

JOHN OERSTED WISBECK

(BU)

**TÉCNICAS HÍBRIDAS DE PROCESSAMENTO
DE SINAIS BIOMÉDICOS IMPLEMENTADAS
COM REDES NEURAIS ARTIFICIAIS**

**FLORIANÓPOLIS
2000**

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA

**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO
EM ENGENHARIA ELÉTRICA**

**TÉCNICAS HÍBRIDAS DE PROCESSAMENTO
DE SINAIS BIOMÉDICOS IMPLEMENTADAS
COM REDES NEURAIS ARTIFICIAIS**

Tese submetida à
Universidade Federal de Santa Catarina
como parte dos requisitos para a
obtenção do grau de Doutor em Engenharia Elétrica.

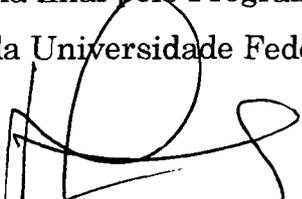
JOHN OERSTED WISBECK

Florianópolis, Dezembro de 2000

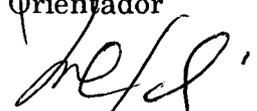
TÉCNICAS HÍBRIDAS DE PROCESSAMENTO DE SINAIS BIOMÉDICOS IMPLEMENTADAS COM REDES NEURAIS ARTIFICIAIS

John Oersted Wisbeck

'Esta Tese foi julgada adequada para a obtenção do Título de Doutor em Engenharia Elétrica, Área de Concentração em Sistemas de Informação, e aprovada em sua forma final pelo Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica da Universidade Federal de Santa Catarina'

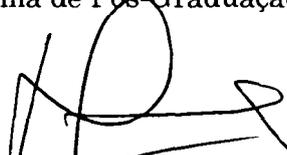


Prof. Renato Garcia Ojeda, Dr.
Orientador

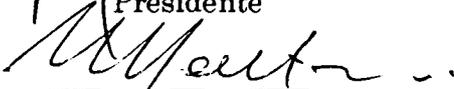


Prof. Aguinaldo Silveira e Silva, Ph.D.
Coordenador do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica

Banca Examinadora:



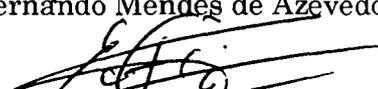
Prof. Renato Garcia Ojeda, Dr.
Presidente



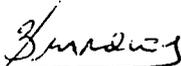
Prof. Mario Coutinho, Dr.



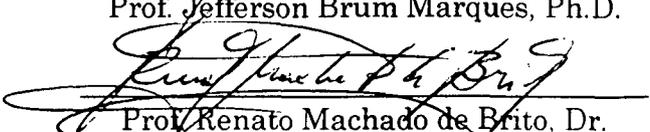
Prof. Fernando Mendes de Azevedo, D.Sc.



Prof. Eduardo Tavares Costa, Ph.D.



Prof. Jefferson Brum Marques, Ph.D.



Prof. Renato Machado de Brito, Dr.



03321299

A minha esposa Francisca,
por sua paciência e dedicação.

Aos meus pais Ulysses (em memória) e Lourdette
pela motivação, inspiração e apoio.

AGRADECIMENTOS

É com sinceridade e respeito que agradeço ao meu orientador, professor Renato Garcia Ojeda, não somente pelo trabalho de orientação mas principalmente por sua pertinácia em relação aos objetivos traçados. Com o mesmo apreço tenho que agradecer a co-orientação do professor Mário Coutinho, em especial seu empenho em viabilizar a obtenção dos dados utilizados nesta tese. Ainda neste sentido, gostaria de manifestar minha gratidão aos médicos, ao corpo de enfermagem, aos funcionários e aos pacientes do Instituto do Coração de São José.

Agradeço ainda aos membros da banca examinadora pelas valiosas contribuições a este trabalho.

Externo minha gratidão também aos professores, funcionários e colegas do Grupo de Pesquisas em Engenharia Biomédica e do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica da UFSC que direta ou indiretamente contribuíram para este trabalho. Agradeço especialmente aos professores Jefferson Brum Marques e Raimes Moraes pela importante influência exercida e aos colegas João da Silva Dias, Marco Aurélio Benedetti Rodrigues, Wayne Brod Beskow, Ciro Egoavil Monteiro e Jorge Roberto Guedes pelo companheirismo e ajuda. Também agradeço as contribuições feitas por Allan Kardec Barros, pesquisador do instituto RIKEN. Agradeço ainda aos meus irmãos Hilbert James Wisbeck e Taylor Thomson Wisbeck e ao colega Cristiano Leuckert pelo auxílio na construção dos equipamentos e na revisão do texto desta tese.

É necessário ressaltar que este trabalho não teria sido realizado sem o incentivo e amizade dos colegas do Departamento de Engenharia Elétrica da UFRGS. Em particular, aos colegas e professores José Lorenzo Medero, Renato Machado de Brito e Fernando Fontes Barbosa fica minha eterna gratidão.

Reconheço e agradeço também o suporte financeiro e material disponibilizado pela CAPES, pelo GPEB, pela UFSC e pela UFRGS.

Agradeço aos meus pais pela amizade e ensinamentos tão importantes na formação de meu caráter e pelas palavras de incentivo nos momentos difíceis.

Finalizando, é preciso dizer que este trabalho nunca teria sido concluído sem o amor, auxílio e compreensão de minha esposa, Francisca. O tempo e a dedicação impostos por uma tese afetam os que estão próximos a nós assim como a nós mesmos, e Francisca, por sua paciência, minha mais profunda gratidão.

PUBLICAÇÕES

- [1] WISBECK, J. O.; OJEDA, R. G. Aplicações de Redes Neurais no Tratamento de Interferências em Sinais de ECG. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ENGENHARIA BIOMÉDICA (15. Out. 1996 : São Carlos). *Anais.* São Carlos, 1996. p.525-526.
- [2] WISBECK, J. O.; OJEDA, R. G. Redução de Interferências em Sinais de ECG Utilizando Redes Neurais. In: SIMPÓSIO LATINOAMERICANO DE INGENIERÍA BIOMÉDICA (7. Out. 1996 : Bucaramanga, Colômbia). *Anales.* Bucaramanga, 1996. p.23-25.
- [3] WISBECK, J. O.; OJEDA, R. G. Using Neural Networks to Separate Interference from Electrocardiogram (ECG) Signals. In: WORLD CONGRESS ON MEDICAL PHYSICS AND BIOMEDICAL ENGINEERING (Sept. 1997 : Nice, France). *Proceedings.* Nice, 1997. p.526-526.
- [4] WISBECK, J. O.; OJEDA, R. G. Application of Neural Networks to Separate Interferences and ECG Signals. In: IEEE INTERNATIONAL CARACAS CONFERENCE ON DEVICES, CIRCUITS AND SYSTEMS (2. Mar. 1998 : Margarita Island, Venezuela). *Proceedings.* Caracas, 1998.
- [5] WISBECK, J. O.; BARROS, A. K.; OJEDA, R. G. Application of ICA in the Separation of Breathing Artifacts in ECG Signals. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON NEURAL INFORMATION PROCESSING (5. Oct. 1998 : Kitakyushu, Japan). *Proceedings.* Kitakyushu, 1998. p.211-214.
- [6] WISBECK, J. O.; OJEDA, R. G. Inicialização dos Pesos Sinápticos de Redes Neurais Artificiais Diretas 1-N-1. In: CONGRESO LATINOAMERICANO DE INGENIERÍA BIOMÉDICA (1. Nov. 1998 : Mazatlán, México). *Anales.* Mazatlán, 1998. p.547-551.

- [7] WISBECK, J. O.; COUTINHO, M.; OJEDA, R. G. Análise de Componentes Independentes Aplicada à Remoção de Artefatos na Detecção de Potenciais Tardios Cardíacos. In: CONGRESO ARGENTINO DE BIOINGENIERÍA (12. June 1999 : Buenos Aires, Argentina). *Anales*. Buenos Aires, 1999.
- [8] BARROS, A.K.; WISBECK, J.O.; OHNISHI, N. Extracting the Heart Rate Variability from an Electrocardiogram Sampled at a Very Low Frequency. In: COMPUTERS IN CARDIOLOGY (26. Sept. 1999 : Hannover, Germany). *Proceedings*. Piscataway: IEEE Press, 1999. p.335-338.
- [9] WISBECK, J. O.; COUTINHO, M.; OJEDA, R. G. Extended Use of Independent Component Analysis (ICA): An Application for ECG Signals. In: CONGRESO CHILENO DE INGENIERÍA ELECTRICA (13. Nov. 1999 : Santiago, Chile). *Anales*. Santiago, 1999. p.626-630.

Resumo da Tese apresentada à UFSC como parte dos requisitos necessários para a obtenção do grau de Doutor em Engenharia Elétrica.

TÉCNICAS HÍBRIDAS DE PROCESSAMENTO DE SINAIS BIOMÉDICOS IMPLEMENTADAS COM REDES NEURAIS ARTIFICIAIS

John Oersted Wisbeck

Dezembro / 2000

Orientador: Renato Garcia Ojeda, Dr.

Área de Concentração: Sistemas de Informação

Palavras Chave: Processamento de Sinais Biomédicos, Técnicas Híbridas, Redes Neurais Artificiais, Eletrocardiografia de Alta Resolução

Número de Páginas: 195

RESUMO: Este trabalho consiste no desenvolvimento e avaliação de técnicas híbridas de processamento de sinais voltadas para sinais biomédicos, dando-se ênfase à implementação na forma de redes neurais artificiais (RNAs). Em função das peculiaridades que envolvem os sinais biomédicos, usualmente, combinam-se diversas técnicas, executando-se um processamento de sinais híbrido. Neste trabalho são abordadas quatro formas básicas de hibridação que se diferenciam pelo grau de interação entre as características e propriedades das técnicas constituintes; são elas: a hibridação seqüencial, a hibridação paralela, a hibridação auxiliar e a hibridação encaστοada. Com base nessa abordagem são propostas e averiguadas a hibridação seqüencial da análise em componentes independentes com a promediação e a hibridação auxiliar e seqüencial da transformada *wavelet* com as redes neurais artificiais. Essas propostas são avaliadas no processamento de registros eletrocardiográficos de alta resolução (ECGAR). A primeira proposta visa atenuar os sinais interferentes no ECGAR. A segunda proposta objetiva extrair características espectro-temporais do ECGAR e classificar os ECGARs como provenientes de indivíduos com ou sem potenciais tardios ventriculares (PTVs). Na avaliação da primeira proposta os resultados da técnica híbrida são confrontados com os resultados decorrentes da aplicação isolada da promediação. Destaca-se a relação sinal-ruído da proposta híbrida, em média 4 dB superior a da promediação isolada. Na segunda proposta obteve-se índice de acerto de 91% na classificação, semelhante ao de outros trabalhos envolvendo RNAs com esta finalidade, ressaltando-se, todavia, a possibilidade de interpretação do processamento efetuado pela RNA.

Abstract of Thesis presented to UFSC as a partial fulfillment of the requirements for the degree of Doctor in Electrical Engineering.

HYBRID BIOMEDICAL SIGNAL PROCESSING TECHNIQUES IMPLEMENTED WITH ARTIFICIAL NEURAL NETWORKS

John Oersted Wisbeck

December / 2000

Advisor: Renato Garcia Ojeda, Dr.

Area of Concentration: Information Systems

Keywords: Biomedical Signal Processing, Hybrid Techniques, Artificial Neural Networks, High Resolution Electrocardiography

Number of Pages: 195

ABSTRACT: This thesis concerns the development and evaluation of hybrid signal processing techniques for biomedical signals with emphasis in the implementation using artificial neural networks (ANNs). Due to the characteristics of biomedical signals, several techniques are usually combined resulting in hybrid processing. Four basic forms of hybridization that differ in the degree of interaction between the characteristics and properties of the constituent techniques are examined: sequential, parallel, auxiliary and embedded hybridization. Sequential hybridization of independent component analysis (ICA) with signal averaging and auxiliary and sequential hybridization of the wavelet transform with artificial neural networks are proposed and investigated for the evaluation of high-resolution ECGs. The first technique is used to reduce interfering signals and the second one to extract the HRECG's time-spectrum characteristics and to classify them as belonging to individuals with or without ventricular late potentials (VLP). In the evaluation of the first technique the results are compared with the use of signal averaging by itself resulting in a 4 dB SNR improvement. The second technique achieved a 91% score, comparable to the results from other techniques employing ANNs, with the added advantage of allowing for the interpretation of the ANN processing.

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS	XIII
LISTA DE TABELAS	XVII
LISTA DE SÍMBOLOS	XVIII
1. INTRODUÇÃO.....	1
1.1 TÉCNICAS HÍBRIDAS	2
1.2 ÂMBITO DO TRABALHO	3
1.3 OBJETIVO GERAL	5
1.4 OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	5
1.5 ORGANIZAÇÃO DO TRABALHO.....	5
2. PROCESSAMENTO DE SINAIS BIOMÉDICOS	7
2.1 INTRODUÇÃO	7
2.2 ETAPAS DO PROCESSAMENTO.....	8
2.2.1 TRANSFORMAÇÃO DOS SINAIS	9
2.2.2 REPRESENTAÇÃO DOS SINAIS.....	11
2.2.3 CLASSIFICAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS	12
2.3 SINAIS BIOMÉDICOS	14
2.3.1 TIPOS, INFORMAÇÕES E PECULIARIDADES	15
2.3.2 CLASSIFICAÇÃO DOS SINAIS BIOMÉDICOS	16
2.4 TÉCNICAS DE PROCESSAMENTO PARA HIBRIDAÇÃO	18
2.5 REDES NEURAIS ARTIFICIAIS	19
2.5.1 INTRODUÇÃO	19
2.5.2 ESPECIFICAÇÃO.....	21
2.5.3 TOPOLOGIAS.....	21
2.5.4 REDES NEURAIS DIRETAS (<i>FEEDFORWARD</i>)	22

2.5.5 RNAs DINÂMICAS	24
2.5.6 MAPAS AUTO-ORGANIZÁVEIS	26
2.5.7 TREINAMENTO DAS RNAs	28
2.5.8 CAPACIDADE DE GENERALIZAÇÃO DAS RNAs	33
2.5.9 LIMITAÇÕES	34
2.6 A TRANSFORMADA <i>WAVELET</i>	35
2.6.1 INTRODUÇÃO	35
2.6.2 BASES DE FUNÇÕES <i>WAVELET</i>	36
2.6.3 A TRANSFORMADA <i>WAVELET</i> CONTÍNUA.....	40
2.6.4 SÉRIES <i>WAVELET</i>	42
2.6.5 A TRANSFORMADA <i>WAVELET</i> DISCRETA.....	43
2.6.6 ANÁLISE EM MULTIRRESOLUÇÃO	44
2.7 ANÁLISE EM COMPONENTES INDEPENDENTES (ACI)	45
2.7.1 INTRODUÇÃO	45
2.7.2 INDEPENDÊNCIA ESTATÍSTICA	47
2.7.3 DEFINIÇÕES DA ANÁLISE EM COMPONENTES INDEPENDENTES.....	48
2.7.4 RESTRIÇÕES	49
2.7.5 FUNÇÕES CUSTO	51
2.7.6 ALGORITMOS PARA A ACI.....	56
2.8 PROMEDIAÇÃO.....	59
3. TÉCNICAS HÍBRIDAS DE PROCESSAMENTO DE SINAIS BIOMÉDICOS.....	62
3.1 INTRODUÇÃO	62
3.2 MODELOS GERAIS PARA HÍBRIDAÇÃO.....	65
3.2.1 MODELO HÍBRIDO SEQUENCIAL.....	65
3.2.2 MODELO HÍBRIDO PARALELO.....	66
3.2.3 MODELO HÍBRIDO AUXILIAR	67
3.2.4 MODELO HÍBRIDO ENCASTOADO	68
3.3 TRABALHOS ENVOLVENDO TÉCNICAS HÍBRIDAS	69
3.3.1 PRÉ E PÓS-PROCESSAMENTO EM RNAs	69
3.3.2 REDE <i>WAVELET</i>	70
3.3.3 COMBINAÇÃO DE RNA DIRETA COM RNA DE KOHONEN (MAO).....	71
3.3.4 COMBINAÇÃO DE FILTROS RECORRENTES E RNAs.....	73

3.4 POSSÍVEIS TÉCNICAS HÍBRIDAS	73
3.4.1 HIBRIDAÇÃO SEQÜENCIAL E ENCASTOADA ENTRE TRANSFORMADAS E RNAS	74
3.4.2 HIBRIDAÇÃO PARALELA ENTRE TRANSFORMADAS	79
3.4.3 HIBRIDAÇÃO ENTRE ACI E RNAS	80
3.5 TÉCNICAS HÍBRIDAS PROPOSTAS	82
3.5.1 HIBRIDAÇÃO SEQÜENCIAL ENTRE ACI E PROMEDIAÇÃO	82
3.5.2 HIBRIDAÇÃO AUXILIAR E SEQÜENCIAL ENTRE A TRANSFORMADA <i>WAVELET</i> E RNAS	85
3.6 CONSIDERAÇÕES SOBRE A CONSTRUÇÃO DE FERRAMENTAS HÍBRIDAS	89
4. ELETROCARDIOGRAFIA DE ALTA RESOLUÇÃO.....	90
4.1 INTRODUÇÃO.....	90
4.2 GERAÇÃO E CONDUÇÃO DO ESTÍMULO CARDÍACO	93
4.3 POTENCIAIS TARDIOS	95
4.4 SISTEMA DE REGISTRO E ANÁLISE DE ECGAR.....	96
4.4.1 DERIVAÇÕES	96
4.4.2 PREPARAÇÃO PARA O REGISTRO	97
4.4.3 CARACTERÍSTICAS DO SISTEMA DE MEDIDA DO ECGAR.....	98
4.4.4 PROCESSAMENTO DOS REGISTROS DE ECGAR.....	104
4.5 DETECÇÃO DOS POTENCIAIS TARDIOS COM ECGAR	109
5. APLICAÇÃO DE TÉCNICAS HÍBRIDAS EM ECG DE ALTA RESOLUÇÃO	113
5.1 INTRODUÇÃO.....	113
5.2 ACI E PROMEDIAÇÃO	113
5.2.1 PRIMEIRO EXPERIMENTO: ECG COM INTERFERÊNCIA DE 60 HZ	118
5.2.2 SEGUNDO EXPERIMENTO: ECG E ARTEFATOS DE RESPIRAÇÃO	121
5.2.3 TERCEIRO EXPERIMENTO: DETECÇÃO DE PTVS.....	124
5.3 RNAS E A TRANSFORMADA <i>WAVELET</i>	130
5.3.1 PADRÕES DE TREINAMENTO E TESTE	132
5.3.2 TREINAMENTO.....	134
5.3.3 RESULTADOS COM A RNA DIRETA MULTICAMADAS	134
5.3.4 RESULTADOS COM A RNA <i>COUNTER-PROPAGATION</i>	137

6. CONCLUSÃO	141
6.1 CONSIDERAÇÕES GERAIS	141
6.2 CONSIDERAÇÕES ESPECÍFICAS.....	145
6.2.1 HIBRIDAÇÃO ACI – PROMEDIAÇÃO	145
6.2.2 HIBRIDAÇÃO RNA – TRANSFORMADA <i>WAVELET</i>	149
6.3 SUGESTÕES PARA TRABALHOS FUTUROS.....	151
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	153

LISTA DE FIGURAS

Figura 2.1	Diagrama geral do processo de escolha dos sinais e técnicas de processamento apropriados a uma aplicação.....	8
Figura 2.2	Operações envolvidas no processamento de sinais.....	9
Figura 2.3	a)Classes, b)Regiões de Decisão.....	14
Figura 2.4	Classificação de um sinal segundo suas características.	17
Figura 2.5	a) Exemplo de neurônio biológico, b) exemplo de neurônio artificial.....	19
Figura 2.6	Exemplo de Rede Neural Artificial e seus elementos.	20
Figura 2.7	Exemplo de uma RNA Direta Multicamadas.	23
Figura 2.8	Exemplos de funções de ativação dos neurônios.....	24
Figura 2.9	Exemplo de uma RNA direta dinâmica.....	24
Figura 2.10	Rede Neural dinâmica genérica implementada com uma rede direta multicamadas e operadores de atraso de tempo.....	25
Figura 2.11	a) Exemplo de RNA com camada de neurônios do tipo o “vencedor leva tudo”, b) Representação simplificada.	27
Figura 2.12	Exemplo de RNA <i>counter-propagation</i>	27
Figura 2.13	Situações com Erro de Generalização elevado.....	33
Figura 2.14	Representação de um sinal efetuado por <i>wavelets</i> da mesma base em escalas diferentes.	35
Figura 2.15	Exemplos de <i>wavelets</i> mães.....	40
Figura 2.16	Escalograma de um sinal calculado com a <i>wavelet</i> de Haar.	41
Figura 2.17	a)Localização das <i>wavelets</i> de uma base discreta de <i>wavelets</i> com distribuição dyadic. b)Partição do plano tempo-freqüência efetuado por uma base discreta de <i>wavelets</i> ortogonais com distribuição dyadic.	43
Figura 2.18	Banco de filtros para decomposição de um sinal em sub-bandas.....	44
Figura 2.19	Coluna à esquerda: sinais estatisticamente independentes (sinais fonte s_i) não observáveis diretamente. Coluna central: sinais x_i observáveis diretamente, cada um resultante da mistura linear e instantânea (média ponderada) dos sinais fonte s_i - não são estatisticamente independentes. Coluna à direita: sinais \hat{s}_i obtidos pela ACI a partir dos sinais x_i - a ordem e a escala dos sinais são alterados mas a forma de onda é preservada em relação aos sinais fonte (abscissas em segundos e ordenadas em mV).	46
Figura 2.20	a)Espaço das variáveis independentes $s(t)$, b)das variáveis $x(t)$ para $p=2$	55

Figura 3.1	Modelo para a hibridação seqüencial de técnicas de processamento de sinais.	66
Figura 3.2	Modelo para a hibridação paralela de técnicas de processamento de sinais.	67
Figura 3.3	Modelo para a hibridação auxiliar de técnicas de processamento de sinais.	68
Figura 3.4	Modelo para a hibridação encastoadada de técnicas de processamento de sinais.	68
Figura 3.5	Pré e Pós-processamento associado a RNAs.	69
Figura 3.6	Rede <i>Wavelet</i> proposta por Szu [160] e aperfeiçoada por Dickhaus e Heinrich [140].	70
Figura 3.7	Hibridação de RNAs com técnicas algorítmicas proposta por Xue e Reddy [147].	72
Figura 3.8	Exemplo de hibridação auxiliar entre um filtro IIR e uma RNA direta multicamadas.	73
Figura 3.9	Hibridação seqüencial entre uma transformada genérica e uma RNA.	74
Figura 3.10	RNA para o cálculo do módulo de um coeficiente da transformada de Fourier.	76
Figura 3.11	Rede Fourier - Hibridação entre a transformada de Fourier e uma RNA direta multicamadas.	77
Figura 3.12	Exemplo da hibridação paralela seqüencial entre transformadas e RNA.	79
Figura 3.13	Hibridação seqüencial entre ACI e seletor de variáveis e RNA.	81
Figura 3.14	Hibridação seqüencial entre ACI e Promediação.	84
Figura 3.15	Diagrama da proposta de hibridação auxiliar e seqüencial entre a transformada <i>wavelet</i> e RNAs.	86
Figura 3.16	Exemplo de estrutura no plano tempo escala de sinais pertencentes a duas classes de sinais distintas (C1 e C2).	87
Figura 4.1	Sistema de condução do estímulo cardíaco.	93
Figura 4.2	Variações de potencial e intervalos de tempo típicos de um ECG de superfície.	94
Figura 4.3	Potenciais Tardios presentes no segmento ST.	96
Figura 4.4	Disposição ortogonal (X^+, X^-), (Y^+, Y^-) e (Z^+, Z^-) dos eletrodos no ECGAR.	97
Figura 4.5	Diagrama em blocos de um sistema de registro de ECGAR.	98
Figura 4.6	Diagrama esquemático dos mecanismos de contribuição de interferência da rede elétrica nas medidas eletrofisiológicas.	99
Figura 4.7	Diagrama do equipamento de registro de ECGAR desenvolvido para o trabalho.	101

