivíduos em estado normal de sono, fora de crise de apneia; em vermelho, com alerta de crise de apneia; em preto, os que se deseja classificar.

colunas (saudáveis com respiração espontânea) foi atribuído $(1, 0)^T$ de *target*, e às demais, $(0, 1)^T$.

Primeiramente, foi testado o método PCA. A tabela 5.4 a seguir mostra a descrição dos testes feitos a fim de buscar uma configuração que minimizasse os erros da classificação. A taxa de acerto médio é representada por $\overline{taxa_{acerto}}$, e o desvio-padrão da taxa de acerto, por δ_{acerto} . A configuração 16 da tabela 5.4 foi considerada a melhor dentre as testadas, com resultados de acerto bem significativos. Foi seguida então essa configuração, ou seja, após a extração dos parâmetros característicos, foi obtida a matriz de parâmetros \times sinais, ilustrada na figura 5.10, de tamanho 23×48 .

A figura 5.11 mostra a matriz 8×48 após o PCA (com 8 dimensões para cada um dos 48 sinais, conforme a classificação 16).

Observando somente as figuras 5.10 e 5.11, é difícil observar um padrão entre os sinais a olho nu. É possível notar ainda alguns padrões dentro do próprio grupo de apneicos. Isso se deve aos indivíduos com diferentes características fisiológicas dentro desses grupos, conforme já foi mencionado. Entretanto, ainda assim o resultado da classificação conseguiu atingir altas taxas de acerto para valores desconhecidos (88,48%). Uma explicação possível é que na verdade se trate de uma combinação dos parâmetros que identifique o resultado da classificação. A respeito dos indivíduos apneicos, são indivíduos com disfunção no SNA gerado pela resposta compensatória do organismo em reestabelecer os níveis de oxigênio, conforme foi explicado na classificação B. Mesmo fora da crise, esta classificação (D) parece mostrar que tais indivíduos apresentam alguma alteração no SNA.

Na aplicação da rede SOM para esta classificação, a topologia resultante não foi capaz de

Tabela 5.3: Testes realizados para encontrar uma configuração com maior taxa de acerto na classificação C com PCA

Teste	Neurônios (MLP)	EQM_{limite}	Parâmetros após PCA	$\overline{taxa}_{acerto}(\%)$	$\delta_{acerto}(\%)$
1	8	10E-2	3	97,00	7,15
2	5	10E-2	3	97,14	6,89
3	3	10E-2	3	97,83	5,59
4	3	10E-1	3	92,06	11,21
5	3	10E-3	3	95,94	7,82
6	3	10E-2	2	97,20	6,79
7	4	10E-2	3	96,89	7,38
8	3	10E-2	4	95,80	8,08
9	1	10E-2	1	95,49	8,58

separar bem os grupos. A redução PCA cujo resultado final apresentou maior taxa de acerto foi para 8 dimensões. Portanto, fazer a redução drástica para apenas 2 dimensões mostrou não ser tão eficiente neste caso.

5.5 Resumo dos resultados

Foram obtidos bons resultados para as classificações. Uma tabela com os melhores resultados usando SOM e PCA são mostrados na tabela (5.5). No caso da SOM, para cada classificação, a taxa de acerto médio foi aproximada calculando-se a média das 4 taxas de acerto observadas para os mapeamentos escolhidos.

Os desvios-padrões algumas vezes significativos calculados para as taxas de acerto comprovam que os sinais utilizados são poucos, ou seja, não são suficientes para deixar a rede MLP igualmente bem treinada a cada embaralhamento. O resultado é que, a cada iteração, dependendo dos dados utilizados para treino e dos dados apresentados para teste, a taxa de acerto pode variar em uma faixa consideravelmente grande. Uma maior quantidade de sinais poderia deixar também a própria taxa de acerto médio mais elevada.

Verificou-se que, para as classificações apresentadas, o método PCA apresentou resultados melhores como forma de redução de dimensionalidade. Comprovou ser um método robusto, visto que o número de dimensões final pode ser ajustado conforme interesse do usuário. Nem sempre a rede SOM é capaz de fazer a separação adequada entre os grupos (como ocorreu no caso da separação D), visto que, para ser viável no Matlab, tem saídas de até 2 ou 3 dimensões. Ainda assim, recomenda-se o uso de redes SOM caso possa ser tomada uma quantidade grande de dados, com boa separação entre seus grupos após a clusterização. Nesse caso, a confiabilidade da classificação aumenta bastante, e esta inclusive pode ser feita muitas vezes por simples análise visual, antes

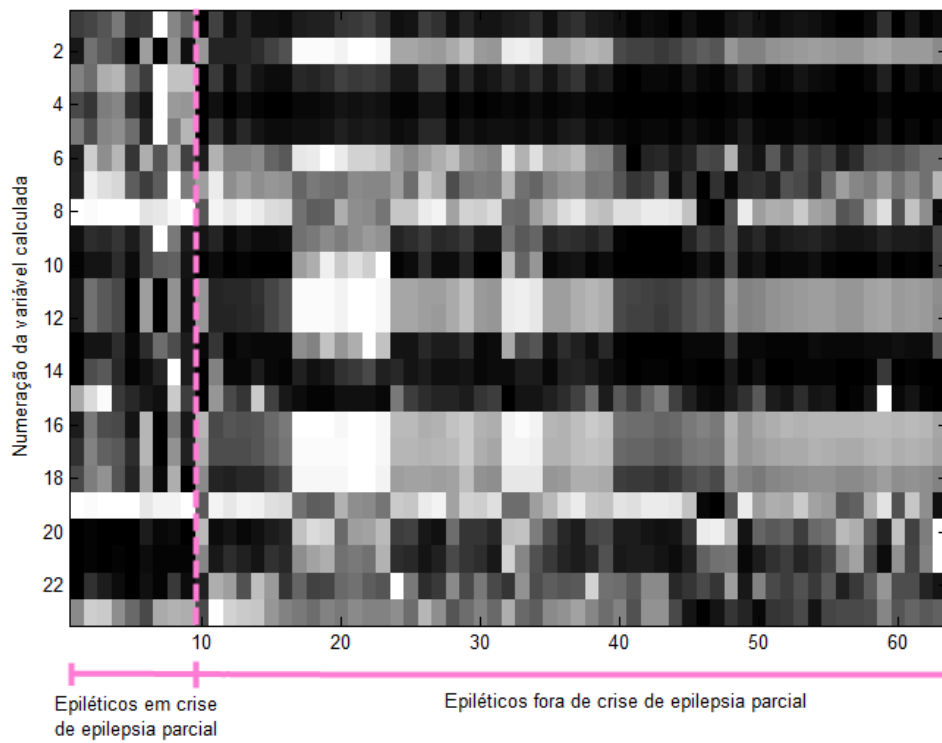


Figura 5.7: Matriz dos parâmetros extraídos dos sinais da classificação C ($info_order$), com sinais agrupados e ajustes feitos para favorecer a visualização.

mesmo da aplicação da rede MLP, o que nem sempre ocorre com o método PCA.

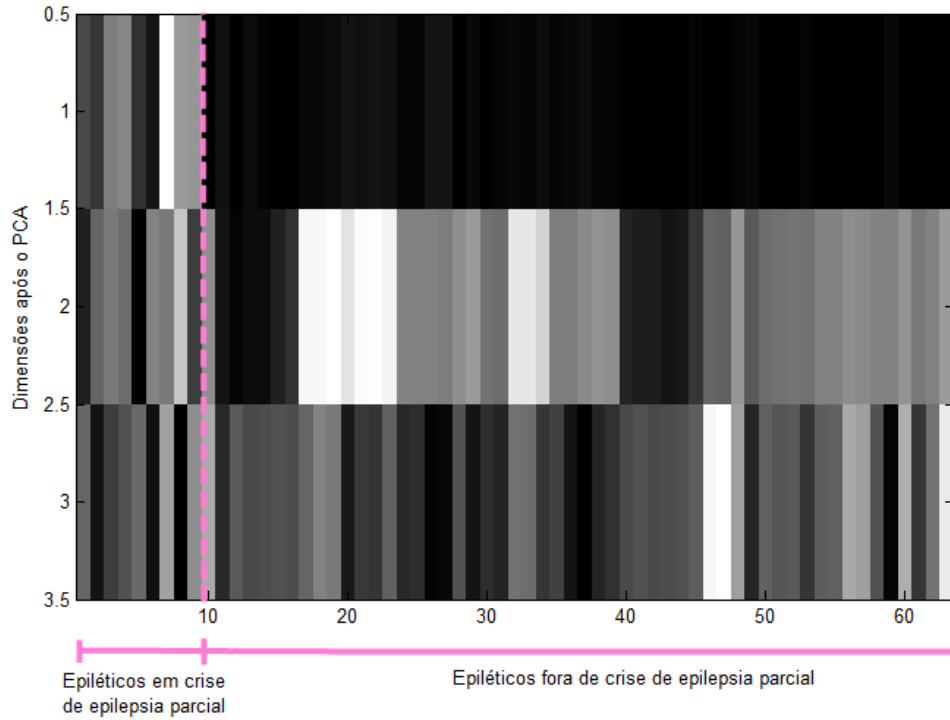


Figura 5.8: Matriz com dimensões reduzidas após o PCA dos sinais da classificação C (*info_ordem*), com sinais agrupados e ajustes feitos para favorecer a visualização.