Figura 4.8	Fotografia do equipamento de registro de ECGAR desenvolvido para o trabalho.....	102
Figura 4.9	a) Registro de ECGAR efetuado com o IsoData, b) espectro do registro.....	103
Figura 4.10	Operações concernentes ao processo de promediação de complexos cardíacos.....	105
Figura 4.11	Processamento dos sinais de ECGAR para análise no domínio tempo (abscissas em ms, ordenadas em mV, exceto o VM dado em μ V).....	107
Figura 4.12	Telas do programa de processamento do ECGAR.....	108
Figura 4.13	a) Vetor Magnitude de um paciente normal (sem PTV), b) Vetor Magnitude de um paciente infartado, apresentando PTV.....	109
Figura 4.14	Escalogramas de complexos cardíacos: a) sem PTV, b) com PTV.....	111
Figura 5.1	Posicionamento de eletrodos para aplicação da ACI no ECGAR.....	116
Figura 5.2	Exemplo da mistura de um sinal de ECG com um sinal senoidal com frequência de 60 Hz (matriz de mistura $A=[0,29 \ 0,71;-1,34 \ 1,62]$).	118
Figura 5.3	Componentes Principais v_1 e v_2 das misturas x_1 e x_2	119
Figura 5.4	Resultados da ACI com algoritmo ExtBS aplicada à mistura de ECG com interferência de 60Hz. a) Componentes independentes estimadas durante o treinamento da matriz W . b) Componentes independentes estimadas após o treinamento com a matriz de separação resultante $W=[16,57 \ -7,27; \ 1,48 \ 0,48]$	120
Figura 5.5	Resultados da ACI com algoritmo FastICA aplicada à mistura de ECG com interferência de 60Hz (matriz de separação $W=[5,64 \ -2,48; \ -1,31 \ -0,29]$).	120
Figura 5.6	a) Sinais de ECG contaminados com interferência de 60Hz. b) Ampliação mostrando a defasagem entre os sinais interferentes nos dois registros de ECG.....	121
Figura 5.7	ACI com algoritmo FastICA aplicada a sinais de ECG fortemente contaminados com interferência da rede elétrica.....	121
Figura 5.8	Modulação e flutuação do ECG causadas por artefatos de respiração.	122
Figura 5.9	a) Registros de ECG com artefatos de respiração e movimento. b) Separação efetuada pela ACI.....	123
Figura 5.10	ACI aplicada a sinais de ECG fortemente contaminados com artefatos de respiração e movimento (as abscissas dos espectros estão em Hz).	124
Figura 5.11	Diagrama da técnica híbrida ACI-Promediação. Decomposição dos registros de ECGAR (x_1 a x_n , y_1 a y_n e z_1 a z_n) em suas componentes independentes; seleção das componentes independentes relacionadas com o sinal do miocárdio - cancelamento das componentes relativas a interferências; reconstrução dos registros de ECGAR sem as componentes interferentes; obtenção de um registro médio (\bar{x} , \bar{y} , \bar{z}) representante do ECGAR na derivação X, Y e Z; promediação dos registros médios (\bar{x} , \bar{y} , \bar{z}), obtenção do VM.....	126

Figura 5.12	Registro de ECGAR (primeiros 50 s) de um indivíduo 10 horas após o infarto.....	127
Figura 5.13	Componentes Independentes do primeiro segmento de 10 s do ECGAR.....	127
Figura 5.14	ECGAR na derivação X, estimado com auxílio da ACI.....	127
Figura 5.15	Promediação do ECGAR após o processamento com ACI.....	129
Figura 5.16	Diagrama representando a técnica híbrida envolvendo RNA e transformada <i>Wavelet</i>	130
Figura 5.17	Diagrama do pré-processamento do ECGAR para a técnica híbrida....	133
Figura 5.18	RNA direta empregada para determinar os parâmetros α , τ , f da <i>wavelet</i> de Morlet.	135
Figura 5.19	Erro médio quadrático da classificação em relação ao conjunto de padrões de treinamento (linhas cheias) e de teste (linhas tracejadas).....	135
Figura 5.20	a) Saída da RNA classificadora, b) escala, c) frequência e d) translação em função dos padrões de teste.....	136
Figura 5.21	RNA <i>counter propagation</i> empregada para determinar os parâmetros α , τ , f da <i>wavelet</i> de Morlet.....	137
Figura 5.22	Erro médio quadrático da classificação em relação ao conjunto de padrões de treinamento (linhas cheias) e de teste (linhas tracejadas).....	138
Figura 5.23	a) Saída da RNA classificadora, b) escala, c) frequência e d) translação em função dos padrões de teste.....	139

LISTA DE TABELAS

Tabela 2.1	Modelos de RNAs e suas aplicações.....	22
Tabela 2.2	Métodos de treinamento de RNAs com alteração da função custo.....	33
Tabela 5.1	Características da promediação nos registros de ECGAR originais e no processado com ACI.	128
Tabela 5.2	Características comparativas da promediação sem e com a ACI.....	129
Tabela 5.3	Principais características da hibridação RNA - Transformada <i>Wavelet</i> empregada na identificação de indivíduos com e sem PTV (fp - falsos positivos, fn - falsos negativos).	140

LISTA DE SÍMBOLOS

- ζ conjunto de padrões de treinamento de técnicas com parâmetros adaptáveis.
- \Re espaço dos números reais.
- ω frequência angular (rad/s)
- \mathfrak{F} transformada de Fourier.
- τ posição temporal de uma função *wavelet*.
- \mathfrak{S} ruído presente no sinal.
- θ vetor de parâmetros de uma função.
- $f()$ fdp - função densidade de probabilidade
- $\Psi()$ *wavelet* representada no domínio frequência.
- $\psi()$ *wavelet* representada no domínio tempo.
- $||$ módulo ou norma em L^1 .
- $|||$ norma em L^2 .
- κ_n cumulante de ordem n .
- δ_x desvio padrão da variável x .
- $\langle \rangle$ produto interno de vetores.
- α escala de uma função *wavelet*.
- A** matriz de mistura de sinais.
- ACI Análise em Componentes Independentes.
- AD conversor Analógico-Digital.
- A-V Átrio-Ventricular.
- CMMR índice de rejeição de tensão de modo comum.
- $\cos()$ cosseno

$\cosh()$ cosseno hiperbólico

$curt()$ curtose de uma variável aleatória.

D matriz diagonal.

$\det()$ determinante.

$D^{\hat{W}}$ transformada *wavelet* discreta.

$E\{\}$ operador para o cálculo do valor esperado.

ECG sinal eletrocardiográfico.

ECGAR.... Eletrocardiografia de Alta Resolução ou sinal Eletrocardiográfico de Alta Resolução.

EMG sinal eletromiográfico.

\exp ou “e” - base neperiana

f frequência em Hz.

FastICA... algoritmo para análise em componentes independentes.

H matriz Hessiana

$H()$ entropia.

I matriz identidade.

$I()$ informação mútua.

IAM..... Infarto Agudo do Miocárdio.

$J()$ função custo

$\ln()$ logaritmo neperiano.

$\log()$ logaritmo decimal.

P matriz que multiplicada por um vetor efetua a permutação de seus elementos.

PTV..... Potencial Tardio Ventricular.

QRS complexo QRS - conjunto de ondas relativas a polarização e despolarização das células do miocárdio.

QRSd duração do complexo QRS.

- RMS.....(*root mean square*) raiz quadrada do valor médio quadrático.
- RMS₄₀..... valor médio quadrático da tensão dos 40ms finais do vetor magnitude.
- RNA..... Rede Neural Artificial.
- S-A..... sinuatrial.
- sen() seno.
- SNR relação sinal-ruído (*signal to noise ratio*)
- T..... intervalo de amostragem de um sinal.
- t_{<40}..... período que a porção terminal do VM (últimos 40 ms) fica abaixo de 40 μ V por um tempo maior que 3ms.
- tanh() tangente hiperbólica.
- UTI Unidade de Tratamento Intensivo.
- VLT() função o Vencedor Leva Tudo.
- VM..... Vetor Magnitude.
- W..... matriz associada aos pesos sinápticos de estruturas tipo RNAs ou associada à transformações lineares.
- \mathcal{W} transformada *wavelet* contínua.
- w_i..... linha *i* de uma matriz **W**.
- \bar{x} valor médio da variável *x*.
- x^* complexo conjugado de *x*
- $\hat{x}(t)$ sinal *x(t)* após filtragem.
- $\bar{\mathbf{x}}$ valor médio do vetor **x**.
- \hat{x} valor estimado da variável *x*.
- $\hat{\mathbf{x}}$ valor estimado do vetor **x**.
- $\tilde{\mathbf{x}}$ valor estimado do vetor **x** com algumas linhas substituídas por linhas preenchidas com zero.
- Δ_x região no entorno da variável \bar{x} .

1. INTRODUÇÃO

Neste século, o desenvolvimento das ciências médicas foi caracterizado por uma intensa cooperação interdisciplinar, que proporcionou grandes avanços no que concerne às técnicas de diagnóstico e de tratamento de patologias. Em grande parte, tais avanços ocorreram em virtude do rápido progresso vivenciado em ciências aplicadas como química, física, engenharia, microbiologia, fisiologia e farmacologia. Pesquisas nessas áreas têm fundamentado a criação de técnicas e equipamentos, propiciando recursos, hoje vitais à medicina [1].

Alguns avanços tecnológicos marcantes na área médica datam do início do século, como por exemplo, o desenvolvimento do primeiro eletrocardiógrafo por Willem Einthoven (fisiologista alemão) em 1905 e o uso clínico de radiografias por volta de 1930 (utilizando os raios X descritos por W. K. Roentgen em 1895). Durante e após a 2ª guerra mundial tais avanços aceleraram-se, sendo a medicina favorecida com os progressos relativos ao desenvolvimento da eletrônica (novos instrumentos), dos computadores (instrumentos baseados em computadores, tomógrafo, ressonância magnética) e de novos materiais (próteses), bem como com os estudos sobre o átomo (medicina nuclear) e sobre o ultra-som (ultra-sonografia), entre outros [1].

Dentre os objetivos fundamentais da criação destas tecnologias encontra-se a busca por informações a respeito do funcionamento dos organismos vivos, tanto para fins de diagnóstico, avaliação, controle e monitoramento quanto para melhorar a compreensão sobre os intrincados mecanismos que os compõem [2]. Em parte tais informações são obtidas de sinais biomédicos – sinais que emanam dos sistemas vivos [3]. Conforme Onaral [3], por meio destes sinais é possível investigar o estado das estruturas biológicas e fisiológicas bem como suas dinâmicas. Por conseguinte, a análise e a interpretação das características e propriedades dos sinais biomédicos são significativamente valiosas tanto para médicos quanto para pesquisadores de áreas correlatas.

Segundo Cohen [4], o processo de extração de informações dos sinais biomédicos pode ser simples como estimar a frequência média dos batimentos cardíacos, sentindo a pulsação da pressão sanguínea com a ponta dos dedos. No entanto, na maioria das aplicações esse processo é bastante complexo. Normalmente, as informações pertinentes a uma investigação estão codificadas e corrompidas por ruído ou ainda por uma série de informações irrelevantes. Nesse caso, a simples

leitura e observação dos sinais geralmente não é suficiente para a obtenção das informações requeridas. Por conseguinte, na maioria das aplicações biomédicas é necessário, de alguma forma, processar os sinais a fim de revelar essas informações [5].

Devido à natureza dos sinais biomédicos, seu processamento apresenta alguns problemas peculiares. Geralmente não se possui uma clara compreensão de como os sinais são gerados e quais são as relações entre os sinais e os estados funcionais do sistema que os gera. Isso leva à indefinição sobre qual seria a técnica de processamento mais apropriada em uma determinada situação. Ademais, é comum a necessidade de se realizar as medidas de forma indireta e não invasiva. Tal fato favorece a contaminação do sinal por ruído ou por sinais advindos de outros sistemas, contribuindo para obscurecer as informações desejadas. Dessa forma, o processo de obtenção de informação pode envolver várias técnicas de processamento e ser realizado em diversas etapas.

1.1 Técnicas híbridas

Existem várias técnicas de processamento de sinais, cada qual com suas virtudes e deficiências. De acordo com Cohen [4], para efetuar a escolha da técnica apropriada a uma aplicação, é necessário se conhecer o objetivo do processamento, as condições em que as medidas são feitas e as características do sinal. Acrescenta-se ainda o conhecimento a respeito das técnicas de processamento disponíveis, especialmente suas virtudes e limitações.

Outrossim, ao observar as soluções de processamento adotadas em várias aplicações relatadas na literatura, verifica-se que em sua maioria elas empregam alguma forma de combinação de técnicas, constituindo um sistema híbrido de processamento. O uso do processamento híbrido decorre de vários fatores. Por exemplo, da incapacidade de uma única técnica efetuar a extração da informação diretamente do sinal lido ou, ainda, do deslocamento do problema em direção às deficiências da técnica. De forma geral, busca-se na hibridação combinar as virtudes de um conjunto de técnicas, obtendo uma técnica potencialmente mais apropriada à solução do problema de processamento.

Não obstante, não se pode inferir que os sistemas híbridos sejam abordagens universalmente melhores do que as abordagens individuais, ou seja, a combinação de duas técnicas nem sempre resulta em um híbrido onde as virtudes combinadas

superam as deficiências combinadas. Deve-se levar em consideração que as propriedades de uma técnica híbrida não são necessariamente a superposição das virtudes e deficiências das técnicas constituintes. Uma propriedade pode interferir em outra, resultando em novas virtudes e deficiências. A técnica híbrida pode, também, tornar-se demasiadamente complexa e inviabilizar sua implementação com os recursos disponíveis. Portanto, ao se investigar alguma forma de hibridismo, deve-se avaliar se os ganhos obtidos são expressivos em relação ao uso de uma técnica individual.

Falar em combinação de técnicas leva à definição do que é uma técnica individual. Por definição, uma técnica é uma maneira especial de se executar algo, porém, essa é uma definição bastante ampla no que se refere ao processamento de sinais. Muitas vezes, a diferença entre uma técnica e outra está apenas no modo de implementação, como, por exemplo, filtros analógicos e digitais. Isso torna difícil o estabelecimento de uma definição precisa de técnica individual de processamento de sinais.

Embora seja difícil definir precisamente o que é uma técnica individual de processamento de sinais, é possível caracterizá-la por seu objetivo e suas propriedades e, na verdade, são estes os fatores a serem considerados no processo de hibridação. Isso, posto que o objetivo da hibridação é obter uma técnica resultante potencialmente mais eficiente, em termos de características e propriedades, do que as suas componentes. Algumas técnicas normalmente abordadas como individuais são: redes neurais artificiais com treinamento supervisionado, redes neurais artificiais com treinamento não supervisionado, lógica difusa, algoritmos genéticos, técnicas de regressão, análise em componentes principais, análise em componentes independentes, filtros analógicos, filtros digitais, promediação, transformada de Fourier e transformada *wavelet*, entre outras.

Muitas outras técnicas de processamento são abordadas como técnicas individuais. Esta lista, incompleta, é meramente ilustrativa, no entretanto, apresenta algumas das técnicas de processamento concernentes a este trabalho.

1.2 Âmbito do Trabalho

Algumas das técnicas enumeradas na seção anterior são classicamente conhecidas e possuem suas propriedades bem estabelecidas. Por outro lado, técnicas como algoritmos genéticos, redes neurais artificiais (RNAs) e lógica difusa, são mais

recentes. Essas técnicas, inspiradas em conceitos relacionados à natureza humana, como evolução, sistema nervoso e incerteza, apresentam propriedades atrativas mas ainda não totalmente definidas. Apesar disso, tais propriedades as fazem aplicáveis à resolução de uma grande família de problemas complexos e mal definidos

As redes neurais artificiais, por exemplo, apresentam uma estrutura de processamento flexível, altamente paralela e distribuída, sendo capaz de efetuar um processamento dinâmico, não linear e adaptável, além de extrair informações a partir de exemplos do problema. A lógica difusa é capaz de tratar informações imprecisas e explicar suas decisões mediante um conjunto de regras. Contudo, também apresentam individualmente alguns inconvenientes. As RNAs têm dificuldade em explicar o significado do processamento que efetuam e, em um sistema baseado em lógica difusa, as regras de processamento geralmente não são adaptáveis.

Na última década tem havido um grande interesse na combinação dessas técnicas. Goonatilake e Khebbal [6] abordam especificamente este tópico, afirmando que existe uma crescente percepção da comunidade científica de que muitos problemas complexos necessitam de soluções híbridas. Soluções que, com frequência, envolvem a combinação de diferentes paradigmas destinados à manipulação de informação. Em especial tratam da combinação de algoritmos genéticos, lógica difusa, redes neurais artificiais e sistemas especialistas. Diversos autores [6-11] abordam especificamente essas combinações, denominando-as de forma variada como, por exemplo: paradigmas de inteligência artificial híbrida (IAH) [7], sistemas híbridos inteligentes [6] ou ainda sistemas híbridos de computação [11].

O interesse em tais combinações é motivado primariamente pelas virtudes e deficiências de cada uma das técnicas citadas acima que, de modo geral, podem ser ditas complementares. Isto sugere que, mediante a combinação delas, seria possível superar alguns dos inconvenientes a elas vinculados.

Por outro lado, a mesma atenção não tem sido verificada no que se refere à combinação dessas técnicas com técnicas clássicas de processamento de sinais, como as transformadas ou técnicas estatísticas. É interessante ressaltar que as técnicas clássicas possuem propriedades bem definidas além da possibilidade de se interpretar o processamento efetuado.

Desse modo, pode-se conjecturar que a combinação das técnicas inspiradas na natureza humana com técnicas clássicas de processamento resulte em técnicas híbridas que possuam as características atrativas das primeiras e as características

de processamento bem definidas das últimas. A finalidade deste trabalho é averiguar as formas e potencialidades do hibridismo de técnicas de processamento de sinais. Aborda-se, objetivamente, a hibridação de redes neurais artificiais com técnicas clássicas de processamento de sinais, buscando-se novos aspectos teóricos e novas aplicações no campo da engenharia biomédica.

1.3 Objetivo Geral

Investigar a combinação de técnicas de processamento de sinais, almejando melhorar a obtenção de informações contidas nos sinais biomédicos.

1.4 Objetivos Específicos

1) Investigar formas de hibridação de técnicas de processamento de sinais.

2) Efetuar a hibridação de RNAs e técnicas clássicas de processamento de sinais tais como a RNA direta e a RNA de Kohonen com a transformada *Wavelet* e a Análise em Componentes Independentes com a Promediação, procurando determinar as limitações e os potenciais dessa abordagem.

3) Aplicar as técnicas híbridas no processamento de sinais de eletrocardiografia de alta resolução.

1.5 Organização do Trabalho

Foram apresentados inicialmente o âmbito e os objetivos deste trabalho. Nos demais capítulos, abordam-se o embasamento teórico e os resultados das investigações conforme se segue.

No Capítulo 2 descrevem-se com maior profundidade os objetos desta pesquisa, sendo abordadas as características dos sinais biomédicos e das ferramentas de processamento focalizadas nas investigações. São apresentadas, basicamente, as características individuais das redes neurais artificiais, da transformada *wavelet*, da análise em componentes independentes e da promediação.

No Capítulo 3 trata-se do processo de hibridação das técnicas de processamento de sinais. Descrevem-se as formas genéricas de hibridação observadas na literatura e apresentam-se as estruturas e características das técnicas híbridas desenvolvidas nesta pesquisa.

No Capítulo 4 delinea-se o campo de aplicações deste trabalho. São apresentadas as características da eletrocardiografia de alta resolução (ECGAR),

dando-se ênfase à detecção de potenciais tardios ventriculares. Detalha-se o processamento dos sinais de ECGAR e abordam-se, também, as particularidades sobre a leitura desses sinais bem como sobre o equipamento desenvolvido para este fim.

No Capítulo 5 são averiguadas as potencialidades da aplicação das técnicas híbridas no processamento de sinais de ECGAR, enfocando-se as melhorias e as deficiências apresentadas por essa abordagem. São apresentados os resultados sobre o uso combinado da análise em componentes independentes e a promediação, objetivando a redução do nível de ruído nos sinais de ECGAR. Mostra-se, também, o emprego do híbrido de redes neurais artificiais com a transformada *wavelet* no processo de extração e classificação características de sinais de ECGAR.

Concluindo, no Capítulo 6 são traçadas as considerações finais sobre as investigações realizadas.

2. PROCESSAMENTO DE SINAIS BIOMÉDICOS

2.1 Introdução

Entre os mais complexos e enigmáticos sistemas com que a ciência tem estado envolvida encontram-se os organismos vivos, em especial os humanos. À medida que existe uma necessidade crescente da população por cuidados com a saúde, é essencial entender e obter informações sobre o funcionamento de tais organismos. No entanto, essas tarefas têm representado um desafio para as diversas áreas da ciência.

A obtenção de informações a respeito dos organismos vivos nem sempre é uma tarefa trivial. Cromwell *et al.* [2] discutem diversos aspectos que dificultam o processo de obtenção de tais informações. É relatado, por exemplo, que nem todas as relações entre entradas e saídas dos sistemas constituintes dos organismos vivos são determinísticas, que muitas variáveis importantes não são acessíveis diretamente, que os dispositivos de medida muitas vezes alteram as características dos sistemas e que existe um alto grau de interação entre as variáveis. Esses autores também ressaltam que, em se tratando de organismos vivos, existem aspectos adicionais significativos como desconforto, segurança, envolvimento pessoal, além de fatores éticos e legais.

Os organismos vivos são sistemas complexos, constituídos por vários sistemas físicos (sistemas elétricos, mecânicos, acústicos, térmicos, químicos, óticos, hidráulicos, pneumáticos, etc.), interagindo por diversos meios de comunicação e controle [2]. Em decorrência desse processo de comunicação e controle e mesmo em função de seu funcionamento, tais sistemas geram sinais que transportam informações sobre o estado funcional do organismo. Esses sinais são denominados de sinais biomédicos e têm sido largamente explorados nas investigações dos organismos vivos. Por outro lado, as informações contidas nos sinais biomédicos em geral estão ocultas, codificadas e/ou mascaradas por ruídos. Nesses casos, é necessário transformá-los, ou seja, processá-los de forma apropriada para que as informações sejam reveladas [5,12].

Normalmente, o especialista não possui com clareza o conhecimento de que sinais contêm as informações requeridas a uma aplicação bem como de que forma essas informações se encontram codificadas ou mascaradas. Segundo Ciaccio *et al.*

[13], tentativa e erro é uma prática comum para estabelecer quais são os sinais e técnicas de processamento mais apropriadas a um dado domínio. Esse autor relata que em parte isso decorre da dificuldade em se obter modelos teóricos para os sistemas biológicos e da pouca atenção dada à existência ou não de regras concernentes a quais técnicas são mais apropriadas a um dado objetivo de processamento. Todavia, as informações disponíveis na literatura fornecem alguma orientação inicial na escolha dos sinais e das ferramentas de processamento [14].

A escolha das técnicas, bem como a forma de aplicá-las e combiná-las, faz parte de um processo investigativo. As escolhas iniciais dependem dos conhecimentos a priori que o especialista possui sobre o tema e, à medida que a investigação evolui, os sinais, as técnicas e as formas de uso podem ser alteradas em função dos conhecimentos adquiridos. Esse processo é ilustrado na Figura 2.1. Não obstante, tradicionalmente, as técnicas são organizadas de modo que o processamento siga algumas etapas lógicas, visando facilitar a análise e a interpretação das informações.

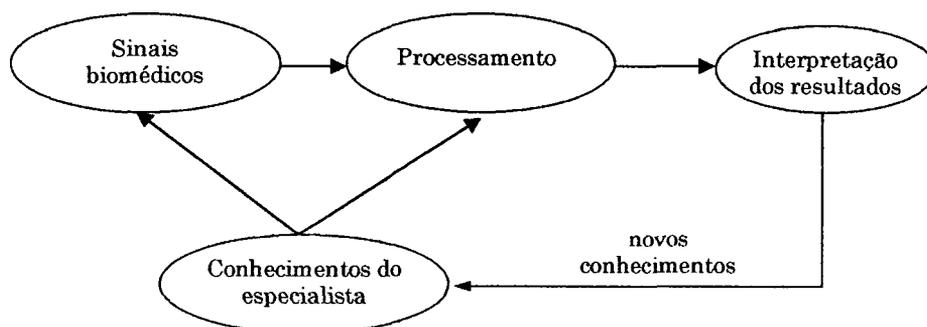


Figura 2.1 - Diagrama geral do processo de escolha dos sinais e técnicas de processamento apropriados a uma aplicação.