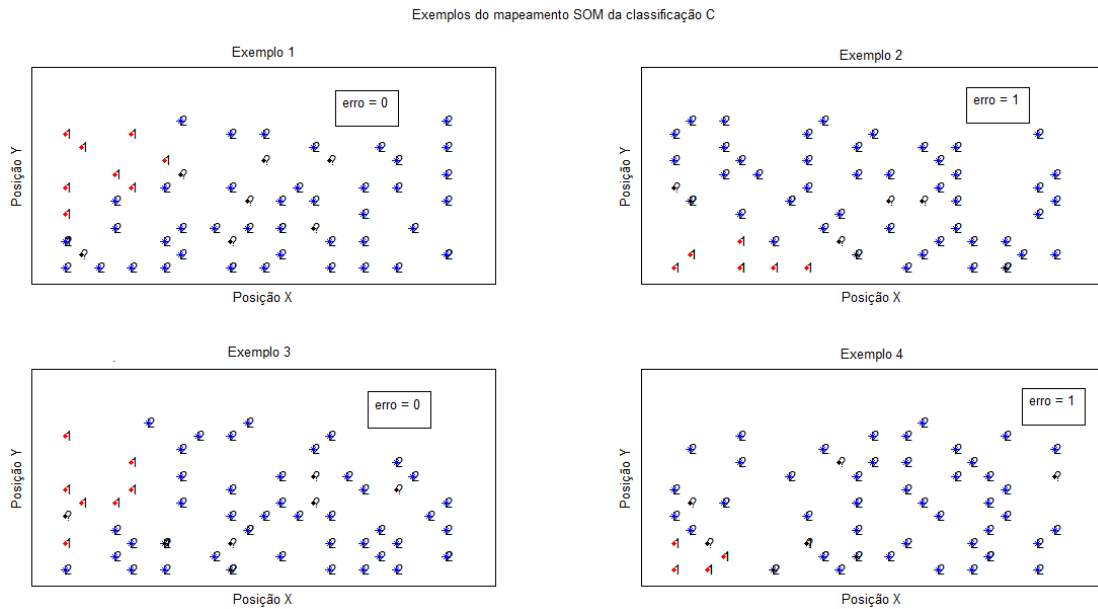


Figura 5.9: Exemplos de topologia do mapeamento SOM dos parâmetros extraídos na classificação C . Azuis são indivíduos fora da crise de epilepsia; em vermelho, durante a crise; em preto, os que se deseja classificar.

Tabela 5.4: Testes realizados para encontrar uma configuração com maior taxa de acerto na classificação D com PCA

Teste	Neurônios (MLP)	EQM_{limite}	Parâmetros após PCA	$\overline{taxa}_{acerto}(\%)$	$\delta_{acerto}(\%)$
1	16	10E-2	3	77,12	18,38
2	10	10E-2	3	74,88	17,39
3	16	10E-2	5	78,88	18,66
4	16	10E-2	6	79,76	17,36
5	16	10E-2	7	79,48	17,47
6	18	10E-2	7	80,76	18,40
7	20	10E-2	7	77,72	18,71
8	12	10E-2	6	78,36	19,03
9	8	10E-2	4	76,80	17,89
10	17	10E-2	7	79,96	17,29
11	18	10E-4	7	80,64	16,79
12	18	10E-3	7	79,72	17,24
13	18	10E-5	7	78,88	18,58
14	20	10E-2	9	88,40	14,09
15	18	10E-2	9	87,92	14,75
16	20	10E-2	8	88,48	13,70
17	16	10E-2	8	87,88	15,28
18	22	10E-2	8	87,76	14,79

Tabela 5.5: Tabela com resumo das melhores taxas de acerto médio encontradas para cada classificação

Classificação	Acerto médio usando PCA (%)	Acerto médio usando SOM(%)
A	98,50	97,50
B	91,15	87,50
C	97,83	92,85
D	88,48	—

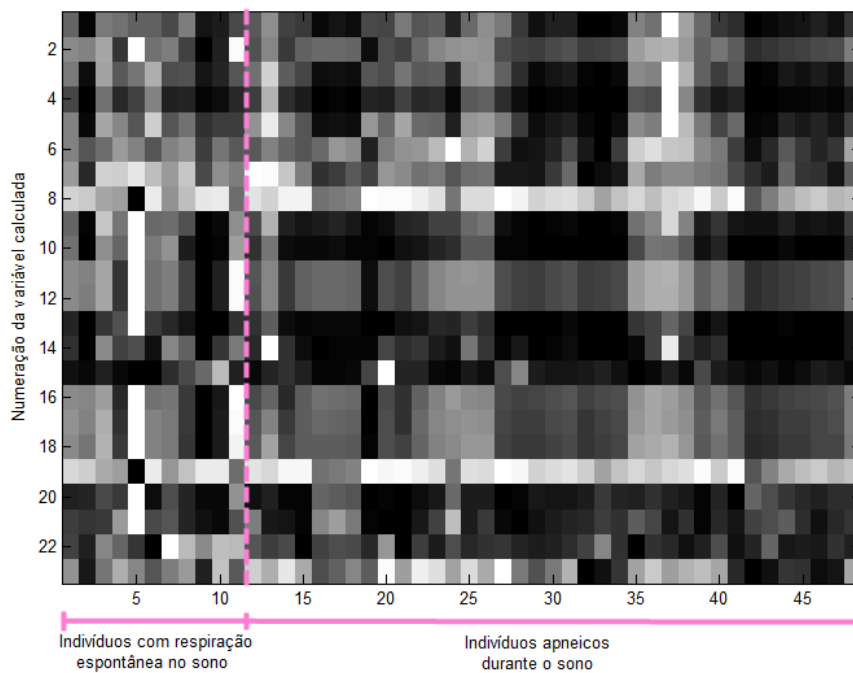


Figura 5.10: Matriz dos parâmetros extraídos dos sinais da classificação D ($info_order$), com sinais agrupados e ajustes feitos para favorecer a visualização.

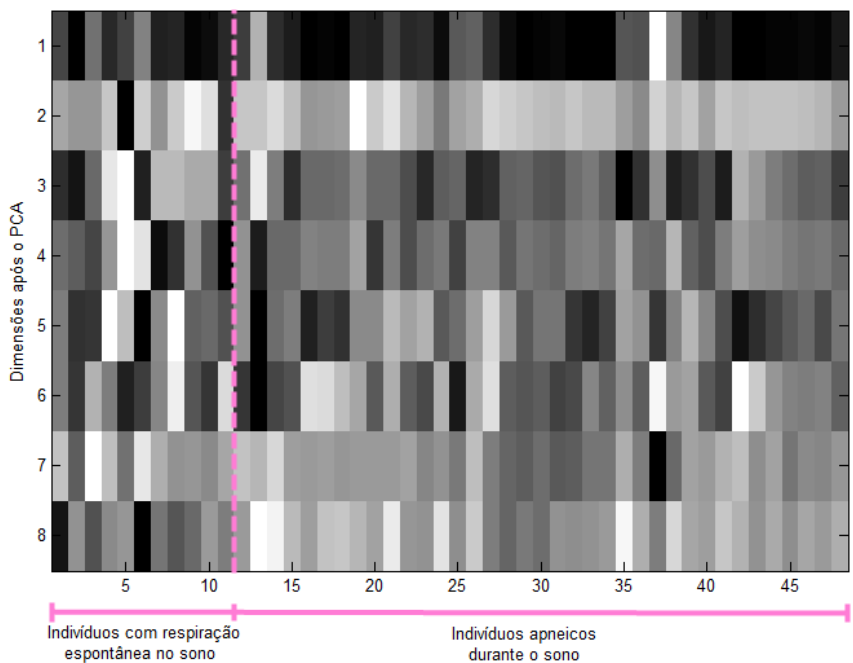


Figura 5.11: Matriz com dimensões reduzidas após o PCA dos sinais da classificação D ($info_order$), com sinais agrupados e ajustes feitos para favorecer a visualização.

Capítulo 6

Conclusões

Foi proposto neste trabalho um sistema para diversos tipos de classificação de sinais de HRV baseado no uso de redes neurais e método de PCA. Para validação do modelo, foram feitos testes com sinais encontrados em um banco de dados disponível em meio eletrônico. Esses testes comprovaram a capacidade de acerto do método e sua aplicabilidade em diversos tipos de casos. É ainda possível, por meio deste sistema, fazer a análise e descoberta das influências patológicas ou conjunturais na fisiologia do SNA.

O resultado foi a capacidade de atingir taxas de acerto significativas, por meio do ajuste adequado da configuração do sistema (número de neurônios da MLP, dimensões após a PCA e valor de EQM que mantém o treinamento da MLP). Algumas conclusões fisiológicas, compatíveis com a literatura, puderam ser atingidas. Viu-se ainda que, de forma geral, o método PCA parece ter classificações mais confiáveis (maior taxa de acerto); entretanto, a redução de dimensões por redes SOM mostra-se capaz de permitir uma separação visual mais apurada, uma vez que se tenha uma quantidade significativa de dados conhecidos para treino, com boa clusterização. As classificações mostradas neste trabalho foram relevantes por se tratarem de casos que geram alterações no SNA. Entretanto, outros tipos de classificação (hipertensão, doença de Chagas, diversas disfunções do sistema nervoso, entre outros) podem ser semelhantemente estudados.