2.2 Etapas do Processamento

Basicamente, o processamento de sinais biomédicos objetiva enfatizar as estruturas invariantes dos sinais que estão vinculadas aos estados funcionais do organismo. Essas estruturas são descritas por características que identificam tais estados. Assim, o processamento abarca, em uma primeira etapa, a seleção e a extração de características dos sinais que são pertinentes à aplicação. Em seguida, essas características são classificadas de acordo com os estados funcionais do organismo [4,12]. A Figura 2.2 ilustra genericamente as etapas envolvidas no processamento de sinais.

Antes do efetivo processo de extração das características de um sinal

biomédico, normalmente lhes são impingidas algumas transformações iniciais a fim de prepará-los para esse processo. Alguns autores detalham essa preparação (amostragem, filtragem, normalização, etc.) e referem-se a ela como uma etapa de pré-processamento [15]. Na abordagem deste trabalho, entende-se que as técnicas empregadas no pré-processamento também visam a seleção e a extração das características requeridas à aplicação, estando incluídas nessa primeira etapa.

De forma intermediária às etapas de extração e classificação, é normal efetuar-se a redução da dimensionalidade do conjunto de características. Esse procedimento complementar geralmente se faz necessário porque muitas das características, inicialmente selecionadas, são redundantes ou apresentam baixa relevância. Essas características não contribuem para melhorar significativamente a representação das estruturas do sinal [16].

As etapas de extração e redução de dimensionalidade compreendem o processo de “representação do sinal”. Essa é uma etapa crítica, pois as informações requeridas precisam estar presentes e destacadas nesta representação. Englehart [16] e Bishop [15] enfatizam que, embora seja necessário utilizar um classificador apropriado, é a representação do sinal que afeta profundamente a performance da classificação em um dado problema.

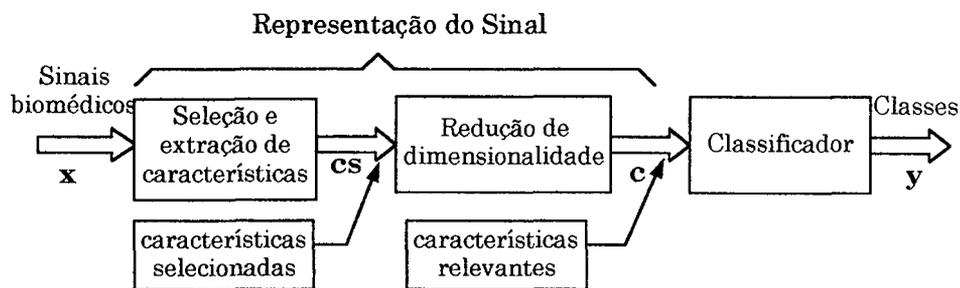


Figura 2.2 - Operações envolvidas no processamento de sinais.

A seguir são apresentadas algumas notações básicas relativas às transformações impingidas aos sinais nestas três etapas de processamento.

2.2.1 Transformação dos Sinais

Inicialmente, as amostras dos sinais são organizadas em padrões de entrada $\mathbf{x}=[x_1 \ x_2 \ x_3 \ \dots \ x_P]^T$, onde $\mathbf{x} \in X \subset \mathcal{R}^P$ e X é o espaço dos padrões de entrada com dimensão P . A organização desses padrões está intimamente ligada às técnicas pretendidas na etapa de extração de características e também às próprias características que se deseja extrair. Dos padrões de entrada são extraídas e selecionadas algumas

características $cs=[cs_1 \ cs_2 \ cs_3 \ \dots \ cs_M]^T$, onde $cs \in CS \subset \mathcal{R}^M$ e CS representa o espaço das características selecionadas, normalmente com dimensão inferior ao espaço de entradas, $M < P$. A passagem do espaço de entrada para o espaço de características selecionadas é feita pela relação estabelecida entre os dois espaços $X \times CS$ [16].

Em seguida, essas características passam pelo processo de redução de dimensionalidade. Obtém-se, deste procedimento, o vetor de características relevantes $c=[c_1 \ c_2 \ c_3 \ \dots \ c_L]^T$, onde $c \in C \subset \mathcal{R}^L$ sendo C o espaço das características relevantes e L a dimensão deste espaço ($L < M$). Esse processo estabelece a relação $CS \times C$. Por fim, tem-se a etapa de classificação, que estabelece a relação $C \times Y$ entre as características c e as possíveis saídas $y \in Y \subseteq \{y_1, y_2, y_3, \dots, y_K\}$, onde Y forma o espaço de possíveis saídas (classes) [16].

Se a cada padrão de entrada x estiver associado apenas um vetor de características c e o mesmo acontecer na etapa de classificação, as relações $X \times C$ e $C \times Y$ poderão ser representadas por funcionais $f: X \rightarrow C$ e $g: C \rightarrow Y$ [17]. Assim, a cadeia de processamento associa cada padrão de entrada a uma das K classes, y_k , podendo ser representada por uma única funcional $d: X \rightarrow Y$.

Poder-se-ia cogitar implementar a funcional d diretamente, sem etapas intermediárias. No entanto, obter tal funcional, observando apenas o espaço de entrada e o espaço de saída, seria uma tarefa quase que proibitiva. Isso devido a problemas como a presença de ruído, a alta dimensionalidade do espaço de entrada (constituído por amostras dos sinais) e a redundância desse espaço. Adicionalmente, dependendo da estrutura da funcional d , essa abordagem de implementação direta dificultaria a interpretação do processamento e, assim, o aprendizado sobre as características do estado funcional do organismo. Isso justifica a preferência pela abordagem em etapas.

Por outro lado, conforme mencionado por Cohen [4], a implementação das funcionais f e g também pode ser bastante complexa, envolvendo o emprego de diversas técnicas de processamento. O especialista deve escolher essas técnicas, baseando-se na adequação delas às tarefas requeridas. Para tanto, Cohen [4] indica que devem ser considerados, primariamente, o objetivo de processamento, as características do sinal e as condições de sua leitura. Acrescenta-se ainda, o conhecimento das propriedades de cada técnica (virtudes e deficiências).

2.2.2 Representação dos Sinais

A seleção e a extração das características de um sinal são as etapas mais difíceis e cruciais do processamento de sinais, e podem fazer toda a diferença entre o sucesso e fracasso de uma aplicação [16]. Difíceis, pois, a priori, não se tem claro quais as características a serem extraídas, e cruciais porque afetam a performance do resto da cadeia de processamento.

Primariamente, o processo de caracterização dos sinais visa diminuir a dimensionalidade do problema, rejeitar as interferências causadas por ruído, reduzir a redundância de informações bem como as informações irrelevantes e, assim, obter uma representação otimizada do sinal (ótima em relação à aplicação). No entanto, não há nenhuma estratégia geral conhecida para determinar quais as características mais apropriadas de um sinal biomédico para uma aplicação [13]. Em princípio, tal escolha depende do problema, sendo guiada pela habilidade do especialista e por conhecimentos adquiridos de investigações prévias.

Por outro lado, a falta de uma estratégia geral tem levado ao desenvolvimento, avaliação e aplicação de diversas técnicas voltadas à construção do espaço de características. Encontrar uma representação para os sinais que facilite a análise de suas características tem sido um dos pontos centrais na área de processamento de sinais [13].

Como visto na Seção 2.2.1, obter tal representação significa determinar uma transformação dos sinais, isto é, uma funcional f de modo que a transformação do espaço de entrada P -dimensional X para o espaço de características L -dimensional C , definida como:

$$\mathbf{c} = f(\mathbf{x}), \quad (\mathbf{x} \in X \text{ e } \mathbf{c} \in C) \quad (2.1)$$

tenha algumas propriedades desejadas.

Essa funcional pode ser não linear, possibilitando uma representação mais flexível dos sinais. No entanto, na maioria dos casos a representação é obtida por meio de uma transformação linear que pode ser representada pela Equação 2.2 (se os espaços de entrada e saída possuírem dimensões finitas ($P < \infty$ e $L < \infty$))

$$\mathbf{c} = \mathbf{W}\mathbf{x} \quad (2.2)$$

onde \mathbf{W} é a matriz de transformação [17]. A popularidade da transformação linear é atribuída à facilidade de interpretação de seus resultados bem como ao fato delas serem conceitualmente simples e de fácil implementação computacional.

A transformação pode ser, ainda, fixa, dependente apenas das técnicas

escolhidas pelo especialista, ou dependente do sinal de entrada e de algum objetivo do especialista. Nesse último caso, as técnicas visam determinar a funcional f ou a matriz de transformação W que tornem a transformação ótima em algum sentido específico. Entre tais técnicas cita-se por exemplo, as redes neurais artificiais, a análise em componentes principais, *projection pursuit*, a decomposição em valores singulares e a análise em componentes independentes.

Outras técnicas matemáticas popularmente empregadas para representar sinais são: técnicas de regressão, transformada de Fourier, transformada Haar, discriminante linear de Fisher, filtros, descritores de formas de onda, transformada *wavelet*, comparadores, testes estatísticos, etc. Empregando essas técnicas, várias características podem ser extraídas para construir uma representação dos sinais. Cita-se, por exemplo: parâmetros de modelos AR e ARMA, amplitudes, fases, magnitudes do espectro em frequência, resultados de projeções, latências, durações, cruzamentos por zero, a presença ou ausência de algum padrão, taxas de variação e medidas estatísticas [13].

No entretanto, é importante ressaltar que algumas características são extraídas com base puramente em heurísticas, isto é, por serem reconhecidas pelos especialistas como relevantes à aplicação [13]. Geralmente, essas características são morfológicas (amplitudes, latências, durações, etc.), sendo de interpretação mais simples do que as características obtidas por técnicas matemáticas mais elaboradas. Outrossim, esse método de extração não implica necessariamente uma transformação linear, podendo gerar um espaço de características mais rico em informações, isto é, um espaço que não seja uma simples projeção linear do espaço de padrões de entrada.

Verifica-se, também, que determinados sinais biomédicos são preferencialmente analisados em função de propriedades e características específicas. Por exemplo, nos sinais associados à eletrofisiologia cardíaca, como os eletrocardiogramas, é comum a análise de relações temporais, espaciais (registro multicanal) e de mapas de potenciais. Outros exemplos dessas preferências são citados por Ciaccio *et al.* [13], que relatam sinais, características e técnicas de processamento utilizadas no estudo da eletrofisiologia muscular, eletrofisiologia nervosa, eletrofisiologia cardíaca e fisiologia biomecânica.

2.2.3 Classificação de Características

O objetivo das técnicas de classificação é segmentar o espaço de características

em regiões correspondentes às classes de sinais associadas aos estados funcionais do organismo. O que diferencia uma técnica da outra é o critério empregado para efetuar tal partição.

Para definir qual critério, e assim a técnica mais apropriada para efetuar esta transformação, são necessárias algumas informações sobre o espaço de características (tipo de distribuição estatística, estruturas básicas, etc.). Todavia, essas informações nem sempre estão disponíveis. Nesse caso, várias técnicas são testadas em um dado experimento [13]. De modo geral, as técnicas para classificação das características dos sinais biomédicos podem ser agrupados em três categorias: as estatísticas, as sintáticas e as conexionistas (RNAs) [18].

As técnicas estatísticas baseiam-se na determinação de limites de decisão, os quais servem para separar uma classe de características da outra. Para tanto, estimam-se as funções densidade de probabilidade do conjunto de características no espaço L -dimensional, dividindo esse espaço em K regiões correspondentes a cada classe. Com base nessas estimativas, é possível determinar as probabilidades das características pertencerem a cada classe. Atribui-se a característica à classe mais provável.

As técnicas sintáticas fundamentam-se na estrutura do conjunto de características, ou seja, na descrição de uma determinada característica a partir de um conjunto de primitivas. Tanto o modo de descrição (gramática) quanto as primitivas (vocabulário) são normalmente obtidas a partir da análise estrutural de um conjunto de características cuja classificação é conhecida. Assim, cada descrição específica encerra uma região correspondente a uma classe.

No que concerne aos métodos conexionistas, pode-se dizer que normalmente eles assumem a forma de redes neurais artificiais (RNAs). Através do treinamento, as RNAs são capazes de formar os limites de separação entre classes sem assumir, em princípio, nenhuma informação sobre as propriedades estatísticas ou estruturais do conjunto de características (todavia, pesquisadores da área de estatística contestam a última afirmativa¹ e também chamam a atenção para o fato de muitas RNAs serem equivalentes a métodos estatísticos [19]). Na abordagem conexionista a característica

¹ Muitas RNAs são treinadas com bases no erro quadrático médio que envolve suposições implícitas de distribuição estatística. Estimativas com base no erro médio quadrático possuem certas propriedades ótimas em casos onde o ruído possui distribuição normal e mesma variância para todos os padrões de treinamento e é independente entre os diferentes padrões.

é empregada como estímulo para a RNA, cuja saída mais ativa indica a classe à qual a característica pertence.

Genericamente os classificadores dividem o espaço de característica $C \subset \mathcal{R}^L$ em volumes L -dimensionais, chamados de regiões de decisão, implicando basicamente uma transformação não linear. Todos os vetores de características pertencentes a uma região são atribuídos a mesma classe, como mostra a Figura 2.3a. Ressalta-se que para determinar tal divisão, em qualquer abordagem, é utilizado um conjunto com amostras de características pertencentes a cada região. Esse conjunto é denominado conjunto de treinamento e deve conter também a classe a que pertence cada característica.

De modo geral, a performance de um classificador depende da complexidade das regiões de decisão e da sua capacidade de dividir o espaço de características. A separação de algumas classes pode exigir que as regiões de decisão sejam delimitadas por superfícies bastante complexas (fronteiras de decisão). Frequentemente, as regiões de decisão conectam-se de forma simples; no entanto, podem fazer fronteiras com várias outras ou ainda consistirem de duas ou mais regiões isoladas, como ilustra a Figura 2.3b (regiões R1). Nesse último caso, a classe é formada pela união das regiões constituintes.

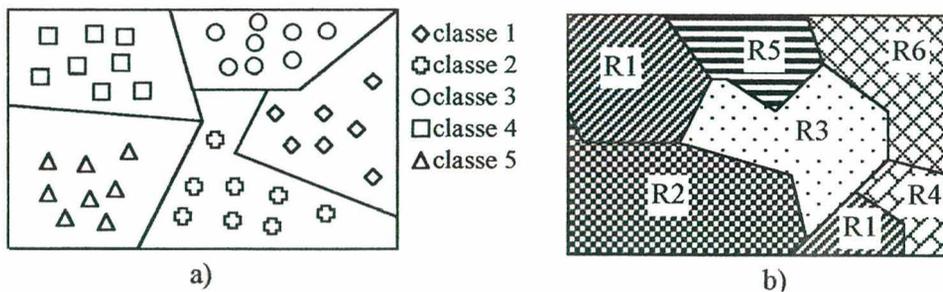


Figura 2.3 - a)Classes, b)Regiões de Decisão.

2.3 Sinais Biomédicos

Um sinal é definido como qualquer quantidade física que varia em função do tempo, espaço ou outras variáveis independentes [20]. No que se refere aos sinais biomédicos, tais variações podem revelar diversas informações sobre os estados funcionais dos organismos vivos. Nesta seção, apresentam-se alguns tipos de sinais biomédicos e algumas informações normalmente neles contidas.

2.3.1 Tipos, Informações e Peculiaridades

A designação dos sinais biomédicos está basicamente associada ao princípio físico de sua geração. Há, por exemplo, os sinais bioelétricos, biomagnéticos, biomecânicos, bioquímicos, bioópticos e de bioimpedância [5,12,14]. Nesses casos, o prefixo bio é empregado apenas para enfatizar a natureza biológica desses sinais.

Os sinais de bioimpedância são relativos à medição da impedância dos tecidos. Revelam informações como a composição, o volume e a distribuição de sangue, a atividade endócrina e a atividade do sistema nervoso [21].

Os sinais biomagnéticos são resultantes da medida de campos magnéticos muito fracos, gerados por correntes bioelétricas associadas com diversas atividades fisiológicas. Segundo Erne e Romani [22], esses sinais podem ser utilizados para localizar fontes de sinais em um espaço tridimensional, ou ainda, prover informações relacionadas a eventos intracelulares com pouca interferência da geometria e da heterogeneidade do meio. Comportam informações a respeito de órgãos, como o cérebro, coração e pulmão.

Os sinais biomecânicos estão associados aos órgãos sujeitos a movimento, deslocamento, pressão, tensão e fluxo. Normalmente, esses sinais apresentam elevada correlação temporal, tornando possível suas modelagens até mesmo para seqüências de longo período de tempo [12]. Um exemplo desse tipo de sinal é a pressão sanguínea sistólica, cujo valor máximo representa características da contractilidade do músculo cardíaco, do sangue e dos tecidos vasculares. Os sinais bioacústicos são um caso particular dos sinais biomecânicos e fornecem informações sobre os sistemas que produzem sons, tais como coração, válvulas, pulmão e trato digestivo.

Os sinais bioquímicos propiciam o acesso a várias informações sobre o estado funcional das funções fisiológicas do organismo. Podem revelar o estado químico de tecidos vivos ou amostras desses, a pressão parcial de vários gases ou ainda a concentração de eletrólitos. São exemplos desses sinais as medições de PO_2 , PCO_2 , concentração de íons, glicose e produtos metabolizados como ácido pirúvico e ácido láctico [5].

Os sinais bioópticos baseiam-se nas propriedades ópticas dos sistemas biológicos. Por exemplo, a oxigenação do sangue pode ser estimada pela medição da intensidade de luz, de comprimentos de onda diferentes, transmitida através de tecidos [5].

Os sinais bioelétricos geralmente estão associados com o sistema nervoso e

muscular. Esses sinais são decorrentes da diferença de potencial entre os lados da membrana celular que ocorre em certos tipos de células. Tais variações de potencial são resultantes de atividades eletroquímicas iniciadas com a excitação da célula por algum estímulo (mecânico, químico, óptico, etc.). Cohen [5], afirma que os sinais bioelétricos são, provavelmente, os bio-sinais mais importantes, e justifica sua conjectura dizendo que os bio-sistemas mais importantes possuem células excitáveis. Esse fato faz com que o estudo e monitoração de tais sistemas possa ser realizado por meio dos sinais bioelétricos. Além disso, esses sinais se propagam pelo meio biológico, fazendo com que possam ser mensurados na superfície do organismo. Exemplos desses sinais são os eletromiogramas, os eletrocardiogramas, os eletroencefalogramas e os potenciais evocados [12].

Além da grande variedade de sinais biomédicos, ressalta-se a existência de uma intrincada relação entre eles. Os sinais, ao se propagarem pelo organismo, interagem, sofrem transformações dinâmicas (filtragem) e não lineares e ainda são corrompidos por ruído [2]. Frequentemente, isso mascara as informações e modifica as características dos sinais, podendo torná-los de pouco valor para qualquer análise. Outrossim, o posicionamento dos sensores pode afetar drasticamente tais características, posto a não pontualidade das fontes, a heterogeneidade do meio de propagação ou a possível interferência dos sensores no sistema.

2.3.2 Classificação dos Sinais Biomédicos

Os sinais biomédicos são classificados conforme o tipo de fonte geradora, o tipo de aplicação biomédica ou, ainda, conforme as características do sinal [5]. Estando-se interessado no processamento desses sinais, aborda-se, nesta seção, a classificação dos sinais segundo suas características.

O conhecimento das diversas características e propriedades dos sinais biomédicos serve de guia na escolha das técnicas de processamento adequadas a cada situação [13]. Na Figura 2.4, apresenta-se a classificação de sinais segundo suas características, realçando-se as mais comuns aos sinais biomédicos [5].

Conforme mostra a Figura 2.4 os sinais são classificados em dois grupos principais, os sinais determinísticos e os estocásticos. Enquanto os sinais determinísticos são descritos por relações matemáticas explícitas, os estocásticos são caracterizados em termos de probabilidades e médias estatísticas. Na verdade, os sinais reais não se enquadram totalmente nem em um caso nem em outro, estando

mais para uma classe do que outra em função da característica a ser extraída. Por exemplo, um sinal de eletrocardiograma pode ser considerado determinístico quando se está interessado em características gerais do complexo QRS. Porém, ao se analisar as variações dos intervalos de tempo entre as ondas R, o eletrocardiograma apresenta características estocásticas [14].

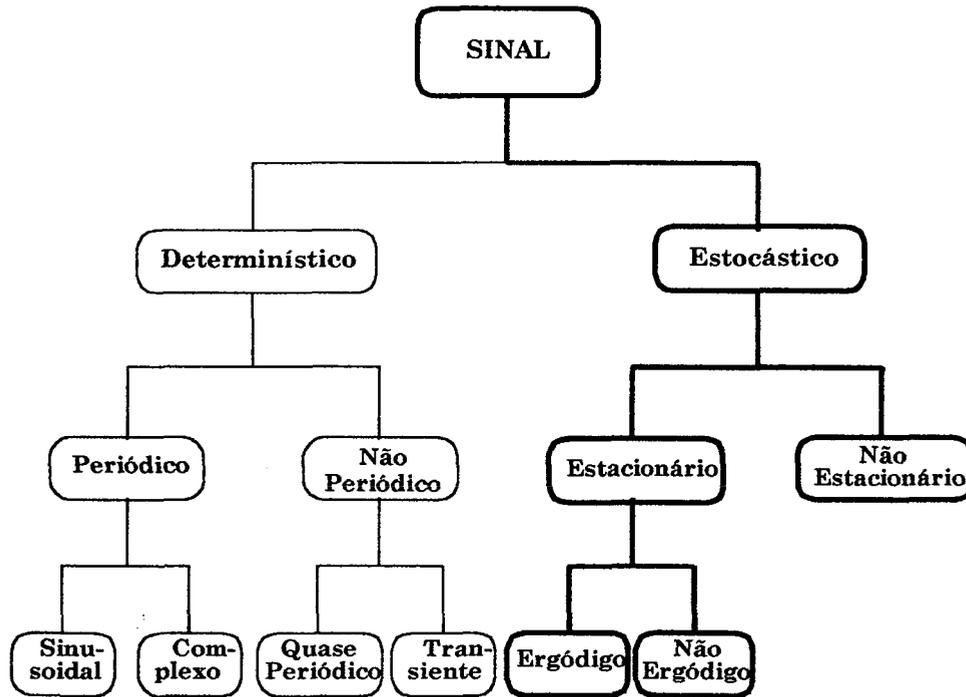


Figura 2.4 - Classificação de um sinal segundo suas características.

Os sinais estocásticos são constituídos por um conjunto de amostras de um sinal tomadas sob as mesmas condições. Sinais estocásticos estacionários são aqueles cujas medidas estatísticas (tomadas entre as amostras dos sinais) não se alteram em função de suas variáveis independentes (tempo, por exemplo). Nos sinais estocásticos estacionários ergódicos os termos estatísticos calculados entre as amostras são os mesmos que os calculados em qualquer amostra ao longo de sua variável independente. Nos sinais estocásticos estacionários não ergódicos, essa última característica não é válida.

A ergodicidade é uma característica importante, pois é comum ter-se apenas uma amostra do sinal. Assim, se o sinal é estacionário e ergódico pode-se caracterizar o sinal estocástico em função das medidas estatísticas tomadas ao longo da variável independente de uma única amostra do sinal.

Nos sinais estocásticos não estacionários, as medidas estatísticas dos sinais alteram-se em função de suas variáveis independentes, dificultando, assim, a

aplicação eficiente de técnicas de processamento de sinais. Um exemplo poderia ser o ruído no sinal de ECG avaliado em uma seqüência longa de batimentos cardíacos. Conquanto exista tal dificuldade, sinais com essa classificação fazem parte de várias aplicações biomédicas.