Para trabalhos futuros, propõe-se uma investigação do sistema para uma quantidade maior de dados, outros tipos de métodos classificatórios e ainda novos tipos de parâmetros extraídos. Com as devidas alterações, acredita-se que este sistema possa ser adaptado para a classificação de outros tipos de sinais biomédicos, como os sinais de EEG.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] BRUNO. *Enfermagem e traçados cardíacos*. 2009. Disponível em: [http : //fielenfermeiro.wordpress.com](http://fielenfermeiro.wordpress.com).
- [2] CARVALHO, J. L. A. de. *Ferramenta para Análise Tempo-Frequencial da Variabilidade da Frequência Cardíaca*. Dissertação (Mestrado) — Faculdade de Tecnologia, Universidade de Brasília, Brazil, 2003.
- [3] Task Force of The European Society of Cardiology and The North American Society of Pacing and Electrophysiology. Heart rate variability - standards of measurements, physiological interpretation, and clinical use. *European Heart Journal*, v. 17, p. 354–381, 1996.
- [4] SCHULTZ, D. M.; JR., J. V. C. Improving snowfall forecasting by diagnosing snow density. *Weather and Forecasting*, v. 18, p. 264–287, 2002.
- [5] KOHONEN, T. *The Self-Organizing Map (SOM)*. 2005. Disponível em: [http : //www.cis.hut.fi/projects/somtoolbox/theory/somalgorithm.shtml](http://www.cis.hut.fi/projects/somtoolbox/theory/somalgorithm.shtml).
- [6] CRNKOVIC-DODIG, L. *The Self-Organized Gene (Part 2)*. 2007. Disponível em: [http : //blog.peltarion.com/2007/06/13/the-self-organized-gene-part-2/](http://blog.peltarion.com/2007/06/13/the-self-organized-gene-part-2/).
- [7] VINTHER, M. *AEP analysis in EEG from schizophrenic patients using PCA*. Ørsted, DTU: [s.n.], 2002. Disponível em: [http : //logicnet.dk/reports/](http://logicnet.dk/reports/).
- [8] GUYTON, A. *Fisiologia Humana*. Mississipi, USA: Guanabara Koogan, 1988.
- [9] DELIS, A. L. et al. Estimation of the knee joint angle from surface electromyographic signals for active control of leg prostheses. *Physiological Measurement*, v. 30, p. 931–946, 2009.
- [10] KHAN, J.; WEI, J. S.; AL, M. R. et. Classification and diagnostic prediction of cancer using gene expression profiling and artificial neural networks. *Nature Medicine*, v. 7, n. 6, p. 673–679, 2001.
- [11] LEITE, F. S.; ROCHA, A. F. da; CARVALHO, J. L. A. Matlab software for detrended fluctuation analysis of heart rate variability. *Biosignals*, p. 225–229, 2010.
- [12] KARLSSON, M. et al. Automatic filtering of outliers in rr intervals before analysis of heart rate variability in holter recordings: a comparison with carefully edited data. *BioMedical Engineering OnLine*, v. 11, n. 2, p. 1–28, 2012.

- [13] CARVALHO, J. L. A. et al. Desenvolvimento de um sistema para análise da variabilidade da frequência cardíaca. In: *XVIII Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica*. [S.l.: s.n.], 2002. v. 5, p. 337–341.
- [14] KEENAN, D. B. Detection and correction of ectopic beats for hrv analysis applying discrete wavelet transforms. *Epilepsy & Behavior*, v. 2, n. 1, p. 54–60, 2006.
- [15] GOLDBERGER, A. L.; AMARAL, L. A. N.; AL, L. G. et. Physiobank, physiotoolkit, and physionet components of a new research resource for complex physiologic signals. *Circulation*, Dallas, USA, v. 101, p. e215–e220, 2000.
- [16] THALER, M. S. *The Only EKG Book You'll Ever Need*. Sixth. Philadelphia, USA: Lippincott Williams and Wilkins, 2010.
- [17] MANUAL Merck Saúde Para a Família. Merk. Disponível em: [http : //mmspf.msdonline.com.br/pacientes/manual_merck/sumario.html](http://mmspf.msdonline.com.br/pacientes/manual_merck/sumario.html).
- [18] BERNTSON, G. G.; LOZANO, D. L.; CHEN, Y.-J. Filter properties of root mean square successive difference (rmssd) for heart rate. *Psychophysiology*, v. 42, p. 246–252, 2005.
- [19] CARVALHO, J. L. A. de. *Sistema para Análise de Variabilidade da Frequência Cardíaca*. 80 p. Monografia (Graduação) — Faculdade de Tecnologia, Universidade de Brasília, Brasília, 2002.
- [20] AKSELROD, S. et al. Power spectrum analysis of heart rate fluctuation: A quantitative probe of beat-to-beat cardiovascular control. *Science, New Series*, v. 213, p. 220–222, 1981.
- [21] BONNEMEIER, H. The never-ending story: Unraveling the mysteries of the low-frequency component of heart rate variability. *Heart Rhythm*, v. 4, p. 1530–1531, 2007.
- [22] BIANCHI, A. M. et al. Continuous monitoring of the sympatho-vagal balance through spectral analysis. *Engineering in Medicine and Biology Magazine, IEEE*, v. 16, p. 64–73, 1997.
- [23] AKSELROD, S. et al. Hemodynamic regulation: investigation by spectral analysis. *American Journal of Physiology*, v. 249, p. H867–H875, 1985.
- [24] BOOTSMA, M. et al. Heart rate variability and sympathovagal balance: pharmacological validation. *Netherlands Heart Journal*, v. 11, p. 250–259, 2003.
- [25] GOSWAMI, D. P.; TIBAREWALA, D. N.; BHATTACHARYA, D. K. Analysis of heart rate variability signal in meditation using second-order difference plot. *Journal of Applied Physics, India*, v. 109, 2011.
- [26] MANTRI, S.; TARALE, N. S.; MAHAJAN, S. C. Dimensionality reduction technique using neural networks - a survey. *IJACSA*, v. 2, n. 4, p. 40–43, 2011.
- [27] ROSENBLATT, F. The perceptron: a probabilistic model for information storage and organization in the brain. *Psychological Review*, v. 65, p. 386–408, 1958.
- [28] SILVA, I. N. da; SPATTI, D. H.; FLAUZINO, R. A. *Redes Neurais Artificiais para engenharia e ciências aplicadas curso prático*. São Paulo, Brasil: Artliber, 2010.

- [29] GERMANO, T. *Self Organizing Maps*. 1999. Disponível em: <http://davis.wpi.edu/matt/courses/soms/>.
- [30] SMITH, L. I. *A tutorial on principal component analysis*. Cornell University, USA: [s.n.], 2002. Disponível em: http://www.sccg.sk/haladova/principal_components.pdf.
- [31] ANTON, H. *Elementary Linear Algebra*. 10. ed. USA: WileyPlus, 2010.
- [32] PENG, C. K.; MIETUS, J. E.; AL, Y. L. et. Exaggerated heart rate oscillations during two meditation techniques. *Int J Cardiol.*, Boston, USA, v. 7, n. 2, p. 101–107, 1999.
- [33] BIGGER, J. T. J.; FLEISS, J. L.; AL, R. C. S. et. Rr variability in healthy, middle-aged persons compared with patients with chronic coronary heart disease or recent acute myocardial infarction. *Circulation*, New York, USA, v. 91, n. 7, p. 1936–1943, 1995.
- [34] IYENGAR, N.; PENG, C. K.; AL, R. M. et. Age-related alterations in the fractal scaling of cardiac interbeat interval dynamics. *Am J Physiol.*, Boston, USA, v. 271, n. 4 Pt 2, p. R1078–R1084, 1996.
- [35] PENZEL, T.; MOODY, G. B.; AL, R. G. M. et. The apnea-ecg database. *Computers in Cardiology*, Boston, USA, v. 27, p. 255–258, 2000.
- [36] AL-AWEEL, I. C.; KRISHNAMURTHY, K. B.; AL, J. M. H. et. Post-ictal heart rate oscillations in partial epilepsy. *Neurology*, Boston, USA, v. 53, n. 7, p. 1590–1592, 1999.
- [37] DEMPSEY, J. A.; VEASEY, S. C.; AL, B. J. M. et. Pathophysiology of sleep apnea. *Physiol Rev*, v. 90, n. 1, p. 47–112, 2010.
- [38] BALONE, G. J. *Aspectos Psiquiátricos das Epilepsias*, in *PsiquWeb*. 2008. Disponível em: www.psiqweb.med.br.
- [39] BALLONE, G. J.; MOURA, E. C. *Biologia da Agressão*, in *PsiquWeb*. 2008. Disponível em: www.psiqweb.med.br.
- [40] BERILGEN, M. S. et al. Effects of epilepsy on autonomic nervous system and respiratory function tests. *Epilepsy & Behavior*, v. 5, p. 513–516, 2004.
- [41] MUSMAN, S. et al. Avaliação de um modelo de predição para apneia do sono em pacientes submetidos a polissonografia. *Jornal Brasileiro de Pneumologia*, v. 37, n. 1, 2011.
- [42] BIXLER, E. O.; AL, A. N. V. et. Effects of age on sleep apnea in men: I. prevalence and severity. *Am J Respir Crit Care Med*, v. 157, n. 1, p. 144–148, 1998.

ANEXOS

I. CÓDIGOS

Este anexo apresenta os principais códigos referentes à extração dos parâmetros dos sinais.

A figura I.1 mostra a definição comentada no Matlab de algumas variáveis utilizadas para a extração dos parâmetros na fase de processamento.

```
clear all; close all

s=0;
%mostra plots das funções de extração de parâmetros se for igual a 1.

pp=50;
%para a definição do pNN50

deltat=0.5;
%0,5 segundo de intervalo para reamostragem na análise AR

nn=2048;
%2048 pontos para reamostragem na análise AR

fa=0.40;
%frequência em hertz delimitando a frequência máxima da energia de HF

fn=0.15;
%frequência em hertz delimitando o limiar entre as energias de HF e de LF

fm=0.05;
%frequência em hertz mínima para energia de LF
```

Figura I.1: Trecho de código mostrando como foram definidas algumas variáveis importantes na obtenção dos parâmetros extraídos.