É importante frisar que a maioria das técnicas de processamento de sinais assume os sinais biomédicos estocásticos como estacionários e ergódigos. Caso tal assunção não possa ser feita, os sinais são particionados em segmentos curtos, onde tais suposições aproximam-se da verdade.

2.4 Técnicas de Processamento para Híbridação

Tem-se, do exposto, que o processamento de sinais biomédicos é inerentemente uma tarefa híbrida, contudo não se detecta uma teoria geral que oriente o especialista na tarefa de combinar tais técnicas. Neste trabalho, procura-se identificar modelos gerais para a híbridação de técnicas, e, com base neles, contribuir com algumas híbridações específicas.

No intuito de viabilizar este trabalho, decidiu-se restringir a aplicação da híbridação à quatro técnicas abordadas como individuais. A escolha dessas técnicas foi direcionada a aplicação específica abordada neste trabalho, ou seja, a determinação de potenciais tardios em registros eletrocardiográficos de alta resolução (ECGAR). Para tanto, levou-se em consideração as características do ECG, o objetivo do processamento e a literatura existente sobre o assunto, conforme as indicações feitas por Cohen [14] para a escolha de técnicas a serem empregadas em uma aplicação. As técnicas eleitas foram:

1. as redes neurais artificiais, devido à flexibilidade, capacidade de processamento não linear e adaptação, que as tornam aplicáveis em qualquer etapa de processamento;
2. a transformada *wavelet*, por sua flexibilidade e capacidade de caracterizar sinais não estacionários; comuns entre os sinais biomédicos;
3. a análise em componentes independentes, devido à sua habilidade em separar sinais que são estatisticamente independentes, como alguns sinais biomédicos, ruídos e sinais advindos de sistemas externos ao organismo; e
4. a promediação, em função de sua aplicabilidade para remover ruído na aplicação específica deste trabalho.

Para combinar apropriadamente essas técnicas é necessário conhecê-las, em

especial suas características de processamento, virtudes e deficiências. Nas seções subseqüentes, são revistas as técnicas listadas, embora de forma sucinta e objetiva. Não obstante, referenciam-se diversas contribuições que podem ser consultadas para um aprofundamento no assunto. Sob esse enfoque, as redes neurais artificiais são analisadas na Seção 2.5. Na Seção 2.6, trata-se da transformada *wavelet*, enquanto que na Seção 2.7 aborda-se a análise em componentes independentes. Finalizando este capítulo, na Seção 2.8 apresenta-se a promediação.

2.5 Redes Neurais Artificiais

2.5.1 Introdução

O desenvolvimento da tecnologia de Redes Neurais Artificiais (RNAs) está fundamentado no reconhecimento do poder de processamento do cérebro humano. É sabido que ele realiza tarefas complexas de modo rápido e eficiente, contudo de modo bastante diferente dos computadores atuais [23].

Para efetuar tal processamento, o cérebro humano conta com aproximadamente 100 bilhões de neurônios interligados em rede (Figura 2.5a). Cada um desses neurônios chega a se conectar a outros 200.000 ou mais, sendo típicas de 1.000 a 10.000 conexões [24]. Essas redes de neurônios são capazes de receber e transmitir estímulos, combinando-os e transformando-os de forma linear e/ou não linear. Assim, sumariamente, pode-se dizer que o cérebro é um processador altamente complexo, paralelo e não linear.

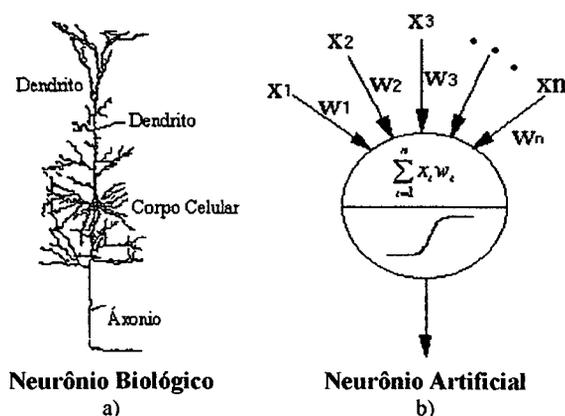


Figura 2.5 - a) Exemplo de neurônio biológico, b) exemplo de neurônio artificial.

As RNAs foram desenvolvidas com inspiração no sistema nervoso biológico. Elas consistem de um certo número de unidades de processamento simples e

altamente interconectadas, conforme ilustra a Figura 2.6 [23,25]. A cada conexão associa-se um peso, usualmente denominado de capacidade sináptica, responsável por ponderar um estímulo que chega à unidade de processamento. As unidades de processamento, chamadas de nós ou neurônios artificiais (Figura 2.5b), combinam, transformam e enviam os estímulos que chegam. Ressalta-se que a transformação normalmente ocorre de forma não linear.

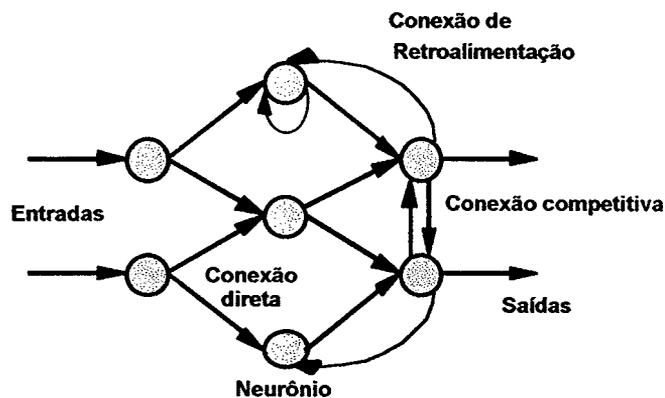


Figura 2.6 - Exemplo de Rede Neural Artificial e seus elementos.

Em geral, as RNAs assemelham-se ao cérebro biológico em dois aspectos: 1) as RNAs adquirem o conhecimento por meio de um processo de treinamento e 2) o conhecimento é armazenado nas conexões sinápticas (pesos). Todavia, conquanto esses modelos simplistas de redes e neurônios possuam inspiração biológica, na maioria são vagamente neuromorfológicos. Muitos estão mais para invenções do que para modelos das funções neurais biológicas.

Por outro lado, as RNAs apresentam várias diferenças em relação aos computadores convencionais. Barreto [7] assinala que uma das diferenças fundamentais é a ausência do conceito de instrução. Em sua tese, Azevedo [26] caracteriza uma série de outras diferenças. Não obstante, Barreto [7] prova, de modo intuitivo, que os computadores baseados em instrução (CBIs) e as RNAs são equivalentes, pelo menos em termos de computabilidade prática.

Conclui-se, portanto, que as RNAs são paradigmas computacionais que apresentam características tanto de seu inspirador (o sistema nervoso biológico), quanto dos computadores atuais. Isso está de acordo com o relato de Sarle [19] que aponta três modos principais de aplicação das RNAs: como modelo do sistema nervoso biológico, como um processador de sinais ou controlador de sistemas e como um método de análise de dados.

Na verdade, desde as primeiras proposições de Warren McCulloch e Walter

Pitts nos anos 40 [27], a teoria das RNAs amadureceu, permitindo o seu emprego com relativo sucesso em muitas aplicações e áreas da ciência. Anthony [28], Sabbatini [29] e Tzanakou [30] relatam algumas dessas aplicações especificamente na área biomédica. Destacam usos em controle de próteses, sistemas especialistas de suporte à decisão médica, processamento de imagens, reconhecimento de padrões de ECG e EEG, compressão de sinais de ECG e EEG (Holter), ultra-som, medicina nuclear, ressonância magnética, raio X e citologia. Além desses, outros resultados estão sendo obtidos a cada dia [31-33].

2.5.2 Especificação

Fundamentalmente, as RNAs implementam mapas funcionais que associam estímulos (dados de entrada) a respostas (dados de saída). Esses mapas funcionais podem ser implementados de várias formas. No caso das RNAs, é necessário especificar uma RNA que possa efetuar as operações requeridas e posteriormente proceder o seu treinamento.

Para especificar uma RNA é necessário ter-se claro o objetivo do processamento (ambiente de uso). Então, pode-se definir a topologia (existência de ciclos, quantidade de neurônios, fluxo dos sinais, etc.), os neurônios (todos iguais ou diferentes, tipo de processamento), a forma de representação das informações na rede (o que representa a saída de cada neurônio, significância das sinapses), a forma de propagação dos sinais (síncrona ou assíncrona) e a conectividade da rede [7].

A conectividade da rede estabelece os valores das conexões da rede. Os valores podem ser fixados diretamente, representando conhecimentos. Todavia, na maioria das aplicações isto é feito por meio de algoritmos que permitem adaptar os pesos sinápticos no intuito de atingir algum objetivo [7]. Essa fase de adaptação é denominada de fase de treinamento ou aprendizado, sendo campo de um grande número de pesquisas. É na fase de treinamento que fica definido o tipo de processamento que a RNA executa.

2.5.3 Topologias

A plasticidade, adaptabilidade e capacidade de processamento das RNAs têm estimulado a comunidade científica a desenvolver várias topologias de redes. Cada qual com características que as fazem mais aplicáveis a certos problemas. Algumas receberam maior atenção e são conhecidas com nomes específicos.

Barreto [7], por exemplo, cita e descreve três topologias gerais: as RNAs Diretas (*feedforward*), as RNAs com Ciclos (retroalimentadas) e as RNAs Simétricas. Resumidamente, as RNAs diretas são aquelas cujo grafo não possui ciclos, as RNAs com ciclo são aquelas cujo grafo de conectividade contém ao menos um ciclo (quando os ciclos envolvem operações dinâmicas são chamadas de RNAs recorrentes) e as RNAs simétricas apresentam conexões simétricas entre os neurônios.

Várias topologias podem ser derivadas dessas topologias gerais. Na Tabela 2.1 mostram-se brevemente alguns tipos de RNAs que empregam essas topologias. Também são relatadas tarefas e categorias de aplicações das RNAs [24]. As diferentes designações dadas às RNAs estão relacionadas a diversos fatores, entre eles: a arquitetura, tipo de neurônios, modo de funcionamento e tipo de resultado.

Tabela 2.1 - Modelos de RNAs e suas aplicações.

Aplicação	Tipos de Rede	Tarefas Executadas
Predição	RNAs diretas (<i>feedforward</i>) RNAs de ordem superior Mapas auto-organizáveis	Utilizam as entradas da rede para prever uma saída. Ex.: identificar uma pessoa com risco de câncer, prever as condições do tempo.
Classificação	<i>Learning vector quantization</i> <i>Counter-propagation</i> Redes Neurais Probabilísticas Redes de Kohonen RNAs diretas (<i>feedforward</i>)	Utilizam a entrada da rede para determinar a qual classe essa entrada pertence.
Associação de dados	Redes de Hopfield Máquina de Boltzmann Rede de Hamming Memória auto-associativa bidirecional	Associam a entrada da RNA à classe que pertence, mas também são capazes de identificar entradas errôneas.
Conceitualização de dados	Rede ressonante adaptativa Mapas auto-organizáveis	Analizam as entradas da RNA de forma que grupos de relações possam ser inferidos.
Filtragem de dados	Redes neurais dinâmicas (recorrentes ou de memória finita)	Atenuam, amplificam e criam componentes frequenciais em função dos sinais de entrada da RNA.

2.5.4 Redes Neurais Diretas (*Feedforward*)

A arquitetura das Redes Neurais Diretas (*feedforward*) é caracterizada pela

ausência de ciclos (Figura 2.7), isto é, de retroalimentação de algum dado da saída dos neurônios em direção às entradas [7]. Quando as ligações sinápticas e os neurônios são organizados em camadas, tais redes são denominadas "redes em camadas".

Na Figura 2.7, as conexões sinápticas são representadas por setas que indicam o sentido de fluxo das informações, sendo que cada conexão está associada a um peso w_{ij}^l .

A saída z_i^l de um neurônio i , na camada l , é dada pela expressão:

$$z_i^l = \xi \left(\sum_{j=1}^{J_{l-1}} w_{ij}^l z_j^{l-1} \right) \text{ ou } \mathbf{z}^l = \xi(\mathbf{W}^l \mathbf{z}^{l-1}) \tag{2.3}$$

onde :

ξ é a função de ativação do neurônio (linear ou não linear);

z_i^l é a saída do neurônio i na camada l ;

z_j^{l-1} é a saída do neurônio j na camada $l-1$;

w_{ij}^l é o peso sináptico que liga a saída do neurônio j da camada $l-1$ ao neurônio i da camada l .

Assim as RNAs diretas implementam uma transformação, em geral não-linear, dos padrões de entrada, ou seja:

$$\mathbf{y} = f(\mathbf{x}), \quad (\mathbf{x} \in X \text{ e } \mathbf{y} \in Y) \tag{2.4}$$

onde $X \subset \mathbb{R}^P$, $Y \subset \mathbb{R}^K$, sendo que a funcional f é otimizada no sentido de satisfazer algum requerimento da aplicação.

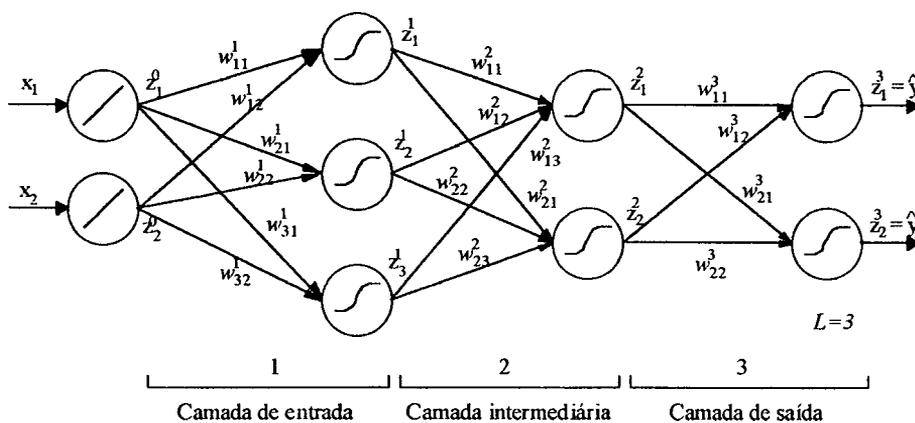


Figura 2.7 - Exemplo de uma RNA Direta Multicamadas.

O número de camadas, assim como outros tópicos relativos à estrutura da RNA, são difíceis de serem estabelecidos e extremamente dependentes da natureza da aplicação. Se a rede for relativamente pequena, a otimização não será capaz de

satisfazer as necessidades da aplicação. Contudo, se muito grande, ela poderá implementar várias soluções consistentes com os padrões utilizados na otimização da transformação, mas que não são ótimas para os padrões que não são empregados na otimização.

Em relação à função de ativação, existem várias possibilidades [25,34]. A escolha de quais serão empregadas depende do problema a ser resolvido. Na Figura 2.8, são apresentadas algumas funções de ativação comumente empregadas [15,25].

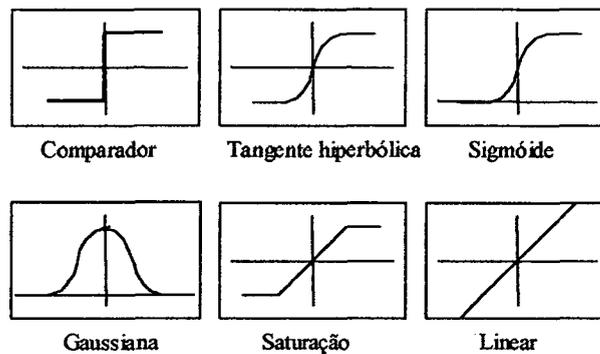


Figura 2.8 - Exemplos de funções de ativação dos neurônios.

2.5.5 RNAs Dinâmicas

A incorporação de dinâmica às RNAs se dá pela adição de elementos capazes de estabelecer a dependência das entradas ou saídas dos neurônios em relação à variável tempo. No que concerne às RNAs diretas, normalmente são introduzidas linhas de retardo nas entradas ou saídas dos neurônios, obtendo-se RNAs de memória finita [26].

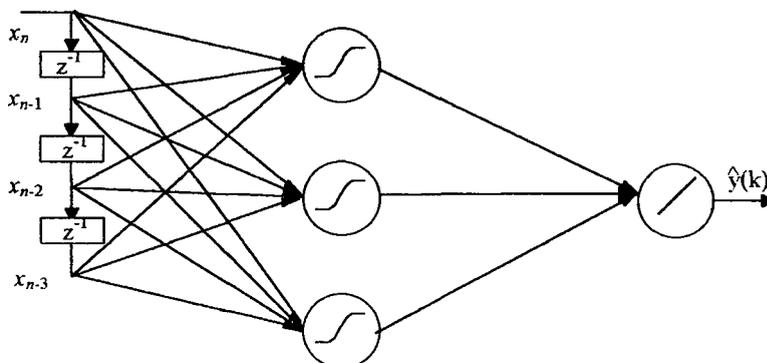


Figura 2.9 - Exemplo de uma RNA direta dinâmica

Uma arquitetura bastante empregada no caso de RNAs diretas dinâmicas é a apresentada na Figura 2.9. Nesse caso, o vetor de entradas da RNA é $\mathbf{x}(n)=[x_n, x_{n-1}, x_{n-2}, \dots]$.

$z, \dots, x_{n-M+1}]$, onde $x_n = x(t = n\Delta t)$ ($n \in \mathbb{Z}$ e $T \in \mathbb{R}$) e M é o tamanho da linha de retardo (tamanho da memória). Essa arquitetura permite a implementação de um filtro não linear de memória finita, sendo estável em termos BIBO (*bounded input bounded output*).

Por outro lado existem várias configurações de RNAs dinâmicas com retroalimentação [35]. Essas redes, bem como a apresentada na Figura 2.9, são sistemas não lineares dinâmicos, podendo, no domínio tempo discreto ($t = nT$, onde T é o período de amostragem e $n \in \mathbb{Z}$), serem descritas pela Equação 2.5:

$$\begin{aligned} \mathbf{x}(n+1) &= \mathcal{G}[\mathbf{x}(n), \mathbf{u}(n)] \\ \mathbf{y}(n) &= \gamma[\mathbf{x}(n)] \end{aligned} \tag{2.5}$$

onde $\mathbf{x}(n)$ é o vetor com as N variáveis de estado, $\mathbf{u}(n)$ é o vetor das P entradas e $\mathbf{y}(n)$ é o vetor das M saídas.

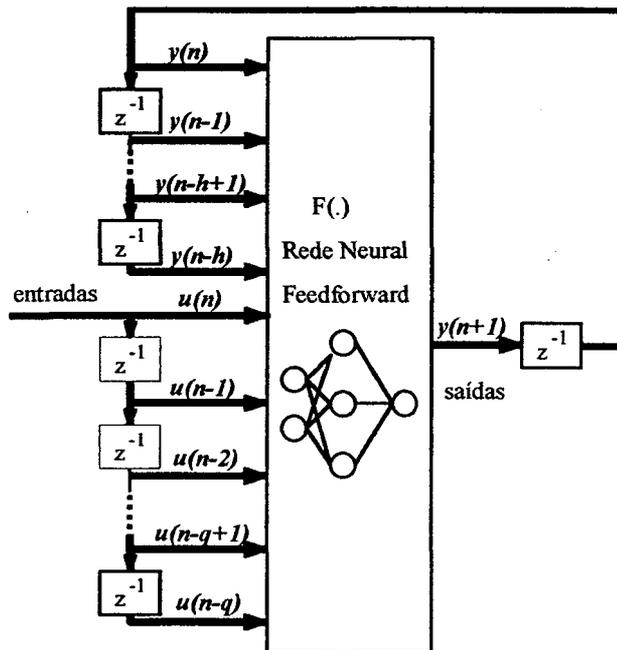


Figura 2.10 - Rede Neural dinâmica genérica implementada com uma rede direta multicamadas e operadores de atraso de tempo.

As funções \mathcal{G} e γ são mapas estáticos definidos como:

$$\begin{aligned} \mathcal{G}: \mathbb{R}^N \times \mathbb{R}^P &\longrightarrow \mathbb{R}^N \\ \gamma: \mathbb{R}^N &\longrightarrow \mathbb{R}^M \end{aligned} \tag{2.6}$$

Genericamente, as RNAs dinâmicas podem ser representadas pela estrutura dada na Figura 2.10 ou por combinações ou simplificações dessa estrutura [36]. Frisa-se que esses sistemas podem se tornar instáveis (em uso e durante o treinamento), podem apresentar ciclos limites ou ainda possuir vários pontos de atração estáveis.

Essa última característica, no entanto, é explorada nas redes de Hopfield, onde são estabelecidas condições de conectividade que garantem a estabilidade (conexões simétricas) em diversos pontos do mapa de estados. No entanto, não existem regras gerais que garantam a estabilidade desses sistemas para qualquer estrutura.

2.5.6 Mapas Auto-Organizáveis

Os mapas auto-organizáveis correspondem ao processo de implementação da funcional $f: X \rightarrow Y$ ($X \in \mathcal{R}^P$ e $Y \in \mathcal{R}^K$) apenas com base nas informações concernentes ao espaço X . Essa implementação é útil em diversos problemas de processamento, tais como no agrupamento de padrões, na discretização de espaços contínuos, na redução de dimensionalidade ($K < P$) e na extração de características [37].

Existem várias topologias de RNAs destinadas à implementação de mapas auto-organizáveis. Uma das topologias básicas para essa finalidade trata-se de um caso particular de RNA dinâmica. Essa topologia conta com uma camada de neurônios de entrada com função de ativação linear e uma camada de neurônios do tipo “o vencedor leva tudo” (VLT). Essa última é caracterizada por neurônios cujas saídas, por meio de conexões inibitórias, são ligadas as entradas dos outros neurônios da camada e, por meio de conexões excitatórias, retroalimentam suas próprias entradas, conforme indica a Equação 2.7 [37].

$$w_{i' i} = \begin{cases} 1 & \text{se } i = i' \\ -\varepsilon & \text{caso contrário} \end{cases} \quad (2.7)$$

onde $0 < \varepsilon < 1$.

Nessa condição de retroalimentação, após ser excitada, a rede converge para uma situação em que apenas um neurônio (aquele com a maior excitação inicial) permanece com a saída ativa. A topologia dessa RNA é apresentada na Figura 2.11. Neste trabalho, adota-se uma representação simplificada dessa topologia, não apresentando as conexões relativas a retroalimentação. Isso é feito devido a essas conexões não afetarem diretamente o processamento efetuado pela RNA. Na verdade, a saída da RNA é estabelecida no momento em que é determinado qual neurônio possui a maior excitação inicial ($y = \max(\mathbf{W}\mathbf{x})$), onde a função \max atribui valor 1 para o maior elemento de $\mathbf{W}\mathbf{x}$ e 0 para os demais. Nesse caso, para que seja coerente a comparação entre os níveis de ativação de cada neurônio, os vetores \mathbf{w}_i (correspondentes as linhas da matriz \mathbf{W}) e os padrões \mathbf{x} precisam ser normalizados. Equivalentemente, pode-se empregar uma medida de distância entre o padrão \mathbf{x} e

cada um dos vetores w_i , sendo vencedor o neurônio associado ao vetor w_i que estiver mais próximo do padrão x [37].

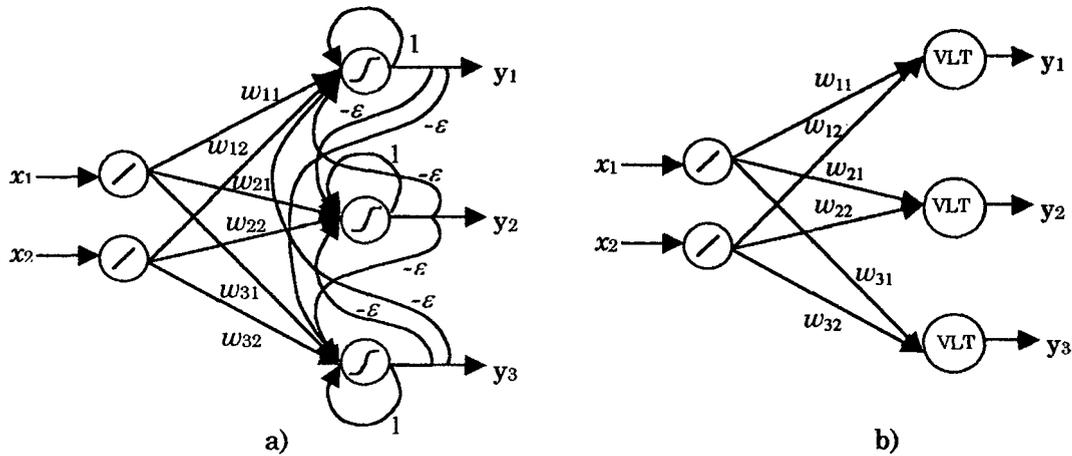


Figura 2.11 - a) Exemplo de RNA com camada de neurônios do tipo o “vencedor leva tudo”, b) Representação simplificada.