A figura I.2 mostra o código utilizado na fase de processamento para cada sinal. A variável *aux* indica a numeração da coluna correspondente na matriz *info_ordem* (ou seja, a numeração do sinal). A outra numeração (de 1 até 23) segue a ordem dos parâmetros definida no capítulo 4. As funções *FaixaDeValores.m*, *Coefficientes.m*, *AumDimFreq.m*, *DiferencasSucessivas.m*, *AnaliseAR.m* e *FatoresDifSuc.m*, que foram utilizadas, são mostradas com mais detalhes à frente, nas figuras I.3, I.4, I.5, I.6, I.7 e I.8.

```

info_ordem(1,aux) = FaixaDeValores(rr);
[info_ordem(2,aux), info_ordem(3,aux),info_ordem(4,aux),info_ordem(5,aux)] = Coeficientes(rr);
[info_ordem(23,aux),info_ordem(6,aux), info_ordem(7,aux)] = AumDimFreq(rr, s);
[info_ordem(8,aux), info_ordem(9,aux), info_ordem(10,aux), info_ordem(11,aux),info_ordem(12,aux),PPPP] = FatoresDifSuc(rr, s, pp);
[PSD, info_ordem(13,aux), info_ordem(14,aux), info_ordem(15,aux),E_tot]=AnaliseAR(rr,tempoRR,s,deltat,nn,fm,fn,fa);
info_ordem(16,aux)=prctile(rr,25);
info_ordem(17,aux)=prctile(rr,50);
info_ordem(18,aux)=prctile(rr,75);
info_ordem(19,aux)=PPPP(1);
info_ordem(20,aux)=PPPP(2);
E_AF_nor = info(13,aux)/E_tot;
E_BF_nor = info(14,aux)/E_tot;
info_ordem(21,aux)=E_AF_nor;
info_ordem(22,aux)=E_BF_nor;

```

Figura I.2: Código utilizado para processar cada sinal, extraíndo os parâmetros e colocando na matriz *info_ordem*.

```

function faixa_rr = FaixaDeValores(rr)
rr_max=max(rr);
rr_min=min(rr);
faixa_rr=rr_max-rr_min;
end

```

Figura I.3: Código da função *FaixaDeValores.m*.

```

function [med, desv_pad, rrvar, coef_var] = Coeficientes(rr)
%gera os seguintes parâmetros para um sinal cardíaco de entrada:
%média,
%desvio padrão,
%variância,
%coeficiente de variação (respectivamente).
med=mean(rr);
desv_pad=std(rr);
rrvar=var(rr);
coef_var=desv_pad/med;
end

```

Figura I.4: Código da função *Coeficientes.m*.


```

function [R1d, p_dim_f, p_aum_f] = AumDimFreq(rr, s)

%SAÍDAS
% p_dim_f: porcentagem de variações na qual houve uma tendência conjuntural
% à diminuição da frequência cardíaca
% p_aum_f: porcentagem de variações na qual houve uma tendência conjuntural
% ao aumento da frequência cardíaca
% R1d: coeficiente de correlação no plot das diferenças sucessivas

%ENTRADAS
%rr: sinal RR
%s: se s=1, vai plotar o graf de Poincaré dos intervalos sucessivos e o
%graf de Poincaré das diferenças dos intervalos sucessivos;
%se s é diferente de 1, não plota o gráfico.

[d]=DiferencasSucessivas(rr, s);
%função que gera vetor das diferenças sucessivas.

dx=zeros(1,length(d)-1);
dy=dx;

for i=1:(length(d)-1)
    dx(i)=d(i);
    dy(i)=d(i+1);
end

Rd=corrcoef(dx,dy);
R1d=Rd(2,1);

dim_freq=find((dx>0)&(dy>0));
aum_freq=find((dx<0)&(dy<0));

p_dim_f=length(dim_freq)/length(dx)*100;
p_aum_f=length(aum_freq)/length(dx)*100;

if (s==1) %para plotar o gráfico das diferenças sucessivas
    figure;
    plot(dx,dy,'*');
    title('Plot de Poincaré da diferença entre intervalos RR sucessivos');
    xlabel('dif RR (n) em segundos');
    ylabel('dif RR (n+1) em segundos');
    axis square
    str = sprintf('dim da freq: %0.1f',p_dim_f);
    text(40,120,str);
    str = sprintf('aum da freq: %0.1f',p_aum_f);
    text(-170,-130,str);
end

end

```

Figura I.5: Código da função *AumDimFreq.m*.

```

function [dif, x_med, y_med, R, P]=DiferencasSucessivas(rr, s)

%SAÍDAS
%dif: vetor contendo as diferenças sucessivas medidas
%x_med: x do centróide do Plot de Poincaré dos intervalos sucessivos
%y_med: y do centróide do Plot de Poincaré dos intervalos sucessivos
%R: matriz de correlação entre x e y
%P: coeficientes de regressão do plot de Poincaré (entre x e y)
%ENTRADAS
%rr: sinal RR
%s: se s=1, vai plotar o graf de Poincaré dos intervalos sucessivos

x=zeros(1,length(rr)-1);
y=x;
for i=1:(length(rr)-1)
    x(i)=rr(i);
    y(i)=rr(i+1);
end

x_med=mean(x);
y_med=mean(y);
P=polyfit(x,y,1);

if(s==1)
    figure;
    plot(x,y,'*');
    axis square
    xlabel('RR (n) em segundos');
    ylabel('RR (n+1) em segundos');
    title('Plot de Poincaré dos intervalos RR sucessivos');
    k=min(x):1:max(x);
    f=P(1)*k+P(2);
    hold on
    plot(k,f);
end
dif=y-x;
R=corrcoef(x,y);
end

```

Figura I.6: Código da função *DiferencasSucessivas.m*.

```

function [PSD, E_AF, E_BF, R_BFAF, E_tot]=AnaliseAR(rr,t,s,deltat,nn,fn,fa)

%tirando a componente de 0 Hz
rr_sem_dc = rr-mean(rr);

% mudando o número de amostras (interpolando)
tf=t(length(t));
tt=0:deltat:tf;
rr2=spline(t,rr_sem_dc,tt);

% multiplicando por uma janela de hanning
janela=hanning(length(rr2));
rr2janelado=rr2.*janela';

oo=12;
%oo é a ordem para o modelo Auto-Regressivo.

[AR,E] = arburg(rr2janelado,oo);
%AR => coeficientes auto-regressivos
%E => variância do erro de predição

%1/deltat é a freq de amostragem
[H,F] = freqz(1,AR,nn,(1/deltat));

%H => espectro de frequência
%F => eixo das frequências

PSD=E.*(deltat).*abs(H).^2;
%cálculo do espectro de potência
length(PSD);
if (s==1)
figure
plot(F,PSD);
end
integralAR=0;
for i=2:length(PSD)
integralAR=integralAR+PSD(i)*(F(i)-F(i-1));
end

deltaf=1/deltat/(nn*2);

np=round(fn/deltaf);
mp=round(fm/deltaf);
ap=round(fa/deltaf);

E_BF=sum(PSD((mp):(np-1)))*deltaf;
E_MBF=sum(PSD((1):(mp-1)))*deltaf;
E_AF=sum(PSD((np):(ap-1)))*deltaf;
R_BFAF=E_BF./E_AF;
E_tot=E_AF+E_BF+E_MBF;

end

```

Figura I.7: Código da função *AnaliseAR.m*.

```

function [R, RMSSD, pNNt, x_med, y_med,P] = FatoresDifSuc(rr, s, t)

%SAÍDAS
% RMSSD: RMS das diferenças entre intervalos RR sucessivos
% pNNt: porcentagem de diferenças sucessivas superiores a t ms dentre as
% diferenças sucessivas
%x_med: x do centróide do Plot de Poincaré dos intervalos sucessivos
%y_med: y do centróide do Plot de Poincaré dos intervalos sucessivos
%R: coeficiente de correlação entre x e y
%P: coeficientes de regressão entre x e y
%ENTRADAS
%rr: sinal de intervalos RR
%s: se s=1, vai fazer o plot de Poincaré dos intervalos sucessivos;
%se s é diferente de 1, não plota o gráfico.
%t: corresponde ao 50 do pNN50

[dif, x_med, y_med, R1, P]=DiferencasSucessivas(rr, s);
RMSSD=sqrt(mean((abs(dif)).^2));

dif_maior_t=find(abs(dif)>t); %valores de diferença que excedem 50ms
pNNt=(length(dif_maior_t))/(length(dif))*100;
R=R1(2,1);

end

```

Figura I.8: Código da função *FatoresDifSuc.m*.

II. LISTA DE PUBLICAÇÕES

LIMA, R. R. e CARVALHO, J. L. A. de. *Reconstrução Paralelizada de Dados de Ressonância Magnética de Fluxo em Processadores Multi-Núcleo*. 15 de setembro, 2011. Apresentada no 8º Congresso de Iniciação Científica do Distrito Federal.

LIMA, R. R. e CARVALHO, J. L. A. de. *Parallelized Reconstruction of spiral Fourier velocity encoding MRI data in multicore processors*. Abstract 1190, apresentado na 20th ISMRM Annual Meeting & Exhibition (2012) e publicado nos *proceedings* da Conferência.

LIMA, R. R. e CARVALHO, J. L. A. de. *Reconstrução paralelizada de dados de ressonância magnética de fluxo em processadores multi-núcleo*, 2012. Submetido para 23º Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica a ser realizada em Porto de Galinhas, Brasil, em outubro do presente ano.

LIMA, R. R., ANDRADE, S. F., BAUCHSPIESS, A. e CARVALHO, J. L. A. de. *Classificação neural som e mlp de indivíduos normais, chagásicos e hipertensos por meio de análise da variabilidade da frequência cardíaca*, 2012. Submetido para 23º Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica a ser realizada em Porto de Galinhas, Brasil, em outubro do presente ano.

LIMA, R. R., ALMEIDA, D. L. F. e CARVALHO, J. L. A. de. *Sistema neural de auxílio ao diagnóstico baseado em alterações no sistema nervoso autônomo*, 2012. Submetido para 23º Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica a ser realizada em Porto de Galinhas, Brasil, em outubro do presente ano.