Entre as aplicações mais comuns das RNAs do tipo mapa auto-organizável destaca-se a implementação do mapa auto-organizável de Kohonen (RNA de Kohonen). A funcional associada aos mapas auto-organizáveis de Kohonen possui a propriedade de preservar, no espaço de saída Y , a topologia de distribuição dos padrões no espaço de entrada X . Na próxima seção, apresenta-se o algoritmo de treinamento para a implementação dessa RNA [37,38].

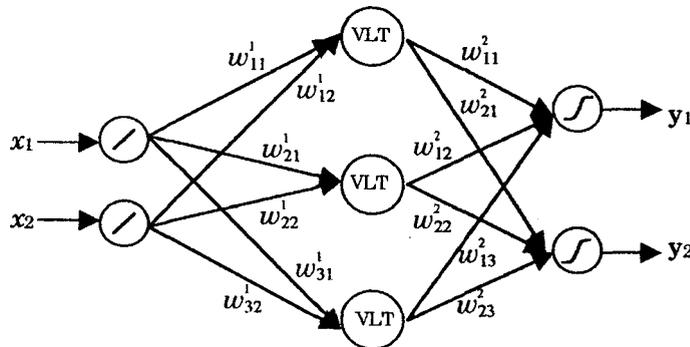


Figura 2.12 - Exemplo de RNA counter-propagation.

Uma RNA que pode ser considerada uma extensão dos mapas auto-organizáveis é a denominada *counter-propagation*. A topologia dessa RNA consiste de uma camada de entrada, uma camada intermediária com neurônios do tipo VLT seguida de uma camada de saída do tipo direta (idêntica a das RNA diretas multicamadas), conforme mostra a Figura 2.12. A vantagem dessa RNA é que, por meio do ajuste dos pesos sinápticos relativos à última camada, pode-se configurar as

saídas da RNA para uma representação condizente com as necessidades da aplicação² [37].

2.5.7 Treinamento das RNAs

O treinamento da RNA é definido como sendo qualquer mudança na “memória” ou nos pesos sinápticos da RNA, sendo que todos os métodos de treinamento pertencem a duas categorias: a dos métodos de treinamento supervisionado ou a dos métodos de treinamento não supervisionado [25,34]. No primeiro caso, é fornecido um conjunto de treinamento ζ , composto por entradas e saídas desejadas à rede. Esse conjunto é organizado em p (p finito) pares (\mathbf{x}, \mathbf{y}) , onde \mathbf{x} é o vetor de entrada e \mathbf{y} é o vetor de saída.

$$\zeta = \{(\mathbf{x}_1, \mathbf{y}_1), \dots, (\mathbf{x}_p, \mathbf{y}_p)\} \quad (2.8)$$

Quando a RNA é excitada pelos padrões de entrada \mathbf{x} , o algoritmo de treinamento ajusta os pesos \mathbf{w} para que as saídas $\hat{\mathbf{y}}$ da RNA aproximem-se dos padrões de saída desejados \mathbf{y} .

No treinamento não supervisionado, o conjunto de treinamento é composto apenas de padrões de entrada. Nesse caso, a RNA extrai estruturas estatísticas regulares contidas nos padrões de entrada e representa-as como valores dos pesos sinápticos. Para tanto, o algoritmo de treinamento ajusta os parâmetros da RNA de modo que algum objetivo específico seja alcançado (por exemplo, o agrupamento dos dados em classes ou a minimização da correlação entre os elementos dos vetores de entrada).

Normalmente, em ambos os tipos de treinamento está envolvida a otimização - minimização ou maximização - de uma função custo. No caso das RNAs, a otimização da função custo não é uma tarefa trivial, em particular frente ao seu caráter multidimensional e não linear [39]. Tais características advêm da própria função custo, da não linearidade das funções de ativação dos neurônios e da grande quantidade de pesos sinápticos existentes na RNA.

No treinamento supervisionado de RNAs diretas, normalmente se utiliza como função custo o erro médio quadrático, dado pela Equação 2.9, embora existam várias outras escolhas possíveis que possam ser consideradas em função da aplicação [15].

² As saídas de uma camada com neurônios do tipo o “vencedor leva tudo” possuem uma representação fixa, ou seja, apenas um neurônio é ativado por vez.

$$J(\mathbf{w}) = \frac{1}{PI} \sum_{p=1}^P \sum_{i=1}^I [y_i(\mathbf{x}_p) - \hat{y}_i(\mathbf{x}_p, \mathbf{w})]^2 \quad (2.9)$$

onde:

P é o número de padrões do conjunto de treinamento (pares (\mathbf{x}, \mathbf{y}));

I é a dimensão do vetor de saída \mathbf{y} ;

y_i é o valor desejado para o neurônio de saída i quando a rede é excitada com o vetor de entrada \mathbf{x}_p ;

\hat{y}_i é o valor do neurônio de saída i quando a rede é excitada com o vetor de entrada \mathbf{x}_p ;

\mathbf{w} é o conjunto de pesos sinápticos da RNA.

No caso do treinamento não supervisionado das RNAs com neurônios do tipo VLT, o ajuste é realizado apenas nos pesos sinápticos que conectam as entradas ao neurônio vencedor. A função custo empregada é o erro médio quadrático entre os pesos sinápticos w_{ij} (sendo i o índice do neurônio vencedor) e as componentes x_j do padrão de entrada, conforme Equação 2.10. Nesse caso, os pesos sinápticos \mathbf{w} , conectados a cada neurônio VLT, são interpretados como o centro dos grupos formados pelo mapeamento.

$$J_p(\mathbf{w}_j) = \frac{1}{I} \sum_{i=1}^I (w_{ji} - x_{i_p})^2 \quad (2.10)$$

Nas RNAs do tipo *counter-propagation*, por empregarem duas camadas com neurônios de tipos diferentes, são empregadas duas funções custo. A primeira associada à camada responsável pelo mapa auto-organizável, dada pela Equação 2.10, e a segunda associada à camada de saída (com conexões diretas), dada pela Equação 2.9.

O objetivo do treinamento é encontrar os pesos sinápticos que minimizem a função custo. No entanto, a superfície descrita por tal função pode ser bastante complexa, com muitos mínimos locais e pontos de sela [15]. Existem duas correntes de algoritmos para minimizar funções custo: aquela em que os algoritmos buscam encontrar um mínimo local³ e aquela em que os algoritmos tentam encontrar o mínimo global.

É importante ressaltar que esses algoritmos não garantem a melhor solução

³ O mínimo da função custo para o qual os pesos sinápticos convergirão depende dos valores de inicialização dos pesos sinápticos.

para um dado problema. Mesmo se o algoritmo de treinamento encontrar o mínimo global da função custo, esse mínimo representa uma solução ótima segundo aquela função custo e não necessariamente a melhor solução.

Os algoritmos que objetivam alcançar um dos mínimos da função custo, em geral, baseiam-se na inclinação da superfície descrita pela função custo. Uma das técnicas de minimização mais utilizadas é a do gradiente descendente [40], também conhecida como algoritmo *back-propagation* [41,42] no caso das RNAs. Nesse algoritmo, os pesos sinápticos são ajustados na direção oposta do gradiente da função custo. Logo:

$$\mathbf{w}(k) = \mathbf{w}(k-1) - \eta \cdot \frac{\partial J}{\partial \mathbf{w}} \quad (2.11)$$

onde:

\mathbf{w} é o vetor contendo todos os pesos sinápticos;

η é o coeficiente de aprendizagem;

$\partial J / \partial \mathbf{w}$ denota o gradiente da função custo.

O treinamento envolve a apresentação de todos os padrões à RNA. Porém, o ajuste dos pesos sinápticos pode ser realizado após a apresentação de todos os padrões, de grupos de padrões (modo de batelada) ou, ainda, após a apresentação de cada padrão. Os últimos serão chamados de treinamento estocástico, se os padrões forem apresentados de forma aleatória à RNA. O treinamento estocástico tem como principal objetivo possibilitar o treinamento da RNA em tempo real, no entretanto também possibilita o escape de pontos de sela e de alguns mínimos locais.

Devido a uma série de limitações, o algoritmo *back-propagation* é caracterizado por apresentar uma velocidade de convergência muito baixa [30,43]. Um dos problemas é a dificuldade de ajustar os pesos \mathbf{w} nas regiões planas (platôs) da superfície da função custo. Outro problema é a escolha do parâmetro η . Se η for muito pequeno, o processo de convergência será muito lento. Se η for muito grande, poder-se-á saltar sobre um mínimo ou, ainda, o procedimento poderá ficar instável [15]. Tentando minimizar os problemas de convergência presentes nesta técnica, vários autores têm sugerido alternativas, normalmente baseadas na inclusão das informações obtidas da derivada segunda. Uma das mais conhecidas é a técnica de Gauss-Newton. Neste caso, o ajuste dos pesos sinápticos é dado por:

$$\mathbf{w}(k) = \mathbf{w}(k-1) - \eta \mathbf{H}^{-1} \cdot \frac{\partial J}{\partial \mathbf{w}} \quad (2.12)$$

onde \mathbf{H} é a matriz Hessiana, dada por:

$$\mathbf{H} = \frac{\partial^2 J}{\partial \mathbf{w}^2} \quad (2.13)$$

Devido ao processamento necessário para obter \mathbf{H}^{-1} , é comum aproximar-se \mathbf{H} apenas pelos elementos da diagonal principal. Com tal aproximação, o método passa a ser chamado de pseudo método de Newton. Comparando a Equação 2.11 com a Equação 2.12, nota-se que no método de Gauss-Newton o coeficiente de aprendizagem η é escalonado pela matriz Hessiana. Nos plátos, onde \mathbf{H}^{-1} apresenta valores elevados, esse algoritmo executa passos maiores. Porém próximo a um mínimo têm-se pequenos valores para \mathbf{H}^{-1} , o que resulta em uma aproximação suave (com passos pequenos).

No caso do treinamento dos mapas auto-organizáveis de Kohonen (redes de Kohonen) os pesos sinápticos devem ser ajustados de modo a preservar a topologia da distribuição dos padrões no espaço de entrada X . Isso significa que os padrões de treinamento que estejam próximos uns dos outros no espaço de entrada X (onde a proximidade é estabelecida pela medida de distância empregada para determinar o neurônio vencedor) devem ativar saídas também próximas umas as outras no espaço Y (as mesmas unidades vizinhas). Para tanto, o algoritmo de treinamento para essa RNA inclui, em adição ao ajuste dos pesos sinápticos do neurônio vencedor, o ajuste dos pesos sinápticos associados aos neurônios vizinhos a ele. Assim, o ajuste dos pesos sinápticos é efetuado de acordo com [37,38]:

$$\mathbf{w}_i(k) = \mathbf{w}_i(k-1) - \eta h(i,j) \cdot \frac{\partial J}{\partial \mathbf{w}} \quad (2.14)$$

onde $h(i,j)$ é uma função decrescente da distância entre o índice j do neurônio vencedor e o índice i dos neurônios vizinhos a ele. Um exemplo para a função h é a função gaussiana ($h(i,j) = \exp(-(i-j)^2)$ no caso unidimensional).

Para treinar uma RNA do tipo *counter-propagation* são empregados dois algoritmos distintos, operando de forma independente. O primeiro é responsável por ajustar os pesos sinápticos da camada de entrada, relativa ao mapa auto-organizável (determina o neurônio vencedor e minimiza a Equação 2.10), e o segundo é responsável por ajustar os pesos sinápticos da camada de saída (minimiza a Equação 2.9, como por exemplo o algoritmo *back-propagation*).

A família de algoritmos baseados na retropropagação do erro (*back-propagation*) cresce dia a dia [15,40]. Alguns algoritmos encontrados na literatura são: *Delta Rule* [44,45], *Momentum* [46], *Quickprop* [47-49], *Newton*, *Quasi and Pseudo-Newton Methods* [50], *Gain Variation* [46,51,52], *Conjugate Gradient Techniques* [44,49,50], *Scaled Conjugate Gradient Method* [53], *Back-Propagation* [50,54],

Reinforcement Back-Propagation [55], *Learning Rate Adaptation* [46,48,52], *Angle-Driven by Sign Change* [48], *Super SAB* [49], *Delta-Bar-Delta* [24,49,50], *Extended Delta-Bar-Delta* [24], *Resilient Backprop (Rprop)* [49].

Na maioria dos casos, os algoritmos de treinamento das RNAs são acompanhados por uma série de parâmetros que devem ser inicializados. Normalmente, essa inicialização é baseada em heurísticas. Algumas dessas heurísticas são aplicadas na inicialização dos pesos sinápticos (geometria da distribuição dos pesos), no ajuste dos coeficientes de aprendizagem, na definição do momento de ajuste dos pesos, na seleção do conjunto de treinamento, na definição do momento de parar ou reiniciar o treinamento, na introdução de ruído e na forma de particionar o problema [40,56]. Fundamentalmente, a utilização dessas heurísticas visa melhorar a convergência para algum mínimo da função custo.

Há também a preocupação em desenvolver algoritmos que converjam para o mínimo global da função custo. As técnicas direcionadas a encontrar o mínimo global da função custo são caracterizadas por não utilizarem apenas informações locais sobre a superfície da função custo. Essas técnicas tentam obter uma "visão global" da superfície ou pelo menos da região da superfície na qual se procura o menor mínimo.

Alguns dos métodos existentes para determinar o mínimo global são: métodos de cobertura, métodos descendentes genéricos, métodos de agrupamento, métodos de procura aleatória, métodos baseados em modelos estocásticos ou, ainda, combinações desses [57,58]. Várias técnicas podem ser derivadas desses métodos. Entre as mais conhecidas, pode-se citar: algoritmos genéticos [59-62], *simulated annealing* [46] e máquinas de Boltzman [46,63]. No entretanto, nenhum desses algoritmos garante a convergência para o mínimo global em um tempo finito.

Os algoritmos citados visam otimizar os pesos sinápticos de uma RNA de estrutura fixa. Portanto, otimizam os recursos disponíveis. Por outro lado, alguns autores propõem algoritmos onde a arquitetura da RNA é alterada durante o treinamento. Essas estratégias visam geralmente obter uma forma de escapar de um mínimo local, simplificar a estrutura da RNA ou melhorar a capacidade de generalização.

A alteração da função custo é obtida mediante a adição ou remoção de neurônios e/ou conexões ou, ainda, mediante a alteração do conjunto de dados de treinamento. Na Tabela 2.2 constam alguns métodos que empregam essas estratégias.

Tabela 2.2 - Métodos de treinamento de RNAs com alteração da função custo.

Aumento da RNA	Redução da RNA	Alteração de dados
<i>Cascade Correlation</i> [47]	<i>Optimum Brain Damage</i> [64]	<i>Descending Epsilon</i> [65]
<i>Incremental Learning</i> [66]	<i>Pruning Weight Decay</i> [67]	<i>Active Selection of training data</i> [68,69]
<i>Orthogonal Incremental Learning</i> [70]	<i>Optimum Brain Surgeon</i> [64]	

2.5.8 Capacidade de Generalização das RNAs

Ao se treinar uma RNA, deseja-se que as respostas aos estímulos não utilizados no treinamento sejam corretas, ou aproximem-se das respostas corretas. Essa característica de interpolação é denominada capacidade de generalização da RNA, e o erro a tais estímulos chama-se erro de generalização.

Em princípio as RNAs com maior quantidade de neurônios podem aproximar melhor os dados de treinamento. No entanto, quando existem neurônios em excesso, ou os pesos sinápticos são mal inicializados, pode ocorrer o fenômeno denominado sobre-treinamento [67,71-73]. Isso ocorre quando a RNA especializa-se nos dados de treinamento [74]. Outra situação que eleva o erro de generalização é uma escolha errada dos padrões de treinamento. Nesse caso, os padrões de treinamento não representam bem o sistema que os gerou. Essas situações são mostradas no exemplo de aproximação de função dado na Figura 2.13.

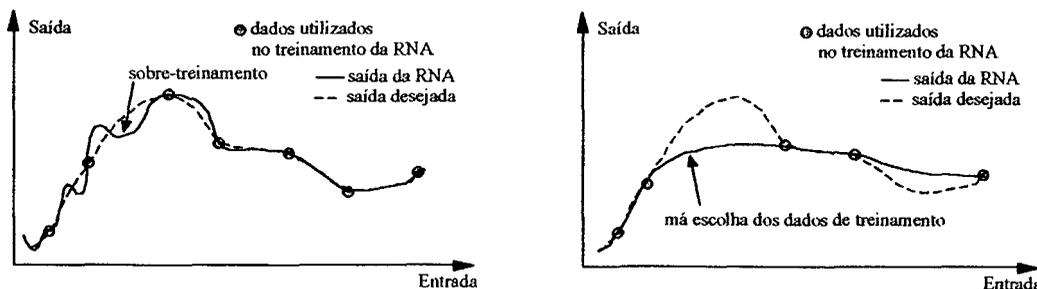


Figura 2.13 - Situações com Erro de Generalização elevado.

Normalmente, a capacidade de generalização é empregada como critério de parada para o treinamento da RNA. Para monitorar a capacidade de generalização da RNA, reserva-se uma parte do conjunto de padrões (padrões de teste) para um processo de validação cruzada, obtendo-se um conjunto de padrões de treinamento e outro de teste.

O treinamento otimiza a função custo em relação ao conjunto de treinamento e,

até um certo ponto, isso implica também a otimização em relação ao conjunto de teste. A partir desse ponto, as saídas da RNA convergem em direção aos padrões de treinamento e divergem dos padrões de teste. Assim, o treinamento é encerrado, pois ter-se-ia, a partir desse momento, a especialização da RNA nos padrões de treinamento [67].

Ressalta-se que a convergência para um mínimo local ou mesmo para o mínimo global da função custo não garante um baixo erro de generalização. Isso porque tais mínimos estão relacionados unicamente com os dados de treinamento.

2.5.9 Limitações

Apesar dos grandes esforços no desenvolvimento das teorias sobre RNAs, elas ainda apresentam várias deficiências. Por exemplo, persistem como incógnitas: a determinação da estrutura da rede mais apropriada à solução de um problema, a seleção do melhor conjunto de dados de treinamento, a interpretação do processamento realizado pela RNA após o treinamento e a elaboração de um algoritmo que garanta o melhor aprendizado em tempo finito ou que garanta a melhor capacidade de generalização. Portanto, as RNAs devem ser reservadas aos casos onde realmente as técnicas convencionais de processamento de sinais não apresentam soluções satisfatórias.

A implementação das RNAs também possui algumas limitações. Atualmente, as RNAs são simuladas através de programas de computador (*software*) ou construídas com dispositivos eletrônicos analógicos [75-79] ou digitais [75,80], dispositivos óticos [81,82], ou, ainda, híbridos desses (*hardware*) [83]. Cada forma de implementação possui suas vantagens e desvantagens.

Nos computadores seqüenciais, a RNA é muito plástica, mas é ineficiente em termos de velocidade devido ao processamento seqüencial. Nas implementações com circuitos eletrônicos dedicados, ganha-se velocidade de processamento, mas a tecnologia atual não permite que RNAs de grande porte sejam construídas de forma precisa e compacta. Nas RNAs implementadas com dispositivos óticos, é possível atingir-se um grande número de conexões sinápticas. Contudo, existem problemas de miniaturização em muitas das outras unidades necessárias a esse tipo de implementação [83,84].

2.6 A Transformada *Wavelet*

2.6.1 Introdução

As *wavelets* são funções utilizadas para representar outras funções [85]. A transformada *wavelet* é a ferramenta utilizada para obter tais representações. Essa idéia não é recente, existe desde o início do século XIX, quando Joseph Fourier descobriu a possibilidade de representar funções pela superposição de funções seno e cosseno [86].

As funções seno e cosseno são caracterizadas por sua frequência e por sua extensão infinita. As funções que constituem uma base (conjunto) de funções *wavelet* possuem características diferentes. Elas são compactas, isto é, possuem extensão finita⁴, e diferenciam-se em termos de suas escalas e posições.

A escala determina a extensão da *wavelet* e, por conseguinte, seu campo de ação, também denominado de resolução. As *wavelets* são capazes de representar informações do sinal dentro de seu campo de ação. Assim, na transformada *wavelet* as *wavelets* de longa extensão capturam informações gerais, enquanto que as de curta extensão capturam os detalhes do sinal (Figura 2.14). Devido à extensão finita, as funções *wavelet* precisam ser transladadas para capturar todas as informações do sinal. Portanto, a representação dada pela transformada *wavelet* é dependente da escala e também da translação impingida à *wavelet*, conforme ilustra a Figura 2.14.

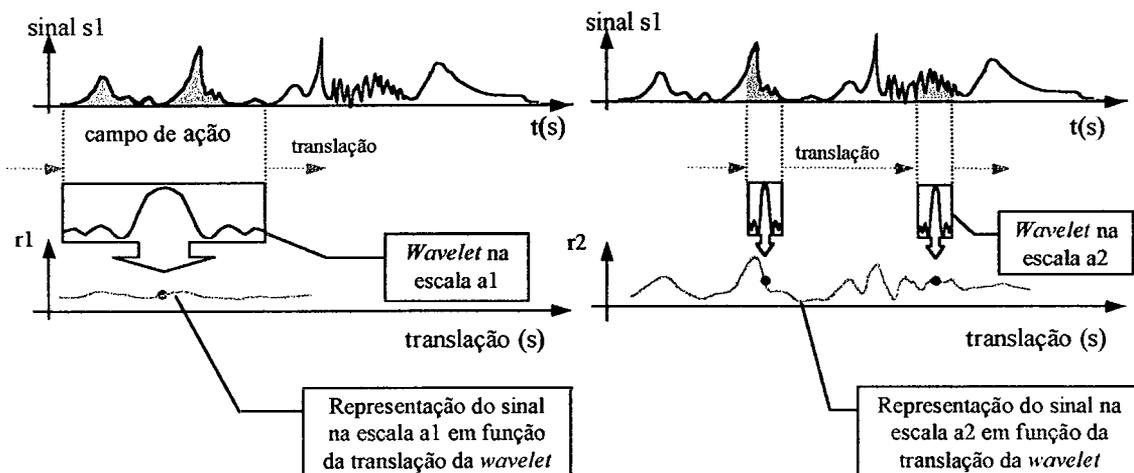


Figura 2.14 - Representação de um sinal efetuado por *wavelets* da mesma base em escalas diferentes.

⁴ Usa-se extensão no sentido genérico. Caso a variável independente for o tempo seria "duração finita".

São essas características que fazem com que as *wavelets* sejam instrumentos interessantes e úteis na análise de sinais não estacionários ou sinais de caráter transitório como aqueles freqüentemente encontrados na área biomédica. Por exemplo, em sinais de EEG, podem ser identificadas a posição temporal e as dimensões (amplitude e duração, associadas à escala e forma da *wavelet*) de espículas de eventos epilépticos [87]. O mesmo pode ser feito no estudo das variações rápidas dos sinais de ECG em caso de fibrilação cardíaca.

A primeira menção às *wavelets* encontra-se em um apêndice da tese de A. Haar em 1909 [86]. A abordagem da transformada despertou o interesse de pesquisadores de várias áreas. Seguiram-se, então, diversas contribuições que, aos poucos, deram corpo a uma teoria coerente. Atualmente, a teoria sobre as *wavelets* sintetiza as diferentes abordagens dessas contribuições [85,86].

2.6.2 Bases de Funções *Wavelet*

As bases de funções da transformada *wavelet* são geradas pelo escalonamento e pela translação de funções básicas $\psi \in L^2(\mathbb{R})$, denominadas *wavelets* mães [88]. A escala a determina a amplitude e a largura da *wavelet*, enquanto que a translação τ estabelece sua posição. Assim, a partir da *wavelet* mãe $\psi(t)$, constrói-se uma base de funções *wavelet* segundo a Equação 2.15,

$$\psi_{a,\tau}(t) = \frac{1}{\sqrt{|a|}} \psi\left(\frac{t-\tau}{a}\right), \quad (2.15)$$

com $a \neq 0$ [85-88]. Assim escalonadas, essas *wavelets* possuem suas normas $L^2(\mathbb{R})$ independentes de a , ou seja, as *wavelets* da base são normalizadas em termos de energia (Equação 2.16). As *wavelets* também podem ser normalizadas em termos de amplitude. Nesse caso, a constante de normalização é $|a|^{-1}$ ao invés de $|a|^{-1/2}$ (neste trabalho utiliza-se $|a|^{-1/2}$).

$$\int_{-\infty}^{+\infty} |\psi_{a,\tau}(t)|^2 dt = \int_{-\infty}^{+\infty} |\psi(t)|^2 dt \quad (2.16)$$

Definindo $\Psi(\omega)$ como a transformada de Fourier da *wavelet* mãe $\psi(t)$, tem-se:

$$\Psi_{a,\tau}(\omega) = \sqrt{|a|} e^{-j\omega\tau} \Psi(a\omega) \quad (2.17)$$

onde $\Psi(a\omega)$ é a transformada de Fourier de $\psi(t/a)$.

No domínio freqüência, a dilatação ou contração das *wavelets* ocorre de forma oposta ao que acontece no domínio tempo. O mesmo ocorre com o fator de normalização. No domínio tempo, a amplitude das *wavelets* é proporcional a $|a|^{-1/2}$ e no

domínio frequência a $|a|^{-1/2}$ [85,87]. O fator $e^{j\omega\tau}$ determina a fase das *wavelets*.

A *wavelet* mãe $\psi(t)$ é uma função localizada no tempo, com centro \bar{t} e resolução Δ_t . No domínio frequência, isto também ocorre, com centro $\bar{\omega}$ e resolução Δ_ω , também denominado largura de banda da *wavelet* [85,88]. As posições e resoluções de uma função *wavelet* no domínio tempo e no domínio frequência são dados respectivamente por:

$$\bar{t} = \frac{1}{\|\psi\|^2} \int_{-\infty}^{+\infty} t |\psi(t)|^2 dt \quad (2.18)$$

$$\Delta_t^2 = \frac{1}{\|\psi\|^2} \int_{-\infty}^{+\infty} (t - \bar{t})^2 |\psi(t)|^2 dt \quad (2.19)$$

$$\bar{\omega} = \frac{1}{\|\Psi\|^2} \int_{-\infty}^{+\infty} \omega |\Psi(\omega)|^2 d\omega \quad (2.20)$$

$$\Delta_\omega^2 = \frac{1}{\|\Psi\|^2} \int_{-\infty}^{+\infty} (\omega - \bar{\omega})^2 |\Psi(\omega)|^2 d\omega \quad (2.21)$$

Substituindo-se as Equações 2.15 e 2.17 respectivamente nas Equações 2.19 e 2.21, tem-se que as resoluções de uma *wavelet* na escala a , no domínio tempo e no domínio frequência, estão relacionadas com as resoluções da *wavelet* mãe como segue:

$$\Delta_{t(a)} = a\Delta_t \quad (2.22)$$

$$\Delta_{\omega(a)} = \frac{1}{a} \Delta_\omega \quad (2.23)$$

Dessas equações, fica evidente a relação inversa entre as capacidades de análise das *wavelets* no domínio tempo e no domínio frequência.

Das Equações 2.18, 2.19, 2.20, 2.21, nota-se que uma *wavelet* na escala e posição (a, τ) extrai informações de $x(t)$ contidas no intervalo de tempo $[\tau + a\bar{t} - a\Delta_t, \tau + a\bar{t} + a\Delta_t]$ e no intervalo de frequência $[(\bar{\omega} - \Delta_\omega)/a, (\bar{\omega} + \Delta_\omega)/a]$. Esses intervalos determinam uma janela de análise no plano tempo-frequência, cujas dimensões (largura e altura) e posição são governadas por a e τ [85].

Das Equações 2.22 e 2.23, tem-se que a área dessa janela é constante (independente da escala) e igual a $4\Delta_t\Delta_\omega$. A dilatação da *wavelet* no domínio tempo implica uma contração da *wavelet* no domínio frequência e vice-versa.

O princípio da incerteza de Heisemberg diz que tal área deve ser maior que 2, isto é, não se pode representar pontualmente um sinal no plano tempo-frequência [17]. Pode-se, apenas, determinar a posição de um sinal dentro de um retângulo com área:

$$\Delta_t \Delta_\omega = \text{const.} > \frac{1}{2} \quad (2.24)$$

A transformada *wavelet* aproveita bem o princípio da incerteza de Heisenberg. Na representação de eventos de longa duração (baixas frequências), onde a localização temporal dos eventos não necessita de resolução elevada, mas seu conteúdo frequencial precisa ser determinado de modo resoluto, a análise do sinal é feita com *wavelets* resolutas no domínio frequência. Logo, Δ_ω é pequeno e em consequência Δ_t é longo, apresentando baixa resolução temporal. O oposto ocorre com transitórios rápidos (frequências elevadas). Nesses, a localização temporal assume papel importante, sendo analisados por *wavelets* resolutas no domínio tempo, isto é, com Δ_t pequeno. Por conseguinte, Δ_ω é grande e a resolução no domínio frequência é pobre [86,88].

A área da janela de análise está diretamente relacionada com a forma da *wavelet* mãe. No entanto, na definição da transformada *wavelet*, as funções *wavelet* não são especificadas. Essa é uma das diferenças entre a transformada *wavelet* e as outras transformadas, como a de Fourier, por exemplo.

Por outro lado, a teoria da transformada *wavelet* estabelece que as bases de funções *wavelet* devem satisfazer algumas condições para que nenhuma informação se perca no processo de transformação do sinal. Para tanto, as *wavelets* devem satisfazer a seguinte condição de admissibilidade [85,88]:

$$C_\psi = \int_{-\infty}^{+\infty} \frac{|\Psi(\omega)|^2}{\omega} d\omega < +\infty, \quad (2.25)$$

ou seja, possuir média nula e energia finita.

Em particular, a condição de admissibilidade diz que as *wavelets* devem oscilar e decair a zero (origem do nome *wavelets* - pequenas ondas). No intuito de atender tal condição, os espectros das *wavelets* são centrados em $\bar{\omega}=0$ e a localização no domínio frequência dá-se na banda $[-\omega_2/a, -\omega_1/a] \cup [\omega_1/a, \omega_2/a]$, posto que $\Psi(0)=0$.

A condição de admissibilidade garante que o sinal possa ser reconstruído a partir da representação dada pela transformada *wavelet*. Ademais, também garante que a energia do sinal é conservada no processo de transformação [88].

Usualmente, também é imposta a condição de regularidade às *wavelets*. Essa, estabelece que os coeficientes da transformada *wavelet* devem decair rapidamente com o decréscimo da escala. Obtém-se, assim, uma representação compacta do sinal. A regularidade está relacionada com quão localizada $\Psi(\omega)$ é no domínio frequência, isto

é, a regularidade impõe que $\Psi(\omega)$ decaia a zero acima de uma certa frequência. Deste modo, $\Psi(\omega)$ é intrinsecamente um filtro passa-banda.

Na busca por uma representação mais eficiente do sinal, foram desenvolvidas diversas bases de funções *wavelet* ortonormais. As primeiras contribuições neste sentido foram dadas de forma independente por Strömberg e Yves Meyer e Pierre-Gilles Lemarié e Ingrid Daubechies na década de 1980 [85,89]. A representação do sinal com esse tipo de base não tem redundâncias, o que é uma característica desejada em várias aplicações, especialmente as que envolvem compressão de dados. Invariavelmente, essas bases são discretas, isto é, as funções *wavelet* existem apenas para alguns valores específicos de a e τ [87,88]. Nesse caso, $a=a_i$ e $\tau=\tau_k$ com $i, k \in \mathbb{Z}$.

A ortonormalidade estabelece que:

$$\int_{-\infty}^{+\infty} \psi_{i,k}(t) \psi_{m,n}^*(t) dt = \begin{cases} 1 & \text{se } i = m \text{ e } k = n \\ 0 & \text{caso contrário} \end{cases} \quad (2.26)$$

ou seja, duas funções *wavelet* em escalas ou posições diferentes não são correlacionadas e portanto as informações extraídas por elas também não são correlacionadas. A implementação dessas bases tem sido extensivamente estudada. Normalmente, estes estudos estão associados à área da análise em multirresolução, envolvendo algoritmos piramidais, codificação em sub-bandas espectrais e filtros espelhados em quadratura (QMF, do inglês *Quadrature Mirror Filters*) [88].

As bases de funções *wavelet* compreendem uma grande família [86,90]. Alguns exemplos de funções *wavelet* contínuas no tempo são: a *wavelet* de Haar (Equação 2.27), a *wavelet* de Morlet (Equação 2.28) e o chapéu mexicano (Equação 2.29) [86,88]. A título de ilustração, na Figura 2.15, apresentam-se as formas de outras *wavelets*. As diferenças entre as famílias residem, fundamentalmente, na relação entre a suavidade da função *wavelet* e a sua concentração (resolução) no domínio tempo e frequência.

$$\psi(t) = \begin{cases} 1 & \text{se } 0 \leq t < 0,5 \\ -1 & \text{se } 0,5 \leq t < 1 \\ 0 & \text{caso contrário} \end{cases} \quad (2.27)$$

$$\psi(t) = e^{(t^2/2)} e^{j\omega_0 t} \quad (2.28)$$

$$\psi(t) = (1 - t^2) e^{\left(-\frac{t^2}{2}\right)} \quad (2.29)$$

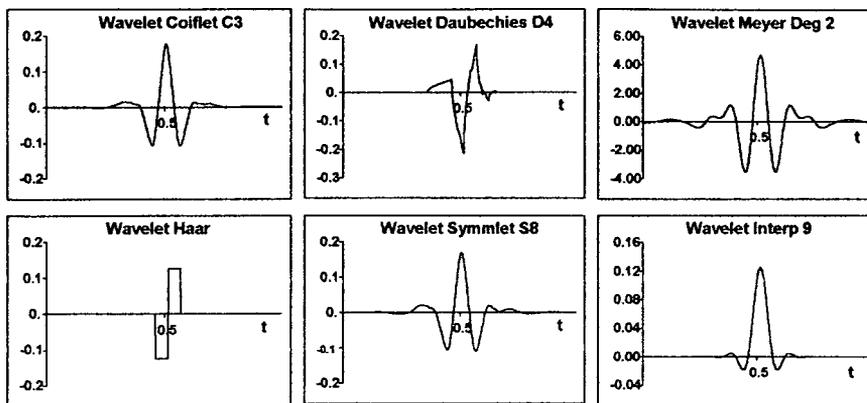


Figura 2.15 - Exemplos de *wavelets* mães.

Em princípio, a base de funções *wavelet* mais apropriada para uma aplicação é aquela capaz de extrair do sinal uma quantidade substancial de informação útil, representando-a da forma mais compacta. Várias aplicações envolvendo, por exemplo, a representação de sinais e o reconhecimento de padrões requerem funções *wavelet* que se assemelhem o máximo possível ao sinal de interesse. Nesse caso, conforme o desenvolvimento apresentado por Chapa e Rao [91], pode-se construir uma base de funções *wavelet*, levando em consideração diretamente as características do sinal a ser analisado.

2.6.3 A Transformada *Wavelet* Contínua

A transformada *wavelet* contínua foi introduzida por Goupillaud, Grossmann e Morlet, sendo definida como segue [85,88]:

Definição 1 (*domínio tempo*) a transformada *wavelet* contínua de uma função ou sinal $x(t) \in L^2(\mathfrak{R})$ é dada por:

$$\mathcal{W}_f(a, \tau) = \langle x, \psi_{a,\tau} \rangle = \int_{-\infty}^{+\infty} x(t) \psi_{a,\tau}^*(t) dt \quad (2.30)$$

onde $\psi_{a,\tau}^*(t)$ é o complexo conjugado da *wavelet* na escala a e posição τ sendo que $a, \tau \in \mathfrak{R}$.

Utilizando a identidade de Parseval [85], tem-se uma definição equivalente no domínio freqüência:

Definição 2 (*domínio freqüência*) a transformada *wavelet* contínua de uma função ou sinal $X(\omega)$ é dada por:

$$2\pi \mathcal{W}_f(a, \tau) = \langle X, \Psi_{a,\tau} \rangle = \int_{-\infty}^{+\infty} X(\omega) \Psi_{a,\tau}^*(\omega) d\omega \quad (2.31)$$

onde $\Psi_{a,\tau}^*(t)$ é o complexo conjugado da transformada de Fourier da wavelet $\psi(t)$ na escala a e posição τ ($a, \tau \in \mathbb{R}$) e $X(\omega)$ é a transformada de Fourier do sinal $x(t) \in L^2(\mathbb{R})$.

Os coeficientes $W_x(a, \tau)$ da transformada *wavelet* indicam quão próximo uma função $x(t)$ está das *wavelets* $\psi_{a,\tau}(t)$. Normalmente, esses coeficientes são representados em diagramas bidimensionais de módulo e fase em função de (a, τ) , denominados de escalogramas. Na Figura 2.16, é apresentado um exemplo da representação de um sinal no plano tempo-escala dado por um escalograma.

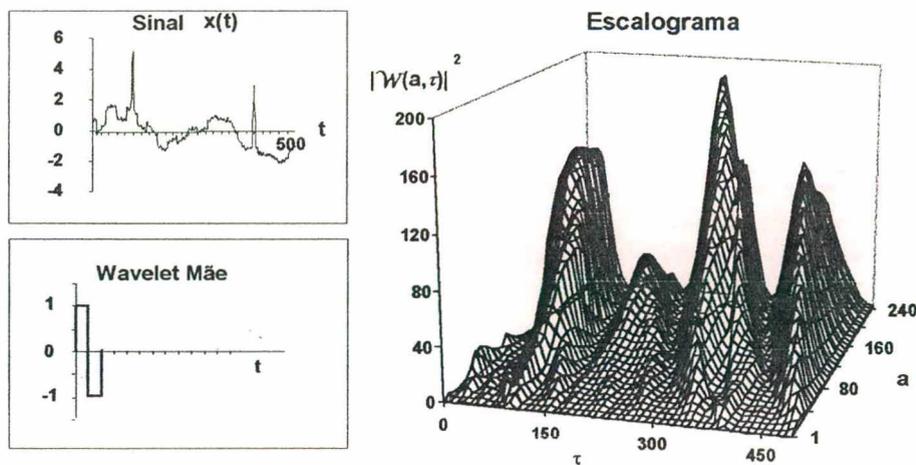


Figura 2.16 - Escalograma de um sinal calculado com a *wavelet* de Haar.

A relação entre escala e freqüência permite que se possa representar os resultados da transformada *wavelet* também no plano tempo-freqüência. Assim, pode-se comparar essa transformada a outras técnicas. A transformada *wavelet* pondera a resolução da análise entre o domínio tempo e o domínio freqüência, alterando as dimensões da janela de análise, isto é, Δ_t e Δ_ω . Esse é um dos pontos que diferencia a representação dada pela transformada *wavelet* de outras similares. Representações obtidas pela STFT (*short time Fourier transform*), WD (*Wigner distribution*), ZAM (*Zhao-Atlas-Marks distribution*), ED (*exponential distribution*), RID (*reduced interference distribution*), entre outras, não alteram as dimensões da janela de análise [92].

Outra vantagem da transformada *wavelet* é sua propriedade de linearidade ($W_{f_1+f_2} = W_{f_1} + W_{f_2}$). Tal característica significa que nessa transformada não são gerados termos interferentes (*cross-terms*), comuns nas representações tempo-freqüência quadráticas como WD, ZAM, ED e RID. Outras propriedades da transformada *wavelet* são: $W_{f(t-t_0)}(a, \tau) = W_{f(t)}(a, \tau - t_0)$ (translação), $W_{\alpha f(\alpha t)}(a, \tau) = W_{f(t)}(\alpha a, \alpha \tau)$ (re-escala), e para

$x(t)=\text{constante}$ $\mathcal{W}_{f(t)}(\alpha, \tau)=0$ (decorrente da condição de admissibilidade) [88].

Se a base de *wavelets* satisfizer a condição de admissibilidade, um sinal $x(t)$ poderá ser reconstruído a partir dos coeficientes $\mathcal{W}_f(\alpha, \tau)$ com a transformada *wavelet* inversa, dada por:

$$x(t) = \frac{1}{C_\psi} \int_{-\infty}^{+\infty} \int_{-\infty}^{+\infty} \mathcal{W}_f(\alpha, \tau) \psi_{\alpha, \tau}(t) \frac{d\alpha d\tau}{\alpha^2} \quad (2.32)$$

A transformada *wavelet* inversa mostra que um sinal $x(t)$ pode ser sintetizado pela soma de todas as projeções do sinal na base de funções *wavelet* [85,87,93]. Nesse sentido, a transformada *wavelet* contínua comporta-se como uma transformada ortogonal. Contudo, as bases de funções *wavelet* $\psi_{\alpha, \tau}(t)$ ($\alpha, \tau \in \mathbb{R}$) não são ortogonais e, por isso, fornecem uma representação bastante redundante do sinal.

2.6.4 Séries *Wavelet*

Os coeficientes das séries *wavelet* resultam de uma amostragem dos coeficientes da transformada *wavelet* contínua. A variável tempo permanece contínua, mas os parâmetros escala e translação assumem valores discretos, formando uma base discreta de funções *wavelet* [85,88]. Desse modo, com base em alguns poucos e esparsos parâmetros, pode-se obter uma representação mais eficiente do sinal.

Os parâmetros escala e translação são expressos como $\alpha = \alpha_i = \alpha_0^i$ e $\tau = \tau_k = k\tau_0\alpha_0^i$, onde i e k são inteiros ($i, k \in \mathbb{Z}$) e $\alpha_0 > 1$ é fixo e determina o passo da escala. A base discreta de funções *wavelet* é formada como segue:

$$\psi_{i,k}(t) = \frac{1}{\sqrt{\alpha_0^i}} \psi\left(\frac{t - k\tau_0\alpha_0^i}{\alpha_0^i}\right) \quad (2.33)$$

e os coeficientes da transformada são obtidos de acordo com a Equação 2.30.

Nessa abordagem, o parâmetro translação depende do passo da escala. Assim, efetuam-se pequenas translações nas menores escalas e o oposto nas escalas maiores. O efeito de tal dependência é notada na distribuição das *wavelets* no plano escala-tempo. Tal distribuição depende de α_0 e τ_0 . Para um valor fixo de α_0 , a localização dos pontos da transformada *wavelet* no plano escala-tempo, ao longo do eixo da escala, é logarítmica, posto que $\log \alpha = i \log \alpha_0$. No eixo do tempo, relativo à translação, o intervalo entre os pontos é proporcional ao valor da escala e uniforme dentro de uma mesma escala.

As séries *wavelet* foram popularizadas por Meyer, Mallat, Daubechies e outros autores, sob a forma da decomposição de sinais em bases de *wavelets* ortogonais [85].

Nesse caso, as *wavelets* são usualmente distribuídas segundo uma grade dyadic, onde $a_0=2$ e $\tau_0=1$, resultando na localização das *wavelets* no plano escala-tempo, conforme mostra a Figura 2.17a. Na Figura 2.17b é apresentado o particionamento ($\Delta_{t(a)} \times \Delta_{\omega(a)}$) do plano tempo-freqüência, efetuado por este tipo de representação.

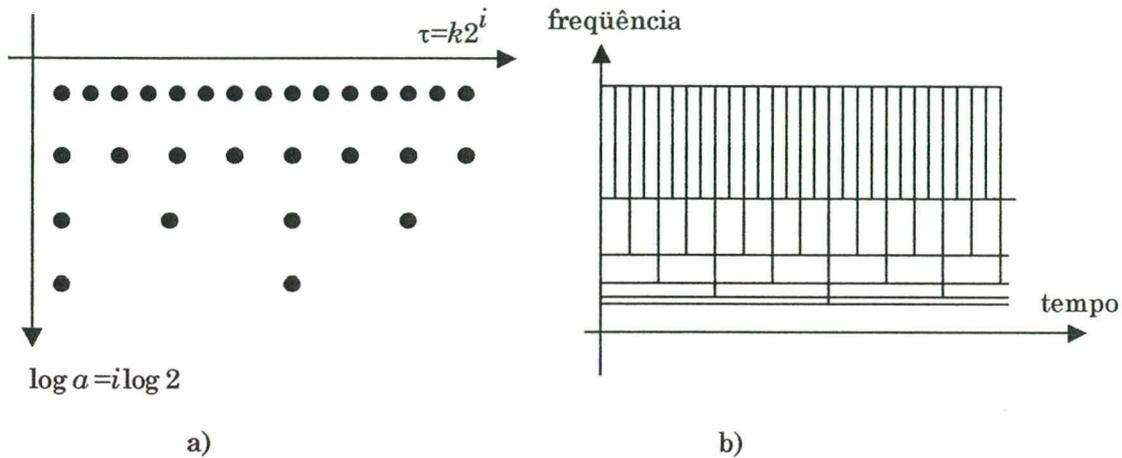


Figura 2.17 - a)Localização das *wavelets* de uma base discreta de *wavelets* com distribuição dyadic. b)Partição do plano tempo-freqüência efetuado por uma base discreta de *wavelets* ortogonais com distribuição dyadic.

2.6.5 A Transformada Wavelet Discreta

A transformada *wavelet* discreta corresponde à transformada *wavelet* de uma seqüência de amostras $x_n=x(nT)$, onde T é o período de amostragem do sinal $x(t)$. Por conseguinte, as *wavelets* empregadas nessa transformada precisam ser discretas no tempo ($\psi_{a,\tau}(n)=\psi_{a,\tau}(nT)$). Logo, o parâmetro de translação τ é, também, inerentemente discreto ($\tau=\tau_k$) e usualmente faz-se o mesmo com o parâmetro escala ($a=a_i$) [87-89].

Normalizando o período de amostragem de modo que $T=1$, a transformada *wavelet* discreta da seqüência x_n é dada por:

$$\mathcal{D}\mathcal{W}_{x_n}(a_i, \tau_k) = \sum_n x_n \psi_{a_i, \tau_k}^*(n) \quad \text{ou} \quad (2.34)$$

$$\mathcal{D}\mathcal{W} = \mathbf{W}\mathbf{x} \quad (2.35)$$

onde \mathbf{W} é a matriz de transformação linear, cujas linhas correspondem as *wavelets* $\psi_{a_i, \tau_k}(n)$ da base, \mathbf{x} é o vetor coluna com as n amostras do sinal e $\mathcal{D}\mathcal{W}$ é o vetor coluna que contém os coeficientes gerados pela transformação.

Usualmente, essa transformada está associada à análise em multirresolução, onde as bases de *wavelets* são discretas e ortogonais. Nesse caso, ambos os parâmetros, escala e translação, são discretos e normalmente organizados segundo

uma distribuição *dyadic* [88].

2.6.6 Análise em Multirresolução

Um dos principais conceitos da teoria sobre *wavelets* é a interpretação da transformada em termos da decomposição de sinais em multirresoluções [87-89]. Atualmente, esse conceito é um padrão para implementar transformadas *wavelet* ortonormais e suas bases, bem como para desenvolver algoritmos rápidos no cálculo da transformada. Embora neste trabalho não se explore a ortogonalidade das *wavelets*, aborda-se a análise em multirresolução por se entender que ela esclarece a operação efetuada pela transformada *wavelet* no domínio freqüência. Entretanto, tal abordagem é feita de forma superficial.

A análise em multirresolução é uma técnica que permite a análise de sinais em várias bandas de freqüências, idealmente não sobrepostas. Normalmente, esse particionamento segue uma divisão *dyadic*, conforme mostra a Figura 2.18. A divisão é feita por pares de filtros passa-baixa e passa-banda. A resposta impulsiva $\psi_i(t)$ dos filtros passa-banda $\Psi_i(\omega)$ são funções *wavelet* e a resposta impulsiva $\phi_i(t)$ dos filtros passa-baixa $\Phi_i(\omega)$ são funções denominadas funções de escala (*scaling functions*). Cada sub-banda representa uma função *wavelet* ou função de escala em uma escala 2^i [85]. Em uma dada escala $\alpha_i = 2^i$, o sinal filtrado pelo filtro $\Psi_i(\omega)$, $\hat{x}(t)$ ($t = \tau$), corresponde aos coeficientes $W_x(\alpha_i, \tau)$ da transformada *wavelet*, posto que a filtragem de $x(t)$ é definida de forma idêntica à Equação 2.30.

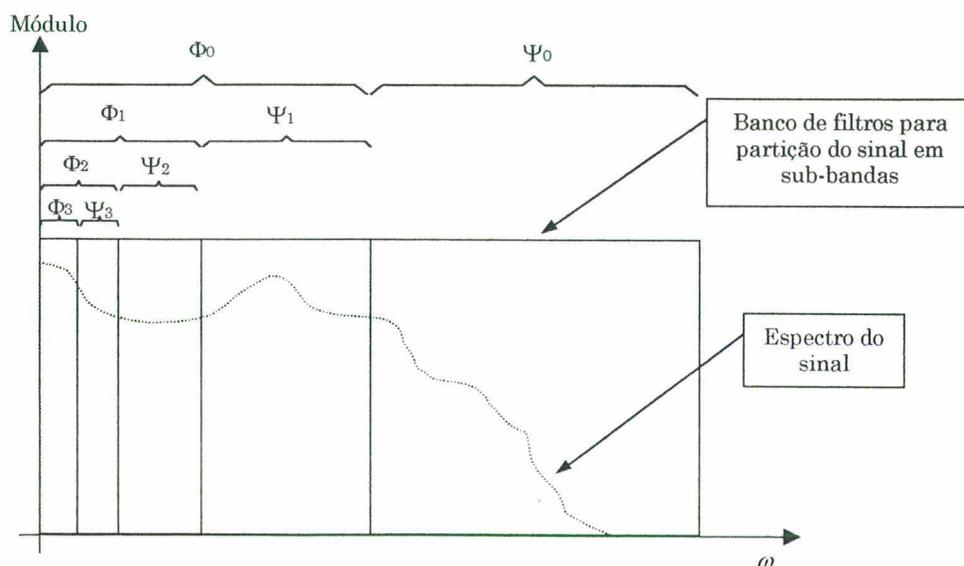


Figura 2.18 - Banco de filtros para decomposição de um sinal em sub-bandas.

Em uma base ortogonal, a translação das *wavelets* e das funções de escala é feita em passos discretos $\tau_k = k2^i$, de modo que garanta a ortogonalidade das funções da base pertencentes à mesma escala. É fácil notar na Figura 2.18 que as funções *wavelet* são também ortogonais entre as escalas, visto que seus espectros não se sobrepõem. No entanto, o mesmo não ocorre com as funções de escala, que são ortogonais apenas entre suas versões transladadas, dentro de uma mesma escala [88].

As funções de escala também não obedecem à condição de admissibilidade $\Psi(0)=0$. Contudo, com o emprego dessas funções, pode-se representar um sinal com um número limitado de *wavelets*, sem que se perca nenhuma informação. Isso pode ser observado na Figura 2.18, onde o sinal pode ser recomposto a partir dos sinais filtrados por $\Phi_3(\omega)$, $\Psi_3(\omega)$, $\Psi_2(\omega)$, $\Psi_1(\omega)$ e $\Psi_0(\omega)$ [88].

Em função da discretização da translação, os coeficientes da análise em multirresolução na escala $\alpha_i = 2^i$ formam uma seqüência discreta, equivalente à filtragem do sinal $x(t)$ pelo filtro $\Psi_i(\omega)$, seguida de uma amostragem em intervalos $\tau_k = k2^i$. No caso de um sinal amostrado, dado por uma seqüência finita de amostras x_n (Seção 2.6.5), a análise em multirresolução torna-se uma opção bastante interessante no sentido de representar o sinal de forma compacta. Isso, porque de cada filtragem (cada escala) resulta apenas a metade do número de amostras originais da seqüência. Assim, em uma representação completa da seqüência no plano tempo-escala, o número de coeficientes da transformada é igual ao número de amostras da seqüência.

Existe uma variedade de temas relacionados com a transformada *wavelet* que não são tratados nesse trabalho. Esses temas envolvem, por exemplo, os detalhes concernentes à análise em multirresolução, as formas de construção de bases de *wavelets* ortogonais, as formas irregulares das grades das séries *wavelet*, os filtros espelhados em quadratura (QMF), os algoritmos rápidos para o cálculo da transformada *wavelet*, as *wavelet packets*, os algoritmos piramidais, etc. Não obstante, existe uma extensa literatura sobre o assunto que pode ser consultada [85,88,89].

2.7 Análise em Componentes Independentes (ACI)

2.7.1 Introdução

Como sugere o nome, a análise em componentes independentes é uma técnica empregada para representar sinais em termos de suas componentes estatisticamente

independentes. A transformação impingida aos sinais por essa técnica é otimizada no sentido de propiciar componentes com tal característica, podendo tal transformação ser linear, não linear e ainda envolver operações convolutivas (filtragem). Conquanto existam extensões da ACI para determinar transformações não lineares e/ou convolutivas [94-101], neste trabalho tratar-se-á apenas das transformações lineares e instantâneas. Isso devido à não unicidade de solução nos casos não lineares e/ou convolutivos [102]. Na ACI linear e instantânea tem-se:

$$\hat{\mathbf{s}} = \mathbf{W}\mathbf{x}, \quad (2.36)$$

onde $\hat{\mathbf{s}}$ é o vetor das componentes \hat{s}_i estatisticamente independentes, \mathbf{W} é a matriz de transformação a ser determinada e \mathbf{x} é o vetor dos sinais de entrada x_i .

Uma das aplicações mais freqüentes da ACI é a separação cega de sinais. Nessa aplicação, os sinais observáveis x_i são resultantes da combinação linear de sinais não observáveis s_i denominados sinais fonte. Os sinais s_i usualmente são sinais originais e não corrompidos, ou sinais gerados por fontes de ruído. As fontes geradoras dos sinais s_i são estatisticamente independentes; logo, mediante a determinação de uma transformação \mathbf{W} que torne os sinais transformados \hat{s}_i o mais estatisticamente independentes possível uns dos outros, os sinais gerados podem ser recuperados a partir dos sinais observáveis x_i . Essa aplicação da ACI é exemplificada na Figura 2.19.

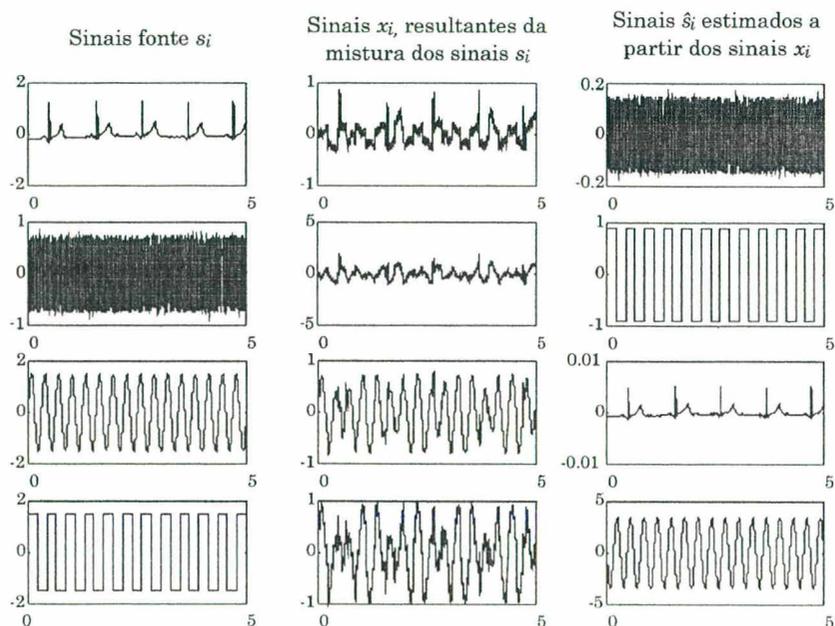


Figura 2.19 - Coluna à esquerda: sinais estatisticamente independentes (sinais fonte s_i) não observáveis diretamente. Coluna central: sinais x_i observáveis diretamente, cada um resultante da mistura linear e instantânea (média ponderada) dos sinais fonte s_i - não são estatisticamente independentes. Coluna à direita: sinais \hat{s}_i obtidos pela ACI a partir dos sinais x_i - a ordem e a escala dos sinais são alterados mas a forma de onda é preservada em relação aos sinais fonte (abscissas em segundos e ordenadas em mV).

No caso da mistura dos sinais fonte envolver operações não lineares e convolutivas é necessário uma transformação não linear e/ou convolutiva para obter as componentes independentes. Contudo, como mencionado, a ACI nessas situações não apresenta solução única, e assim dificilmente se obtêm os sinais fonte originais. Isso se deve ao fato de que qualquer transformação não linear ou convolutiva aplicada individualmente a sinais estatisticamente independentes resulta em sinais transformados ainda estatisticamente independentes. Logo, a ACI resulta em componentes estatisticamente independentes que são transformações não lineares e/ou convolutivas dos sinais originais [102].

A ACI também tem sido aplicada para reduzir redundâncias na etapa de extração de características. Obtendo-se uma representação onde as características são estatisticamente independentes, fica mais fácil identificar aquelas que estão realmente relacionadas com um determinado estado funcional do organismo [103].

Neste trabalho, a motivação do uso dessa ferramenta está relacionada tanto com o cancelamento de ruído quanto com a redução de redundâncias. Tem-se que os bio-sinais, gerados nos diversos sistemas constituintes do organismo, interagem entre si ao se propagarem pelo meio biológico. Adicionalmente, sinais advindos de fontes externas (rede elétrica, equipamentos eletrônicos, etc.) também estão presentes no organismo. Desse modo, ao efetuar o registro de um bio-sinal, obtém-se uma composição de sinais gerados em diversas fontes. Assumindo que esses sinais são estatisticamente independentes em suas origens, com o uso da ACI eles podem ser recuperados a partir dos sinais registrados. Posteriormente, são selecionados somente aqueles que contêm as informações de interesse para a investigação. Vários autores têm explorado o uso da ACI com este propósito, especialmente no caso de cancelamento de ruído (artefatos) em registros de EEG (eletroencefalografia) [104,105], MEG (magnetoencefalografia) [106] e também em ECG (eletrocardiografia) [107-111]. Outra aplicação da ACI é na separação das componentes de sinais de controle de determinados órgãos, podendo-se observar, por exemplo, as componentes relativas ao sistema simpático e parasimpático [112].

2.7.2 Independência Estatística

Antes de seguir adiante, é necessário estabelecer algumas definições básicas. Existem diversos conceitos de independência como, por exemplo, o de independência linear ou o de decorrelação, os quais não devem ser confundidos com o conceito de

independência estatística empregado na ACI. A independência estatística é definida da seguinte forma: sejam $v_1, v_2, v_3, \dots, v_m$ variáveis aleatórias com média nula e função densidade de probabilidade conjunta $f(v_1, v_2, v_3, \dots, v_m)$. Então, as variáveis v_i são estatisticamente (mutuamente) independentes se a função densidade de probabilidade conjunta puder ser fatorada como segue:

$$f(v_1, v_2, \dots, v_m) = f_1(v_1)f_2(v_2)\dots f_m(v_m), \quad (2.37)$$

onde $f_i(v_i)$ é a função densidade de probabilidade marginal de v_i [109,113].

Posto que está-se tratando com definições estatísticas, é importante distinguir independência de decorrelação. Duas variáveis são decorrelacionadas quando:

$$E\{v_i v_j\} - E\{v_i\}E\{v_j\} = 0, \text{ para } i \neq j \quad (2.38)$$

onde $E\{\cdot\}$ designa o valor esperado [46]. No entanto, se duas variáveis são estatisticamente independentes, então:

$$E\{g_1(v_i)g_2(v_j)\} - E\{g_1(v_i)\}E\{g_2(v_j)\} = 0, \text{ para } i \neq j \quad (2.39)$$

para quaisquer duas funções mensuráveis g_1 e g_2 [46]. Nota-se que duas variáveis independentes são também decorrelacionadas, mas, em geral, o contrário não é válido.

Comparando as Equações 2.38 e 2.39, fica evidente que a independência estatística é uma condição bem mais restritiva do que a decorrelação. Todavia, independência e decorrelação são equivalentes em um caso especial, isto é, quando $v_1, v_2, v_3, \dots, v_m$ apresentam uma distribuição conjunta gaussiana. Isso acontece, por exemplo, quando cada variável possui distribuição gaussiana. Desse modo, a ACI não é uma técnica indicada para tratar de variáveis gaussianas. Para essas variáveis, são indicadas técnicas que utilizam medidas estatísticas de segunda ordem (ESO) como, por exemplo, a análise em componentes principais.

2.7.3 Definições da Análise em Componentes Independentes

Restringindo-se ao caso linear, Hyvärinen [113] relata três definições encontradas na literatura para o problema da ACI. A mais geral dessas definições é a seguinte:

Definição 1 (Definição geral) A ACI de um vetor de variáveis aleatórias \mathbf{x} consiste em encontrar a transformação linear $\hat{\mathbf{s}} = \mathbf{W}\mathbf{x}$ de modo que as componentes \hat{s}_i sejam o mais independentes possível umas das outras, no sentido de maximizar alguma função $J(\hat{s}_1, \hat{s}_2, \dots, \hat{s}_p)$ que meça tal independência.

Essa definição não faz nenhuma assunção sobre os vetores e matrizes envolvidas e também deixa em aberto a determinação da função de medida da independência. Por outro lado, Jutten e Héroult [114] abordam o problema da ACI no âmbito da identificação de modelos, estabelecendo a seguinte definição:

Definição 2 (Sem ruído) A ACI de um vetor de variáveis aleatórias \mathbf{x} consiste em se estimar o seguinte modelo gerador dos dados:

$$\mathbf{x} = \mathbf{A}\mathbf{s}, \quad (2.40)$$

onde assume-se que as componentes s_i do vetor $\mathbf{s}=(s_1, s_2, \dots, s_q)$ são independentes e \mathbf{A} , constante e com dimensões $p \times q$, é a matriz de mistura.

Na terceira definição relatada, o modelo a ser estimado é acrescido de ruído. Conquanto essa abordagem seja mais realística, Hyvärinen [113] argumenta que a estimativa do modelo livre de ruído é por si só bastante complexa. Assim, esse modelo simplificado é normalmente tomado como uma aproximação tratável e razoável da realidade. Além disso, essa assunção tem sido corroborada por algumas aplicações com dados reais.

Embora diferentes, essas definições equivalem-se em um caso específico. Comon [115] mostra que se os dados \mathbf{x} são gerados por um sistema que segue a Equação 2.40, se certas medidas de independência são empregadas na Definição 1 e se $\mathbf{W}=\mathbf{A}^{-1}$ com $p=q$, a Definição 1 e a Definição 2 são assintoticamente equivalentes.

2.7.4 Restrições

Segundo Comon [115], o modelo descrito pela Equação 2.40 pode ser estimado adicionando-se à assunção de independência estatística as seguintes restrições:

1. todas as componentes independentes s_i , com a possível exceção de uma, devem ser não-gaussianas;
2. o número p de misturas lineares observáveis x_i deve ser pelo menos igual ou, então, maior do que o número q de componentes independentes s_i , isto é, $p \geq q$;
3. a matriz \mathbf{A} precisa ser *full rank* (as linhas devem ser linearmente independentes);
4. se as componentes de \mathbf{x} e \mathbf{s} forem variáveis estocásticas elas devem ser estacionárias e ergódicas; e
5. as componentes de \mathbf{s} e \mathbf{x} devem possuir média nula.

A primeira condição é necessária para identificar o modelo da Equação 2.40. No entanto, se mais de uma das componentes s_i for gaussiana, ainda será possível estimar as componentes independentes não gaussianas, pois qualquer operação de

descorrelação é suficiente para obter a independência de variáveis aleatórias com distribuição gaussianas [113].

A restrição imposta na segunda condição ($p \geq q$) também parece não ser totalmente necessária. Há trabalhos buscando mostrar a possibilidade de identificar a matriz \mathbf{A} em casos onde \mathbf{A} não é invertível ($p < q$) [116]. Contudo segundo Hyvärinen [113], até o momento, não existe nenhuma prova rigorosa conhecida nesse sentido. Ressalta-se que esse caso está relacionado com o modelo de ACI com ruído, pois as $q-p$ componentes poderão ser entendidas como ruído se forem independentes das demais p componentes.

A quinta condição é facilmente atendida removendo-se o valor médio das componentes x_i , [46] enquanto que as condições 3 e 4 dependem do processo que gera as variáveis. Nesse caso, normalmente assume-se que as variáveis envolvidas atendem a tais condições.

A ACI incorre em uma indeterminância que, apesar de não representar uma restrição, é importante ser comentada. Essa indeterminação ocorre em relação à ordem e amplitude das componentes independentes estimadas \hat{s}_i . Na verdade, a matriz \mathbf{W} dá uma estimativa da matriz \mathbf{A} inversa em que as linhas são permutadas e multiplicadas por constantes de forma arbitrária [111,116,117], isto é:

$$\mathbf{W} = \mathbf{DPA}^{-1}, \quad (2.41)$$

onde \mathbf{D} é uma matriz diagonal que multiplica as linhas de \mathbf{PA}^{-1} e \mathbf{P} é uma matriz que efetua a permuta das linhas da matriz \mathbf{A}^{-1} . Logo, o mesmo ocorre com as componentes estimadas \hat{s}_i :

$$\hat{\mathbf{s}} = \mathbf{Wx} = \mathbf{DPA}^{-1}\mathbf{As} = \mathbf{Dps} \quad (2.42)$$

Por outro lado, a ordenação e a amplitude das componentes \hat{s}_i podem ser fixadas segundo critério pré-estabelecido. Por exemplo, no caso da amplitude, normalmente é definido que as componentes \hat{s}_i possuem variância unitária. Para fixar a ordem das componentes, pode-se empregar um critério baseado na distância da distribuição estatística dessas componentes em relação a uma distribuição gaussiana ou ainda um critério baseado na contribuição das componentes s_i para variância de x_i . O critério utilizado para a ordenação obedece algum interesse particular da aplicação e são especialmente úteis nos algoritmos que, ao invés de estimarem todas as componentes de uma única vez, fazem-no uma a uma. Outrossim, pode-se empregar o conhecimento a priori a respeito da componente em que se está interessado para guiar a ACI em sua extração [111,118,119].

Basicamente, a ACI envolve dois tópicos: 1) a formulação da função custo e 2) a otimização dessa função. As propriedades da ACI dependem de ambos. Em particular, as propriedades estatísticas (consistência, robustez, etc.) dependem da escolha da função custo, enquanto que as propriedades algorítmicas (velocidade de convergência, estabilidade numérica, memória necessária, etc.) dependem do algoritmo de otimização empregado [113].

2.7.5 Funções Custo

Para determinar a matriz \mathbf{W} , normalmente é formulada uma função custo que fornece uma medida do grau de independência das componentes \hat{s}_i . Então, essa função é maximizada ou minimizada em função de \mathbf{W} para se obter o máximo de independência entre tais componentes. Duas formas de funções custo são detectadas na literatura sobre ACI: 1) aquela em que $\mathbf{W}=(\mathbf{w}_1, \mathbf{w}_2, \dots, \mathbf{w}_p)^T$ é determinada de forma integral, onde todas as componentes \hat{s}_i são estimadas simultaneamente e 2) aquela em que as linhas \mathbf{w}_i são obtidas uma a uma, e assim estima-se uma componente \hat{s}_i por vez. Inicialmente, apresentam-se algumas funções custo relativas ao primeiro caso.

Pham *et al.* [120] empregam o método da máxima verossimilhança para estimar \mathbf{W} . Esse método procura maximizar a semelhança entre as distribuições das componentes s_i (caracterizadas por suas funções densidade de probabilidade (fdps) f_i) e das componentes \hat{s}_i . A função custo relativa à verossimilhança é dada por:

$$J = \sum_{n=1}^L \sum_{i=1}^m \log(f_i(\hat{s}_i(t_n))) + L \ln|\det(\mathbf{W})|, \quad (2.43)$$

onde $\hat{s}_i(t_n) = \mathbf{w}_i \mathbf{x}(t_n)$ e $\mathbf{x}(t_n)$ são amostras de \mathbf{x} tomadas nos instante $t=t_n=nT$, onde T é o intervalo de amostragem e $n=1,2,\dots,N$. A verossimilhança J será máxima quando as linhas \mathbf{w}_i forem tais que a distribuição das componentes \hat{s}_i esteja de acordo com as fdps f_i .

O principal problema dessa abordagem é a necessidade do conhecimento *a priori* das fdps f_i . Embora possam ser estimadas com o custo de elevar consideravelmente a complexidade do método, normalmente não se dispõe dessas fdps [113].

Bell *et al.* [121] empregam uma função custo, semelhante à verossimilhança, baseada na medida da entropia de transformações não lineares das componentes \hat{s}_i (Equação 2.44). A entropia é máxima quando as componentes \hat{s}_i são independentes. Contudo, esse método depende da escolha das funções g_i , sendo equivalente à

verossimilhança quando g_i (derivada de g_i) for igual a f_i , pois $f(g_i) = g_i$.

$$J = H(g_1(\mathbf{w}_1^T \mathbf{x}), g_2(\mathbf{w}_2^T \mathbf{x}), \dots, g_m(\mathbf{w}_p^T \mathbf{x}))$$

$$H(\mathbf{z}) = - \int f(\mathbf{z}) \log(f(\mathbf{z})) d\mathbf{z} \quad (2.44)$$

Outro conceito explorado para medir a independência entre variáveis aleatórias é o de “informação mútua” (informação que uma variável tem que pode ser utilizada para prever o valor de outra variável e vice-versa) [115]. Quando as variáveis são independentes, a informação mútua é mínima. A informação mútua I entre m variáveis aleatórias \hat{s}_i , é definida em termos de entropia como:

$$J = I(\hat{s}_1, \hat{s}_1, \dots, \hat{s}_m) = \sum_i H(\hat{s}_i) - H(\hat{\mathbf{s}}), \quad (2.45)$$

onde H é a entropia, definida na Equação 2.44, e $\hat{\mathbf{s}} = \mathbf{W}\mathbf{x}$. Essa função baseia-se no fato de que a soma das entropias de cada componente \hat{s}_i é maior que a entropia do conjunto $\hat{\mathbf{s}}$, sendo igual, somente, no caso em que as componentes \hat{s}_i são independentes.

Observando a Equação 2.44 e Equação 2.45, pode-se interpretar a informação mútua como uma medida da diferença entre a fdp do conjunto $f(\hat{\mathbf{s}})$ e da fdp fatorada $\tilde{f}(\hat{\mathbf{s}}) = f(\hat{s}_1)f(\hat{s}_2)\dots f(\hat{s}_p)$ [113]. De forma bastante semelhante à informação mútua, tem-se a abordagem baseada no divergente de Kullback-Leibler [122], que mede a distância entre duas fdps. Uma sendo a fdp do conjunto e outra a fdp fatorada.

Embora as funções custo baseadas na informação mútua e no divergente de Kullback-Leibler não necessitem do conhecimento a priori das fdps de \mathbf{s} , ainda existe o problema de obter as fdps de $\hat{\mathbf{s}}$. Normalmente, essas fdps são aproximadas por expansões polinomiais em termos dos cumulantes de ordem superior das componentes \hat{s}_i , levando a expressões para a informação mútua como [113,122]:

$$J = I(\hat{s}_1, \hat{s}_2, \dots, \hat{s}_p) = c + \frac{1}{48} \sum_{i=1}^p [4\kappa_3 \hat{s}_i^2 + \kappa_4 \hat{s}_i^2 + 7\kappa_4 \hat{s}_i^4 - 6\kappa_3 \hat{s}_i^2 \kappa_4 \hat{s}_i] \quad (2.46)$$

onde c é uma constante, κ_r é o cumulante de \hat{s}_i de ordem r ($\kappa_1 = E\{\hat{s}_i\}$, $\kappa_2 = E\{\hat{s}_i^2\}$, $\kappa_3 = E\{\hat{s}_i^3\}$, $\kappa_4 = E\{\hat{s}_i^4\} - E\{\hat{s}_i^2\}^2$, ...) e as variáveis \hat{s}_i devem ser descorrelacionadas. Tais aproximações são válidas em geral para fdps não muito diferentes de uma gaussiana, contudo existem aproximações mais elaboradas [123].

Muitos autores empregam outras aproximações que implicam certas restrições. Por exemplo, as funções custo baseadas no princípio do cancelamento de correlações cruzadas de ordem superior, obtidas com transformações não lineares das variáveis aleatórias. Essas correlações cruzadas têm a forma de $E\{g_1(\hat{s}_i)g_2(\hat{s}_j)\}$, onde g_1 e g_2 são

funções ímpares não lineares cuja escolha depende das fdps de \hat{s}_i e \hat{s}_j . Se \hat{s}_i e \hat{s}_j forem independentes, essas correlações cruzadas serão nulas, isso se as fdps de \hat{s}_i e \hat{s}_j forem simétricas [46].

Em várias aplicações não há a necessidade de estimar todas as componentes \hat{s}_i , ou equivalentemente, todas as linhas w_i ($i=1,2,\dots,p$) da matriz W . Por vezes está-se interessado apenas em algumas ou, ainda, em uma única componente [124-126]. Para esses casos foram desenvolvidas funções custo que permitem obter uma componente independente por vez. Tais funções baseiam-se em uma medida de não gaussianidade, pois quanto mais variáveis independentes contribuírem para a composição de \hat{s}_i , mais próxima a sua distribuição estará de uma gaussiana. Logo, pode-se otimizar w_i de modo que a distribuição de \hat{s}_i fique o mais distante possível de uma gaussiana. Essas funções custo assumem a seguinte forma geral [113]:

$$J = \left| E\{G(\hat{s}_i)\} - E\{G(v)\} \right|^u \quad (2.47)$$

onde v é uma variável aleatória gaussiana com variância unitária e média nula, \hat{s}_i deve ser normalizada de modo a apresentar variância unitária e média nula, o expoente u assume tipicamente valores 1 ou 2 e G é uma função par não quadrática e sem descontinuidades.

Hyvärinen [125] aponta que a função G estabelece as propriedades estatísticas do estimador e propõem as seguinte funções:

$$\begin{aligned} G_1(y) &= \log(\cosh(a_1 y)) \\ G_2(y) &= \exp\left(\frac{-a_2 y^2}{2}\right) \end{aligned} \quad (2.48)$$

onde as constantes $a_1, a_2 \geq 1$. Segundo Hyvärinen [125], com essas funções, em especial para $1 \leq a_1 \leq 2$ e $a_2 = 1$, foram obtidos resultados bem melhores do que os conseguidos com as funções custo baseadas em cumulantes.

Não obstante, uma das funções G mais populares é $G(y)=y^4$. Nesse caso, a Equação 2.47 resume-se à maximização do módulo da curtose das componentes \hat{s}_i (cumulante de quarta ordem $\kappa_4 = E\{\hat{s}_i^4\} - E\{\hat{s}_i^2\}^2$), pois a curtose de uma variável gaussiana é nula. Delfosse e Loubaton [124] mostram que, sendo $\hat{s}_i = \mathbf{w}_i^T \mathbf{x}$, a maximização do módulo da curtose leva à \mathbf{w}_i^T que fornece uma das componentes independentes s_j (a menos de um fator multiplicativo) sob a condição de \hat{s}_i ter variância unitária $E\{(\mathbf{w}_i^T \mathbf{x})^2\} = 1$ (tal condição restringe os valores de \mathbf{w}_i^T).

Devido à simplicidade e ao fato da curtose compor uma das funções custo

empregadas no uso da ACI neste trabalho, apresenta-se resumidamente seu desenvolvimento. Dado o modelo $\mathbf{x}=\mathbf{A}s$, obtém-se $E\{(\mathbf{w}_i^T \mathbf{x})^2\}=\mathbf{w}_i^T \mathbf{A} \mathbf{s} \mathbf{s}^T \mathbf{A}^T \mathbf{w}_i=1$; assumindo-se por simplicidade que $\mathbf{s} \mathbf{s}^T=\mathbf{I}$ (na verdade, $\mathbf{s} \mathbf{s}^T=\mathbf{D}$, onde \mathbf{D} é uma matriz diagonal devido à independência dos elementos de \mathbf{s}) e definindo-se $\mathbf{w}_i^T \mathbf{A}=\mathbf{z}^T$ ($\hat{s}_i=\mathbf{z}^T \mathbf{s}$), obtém-se $\|\mathbf{z}\|=1$. Utilizando esse resultado e as propriedades da curtose para variáveis independentes ($curt(x_1+x_2)=curt(x_1)+curt(x_2)$ e $curt(\alpha x_1)=\alpha^4 curt(x_1)$), chega-se a [126]:

$$J = \left| curt(\mathbf{w}_i^T \mathbf{x}) \right| = \left| curt(\mathbf{w}_i^T \mathbf{A} \mathbf{s}) \right| = \left| curt(\mathbf{z}^T \mathbf{s}) \right| = \left| \sum_{i=1}^p z_i^4 curt(s_i) \right| \quad (2.49)$$

com a restrição: $\sum_{i=1}^p z_i^2 = 1$.

Dentre os pontos extremos de J encontram-se os referentes a $z_i=\pm 1$ (por vezes, os únicos, dependendo das curtoses $curt(s_i)$) que correspondem às soluções desejadas $\hat{s}_i=\pm s_j$. Na verdade, obtém-se $\hat{s}_i = \pm \beta_i s_j$ (β_i é uma constante multiplicativa), pois $\mathbf{s} \mathbf{s}^T=\mathbf{D}$ [126].

As abordagens descritas até o momento envolvem medidas estatísticas de ordem superior. Recentemente, Cichocki e Barros [127] propuseram uma função custo para a ACI que emprega apenas medidas estatísticas de segunda ordem. Nessa proposição, os autores exploram a estrutura temporal das componentes independentes, isto é, se \hat{s}_i for a combinação de duas ou mais componentes independentes então não será possível prever $\hat{s}_i(t+1)$ com base nas amostras $\hat{s}_i(t)$, $\hat{s}_i(t-1)$, ..., $\hat{s}_i(t-q)$. O vetor \mathbf{w}_i^T é ajustado de modo a reduzir o erro médio quadrático entre $\hat{s}_i(t+1)$ e a previsão $\tilde{s}_i(t+1)=f(\hat{s}_i(t), \hat{s}_i(t-1), \dots, \hat{s}_i(t-q))$ dada por um filtro FIR adaptativo. A adaptação do filtro somente converge quando \hat{s}_i for uma componente independente, logo essa abordagem estabelece uma restrição adicional, isto é, \hat{s}_i deve ser tal que a previsão $\tilde{s}_i(t+1)$ seja possível. Não obstante, em várias aplicações os sinais sofrem algum processo de filtragem e assim as correlações temporais se fazem presente, possibilitando o uso dessa abordagem.

Outra forma de obter a ACI, que não explora explicitamente as propriedades estatísticas das componentes, é a abordagem geométrica [117,128-130]. Essa abordagem considera o hiperparalelepípedo formado no espaço das variáveis observadas $\mathbf{x}(t)=[x_1(t), x_2(t), \dots, x_p(t)]^T$, quando as componentes independentes $\mathbf{s}(t)$ possuem amplitude limitada, isto é, $s_i(t) \in \{l_{mi}, l_{Mi}\}$ com $\{l_{mi}, l_{Mi}\} \in \mathbb{R}$ e $l_{mi} < l_{Mi}$. Quando as variáveis são independentes, elas formam um hiperparalelepípedo com arestas

ortogonais; contudo, quando elas são misturadas, as arestas são rotacionadas para outras direções, conforme mostra a Figura 2.20 para $p=2$ [128]. A ACI resume-se em determinar tais arestas e suas inclinações α_{ij} , pois $\text{tang}(\alpha_{ij})=a_{ij}/a_{jj}$, identificando assim, conforme a Definição 2, a matriz de mistura A' (Equação 2.50), idêntica à matriz A com as colunas normalizadas de modo que $a'_{jj}=1 (A=A'D$ e D é uma matriz diagonal com elementos $d_{jj}=a_{jj}$).

$$\begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \\ \vdots \\ x_p \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & a_{12}/a_{22} & \cdots & a_{1p}/a_{pp} \\ a_{21}/a_{11} & 1 & \cdots & a_{2p}/a_{pp} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{p1}/a_{11} & a_{p2}/a_{22} & \cdots & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} s_1 \\ s_2 \\ \vdots \\ s_p \end{bmatrix} \tag{2.50}$$

A função custo para esta abordagem está relacionada à determinação das inclinações α_{ij} das arestas do hiperparalelepípedo. Baseia-se em medir o ângulo γ_{ij} entre os vetores \mathbf{h}_i e \mathbf{h}_j , ($i \neq j$, $\{i,j\} \in \{1,2,\dots,p\}$), cujo cosseno é mínimo quando esses vetores correspondem às arestas do hiperparalelepípedo. Tendo-se esses vetores, têm-se as inclinações das arestas e por conseguinte a matriz A' . A função custo para esta abordagem é dada pela soma dos cossenos dos ângulos entre todos os possíveis pares de vetores \mathbf{h}_i e \mathbf{h}_j :

$$J = \sum_{i=1}^{p-1} \sum_{j=i+1}^p \cos(\gamma_{ij}) = \sum_{i=1}^{p-1} \sum_{j=i+1}^p \frac{\mathbf{h}_i \cdot \mathbf{h}_j}{\|\mathbf{h}_i\| \|\mathbf{h}_j\|} \quad j \neq i, \{i,j\} \in \{1,2,\dots,p\} \tag{2.51}$$

Esta abordagem é discutida em detalhes por Puntonet e Pietro [128-130]; contudo, devido à restrição de amplitude limitada para os sinais envolvidos (excluído ruído gaussiano, entre outros), essa abordagem não é adotada neste trabalho.

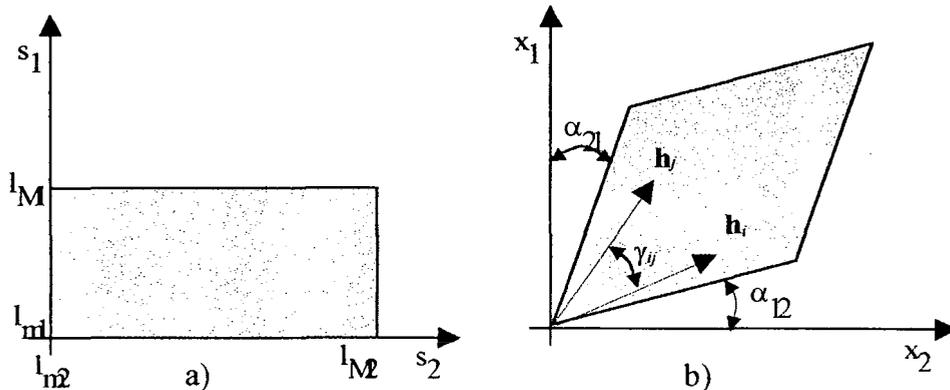


Figura 2.20 - a) Espaço das variáveis independentes $s(t)$, b) das variáveis $x(t)$ para $p=2$.

2.7.6 Algoritmos para a ACI

Os algoritmos de otimização da função custo utilizados na ACI são baseados nos mesmos métodos empregados no treinamento das RNAs. Isso implica em se abordar a ACI como uma estrutura de RNA com treinamento não supervisionado [46,131-134]. Os algoritmos para ACI são derivados de métodos como: gradiente ascendente ou descendente, método de Newton, *conjugated gradient*, etc., implementados de forma estocástica ou em bloco (*batch-mode*).

Nos casos onde todas as componentes independentes são estimadas simultaneamente, os algoritmos adaptativos mais populares baseiam-se no gradiente ascendente estocástico aplicado à função de verosimilhança e assemelhadas. Em se tratando da estimativa de uma componente por vez, tais algoritmos são freqüentemente utilizados para otimizar a função custo geral (Equação 2.47). Por outro lado, entre os algoritmos que processam os dados em bloco (*batch-mode*), o FastICA, baseado em interações de ponto fixo, é um algoritmo bastante eficiente, sendo empregado tanto na estimativa de uma componente independente por vez quanto na estimativa simultânea de todas as componentes.

Um dos primeiros algoritmos para ACI foi apresentado por Jutten e Héroult [114] e baseia-se em cancelar correlações cruzadas de ordem superior (não lineares). A proposta desses autores é inspirada em RNAs retroalimentadas, onde $\hat{\mathbf{s}} = (\mathbf{I} + \mathbf{R})^{-1} \mathbf{x}$, sendo \mathbf{I} a matriz identidade, \mathbf{R} a matriz a ser determinada e $(\mathbf{I} + \mathbf{R})^{-1}$ a matriz \mathbf{W} da Definição 1 da ACI. Trata-se de um algoritmo estocástico em que a atualização dos elementos da matriz \mathbf{R} é feita de acordo com:

$$r_{ij}(k) = \begin{cases} r_{ij}(k-1) + \eta g_1(\hat{s}_i(k-1)) g_2(\hat{s}_j(k-1)) & \text{para } i \neq j \\ 0 & \text{para } i = j \end{cases} \quad (2.52)$$

onde g_1 e g_2 são funções não lineares ímpares e η é o coeficiente de aprendizagem. No entanto, conforme mostram Delfosse e Loubaton [124], a convergência desse algoritmo depende de vários fatores, dificultando o seu emprego. Ademais, esse algoritmo exige a inversão da matriz $(\mathbf{I} + \mathbf{R})^{-1}$ a cada iteração, comprometendo sua implementação em tempo real.

Em função das deficiências do algoritmo de Jutten e Héroult [114], outras propostas foram feitas no sentido de cancelar as correlações cruzadas não lineares; no entanto, evitando inversões de matrizes e melhorando as características de convergência. Exemplos desses algoritmos são [113]:

$$\Delta \mathbf{W} \propto (\mathbf{I} - g_1(\hat{\mathbf{s}})g_2(\hat{\mathbf{s}}^T))\mathbf{W} \quad (2.53)$$

$$\Delta \mathbf{W} \propto (\mathbf{I} - \hat{\mathbf{s}}\hat{\mathbf{s}}^T - g(\hat{\mathbf{s}})\hat{\mathbf{s}}^T + \hat{\mathbf{s}}g(\hat{\mathbf{s}}^T))\mathbf{W} \quad (2.54)$$

onde $\hat{\mathbf{s}} = \mathbf{W}\mathbf{x}$. Por questão de clareza, foram removidos os índices k relativos às iterações.

De acordo com a Equação 2.53, tem-se, em particular, o algoritmo ACY proposto por Cichocki e Unbehauen [135] e derivado também por Yang e Amari [136], onde $\Delta \mathbf{W} = \eta(\mathbf{I} - g(\hat{\mathbf{s}})\hat{\mathbf{s}}^T)\mathbf{W}$. Também tem-se a extensão desse algoritmo proposta por Bell e Sejnowski, denominada ExtBS [137]. Nessa, o vetor \mathbf{x} é transformado a fim de melhorar a convergência do algoritmo. Tal transformação, denominada “*sphering*”, consiste na normalização e remoção de correlações entre as componentes do vetor. Nesse caso, $\hat{\mathbf{s}} = \mathbf{W}\mathbf{v}$, $\mathbf{v} = \mathbf{V}\mathbf{x}$ e $E\{\mathbf{v}^T\mathbf{v}\} = \mathbf{I}$. A matriz de decorrelação \mathbf{V} pode ser obtida de diversas formas, como pela análise em componentes principais (ACP) do vetor \mathbf{x} [46]. A ACP tem a vantagem de propiciar um modo de reduzir redundâncias no caso em que $m > n$.

Também são propostos algoritmos para maximizar a verosimilhança [120] e a entropia [121]. Em geral, esses algoritmos utilizam o gradiente ascendente (estocástico) da função custo, como por exemplo:

$$\Delta \mathbf{W} \propto (\mathbf{I} - 2 \tanh(\hat{\mathbf{s}})\hat{\mathbf{s}}^T)\mathbf{W} \quad (2.55)$$

onde $\hat{\mathbf{s}} = \mathbf{W}\mathbf{x}$. Nota-se que esse algoritmo é um caso particular daquele dado na Equação 2.53, o que mostra a ligação entre as duas formas de abordagem na medida da independência das componentes \hat{s}_i .

Esses algoritmos têm sido bastante explorados. Contudo, a convergência dos algoritmos baseados apenas na medida do gradiente é lenta e depende muito da seqüência de adaptação. Existem algoritmos derivados do método de Newton visando a velocidade de convergência. Esses, embora converjam em poucas iterações, exigem uma inversão de matriz a cada iteração, aumentando o número de operações no algoritmo e, assim, podendo comprometer a velocidade de processamento.

Por outro lado, existem aplicações onde a adaptação em tempo real não é necessária. Nesses casos, são mais indicados os algoritmos que processam os dados em bloco e baseiam-se em iterações de ponto fixo. Um desses algoritmos é o FastICA, proposto por Hyvärinen e Oja [138]. Inicialmente, esse algoritmo foi empregado para otimizar a função custo dada pela curtose e, mais tarde, foi generalizado para trabalhar com a função custo geral de medida de não gaussianidade (Equação 2.47).

No FastICA, as linhas da matriz \mathbf{W} são adaptadas conforme

$$\begin{aligned} \mathbf{w}^*(k) &= E\{\mathbf{v}g(\mathbf{w}(k-1)^T \mathbf{v})\} - E\{g'(\mathbf{w}(k-1)^T \mathbf{v})\}\mathbf{w}(k-1) \\ \mathbf{w}(k) &= \frac{\mathbf{w}^*(k)}{\|\mathbf{w}^*(k)\|} \end{aligned} \quad (2.56)$$

onde g' é a derivada de g , sendo essa a derivada da função G (Equação 2.48), utilizada na Equação 2.47 e \mathbf{v} é o vetor \mathbf{x} após a normalização e a remoção de correlações e de suas componente (*sphering*).

Vários métodos envolvendo funções custo e algoritmos de otimização para ACI têm sido propostos. Cada qual possui suas características em relação à exatidão da independência das componentes, velocidade de convergência, uso de recursos computacionais, etc. Giannkopoulos *et al.* [137] comparam alguns desses métodos de implementação da ACI, entre eles o FastICA, o FastICAsim (estimativa simultânea de todas as componentes), o ExtBS e o ACY. As principais conclusões a que chegaram são:

1. O FastICA e o FastICAsim são algoritmos que convergem mais rapidamente e utilizam menos recursos computacionais (memória e operações). São capazes de lidar tanto com sinais super-gaussianos quanto com sinais sub-gaussianos, sem a necessidade de estimar a curtose com o emprego de outros algoritmos. No entanto, apresentam maior variabilidade na exatidão da independência das componentes, sendo em média menos exatos. A exatidão diminui suavemente com o aumento do número de componentes, notadamente quando o número de componentes é maior que 7. Contudo, a implementação com a não linearidade $g(r)=\tanh(r)$ e com a determinação simultânea de todas as componentes apresenta a melhor exatidão, comparável aos algoritmos ACY e ExtBS.
2. Os algoritmos ACY e ExtBS são os mais exatos, contudo exigem a maior quantidade de recursos computacionais (respectivamente 20 e 60 vezes mais do que o FastICA).
3. O principal fator que afeta a exatidão dos algoritmos é a escolha da não linearidade.
4. Adicionando ruído gaussiano às componentes (equivalente ao caso $n>m$), a degradação dos resultados é pequena enquanto a potência do ruído for menor que -20db da potência das componentes independentes.

Do exposto, o algoritmo mais promissor é o FastICAsim, resultando na sua escolha para as implementações deste trabalho. No entanto, tem-se que a não

linearidade g é função das fdps dos sinais envolvidos, devendo ser considerada na aplicação da técnica.

2.8 Promediação

A promediação é uma técnica que reforça uma das componentes de um sinal composto por componentes estatisticamente independentes. Para tanto, é necessário que a componente a ser reforçada se repita nas amostras do sinal. A promediação procede uma média entre amostras desse sinal, amostras sincronizadas pela componente que deseja-se reforçar.

No processamento de sinais biomédicos a promediação é aplicada para reduzir o nível de ruído em sinais com eventos repetidos como o ECG e os potenciais evocados. No ECG costuma-se proceder a promediação de segmentos do registro de ECG sincronizados pelo complexo QRS. Nos potenciais evocados as amostras correspondem aos registros de eventos eletromiográficos ou eletroencefalográficos relativos a aplicação de uma seqüência de estímulos. Nesse caso a sincronização é feita com base no estímulo aplicado.

Para analisar a capacidade da promediação em reduzir o nível de ruído no sinal, uma amostra x_i do sinal pode ser descrita como:

$$x_i(t) = s_i(t) + \mathcal{G}_i(t) \quad (2.57)$$

onde $s_i(t)$ é a componente de interesse (sinal de interesse) e $\mathcal{G}_i(t)$ é o ruído que representa as demais componentes de x_i .

Conforme mostra-se a seguir, sob certas condições a média de R amostras x_i melhora a relação sinal-ruído pela raiz quadrada do número amostras incluídas na média [139]. Seja $\bar{x}(n)$ o valor médio das R amostras do sinal $x(n)=x(t)$ no momento $t=nT$, sendo $n=\{1,2,\dots,N\}$ e T o período de amostragem. Logo:

$$\bar{x}(n) = \frac{1}{R} \sum_{i=1}^R x_i(n) \quad (2.58)$$

onde $x_i(n)$ a i -ésima amostra do sinal no instante nT . A relação sinal-ruído (SNR) em x_i é definida como a razão entre a magnitude do sinal s_i e o valor médio quadrático (RMS) do ruído:

$$\text{SNR}|_{x_i} = \frac{|s_i|}{(\mathcal{G}_i)_{\text{RMS}}} = \frac{|s_i|}{\sqrt{E\{\mathcal{G}_i^2\}}} = \frac{|s_i|}{\sigma_{\mathcal{G}_i}} \quad (2.59)$$

onde E denota a expectância e $\sigma_{\mathcal{G}_i}$ o desvio padrão do ruído presente no segmento.

Para verificar a influência da promediação na SNR é necessário obter-se o valor RMS do ruído no sinal promediado. Para tanto, faz-se mais algumas suposições. Supondo que o ruído seja estocástico estacionário e ergódico então: $E\{g_i(n)^2\} = E\{g_j(n)^2\} = E\{g_i(m)^2\} = E\{g_j(m)^2\} = E\{g(n)^2\}$ e $E\{g_i(n)g_j(m)\} = E\{g_i(n)\}E\{g_j(m)\} = 0$ para todo $i \neq j$ ou $n \neq m$ e o desvio padrão do ruído, em cada segmento, é igual ao desvio padrão do ruído entre os segmentos na posição n , ou seja $\sigma_{g_i} = \sigma_{g(n)}$. Assume-se, ainda, que o sinal s_i seja idêntico em todas as amostras x_i ($s_i = s_j = s$ para $\forall i, j$). Dessa forma, o sinal promediado $\bar{x}(n)$ é dado por:

$$\bar{x}(n) = s(n) + \frac{1}{R} \sum_{i=1}^R g_i(n) = s(n) + \bar{g}(n) \quad (2.60)$$

Assumindo que o ruído possui média nula e que o sinal de interesse $s(n)$ e o ruído são descorrelacionados, então a raiz quadrada da variância de $\bar{x}(n)$ fornece o valor RMS do ruído em $\bar{x}(n)$.

$$\begin{aligned} \text{VAR}\{\bar{x}(n)\} &= \text{VAR}\{s(n) + \bar{g}(n)\} \\ &= \text{VAR}\{s(n)\} + \text{VAR}\{\bar{g}(n)\} \\ &= 0 + E\{\bar{g}(n)^2\} - E\{\bar{g}(n)\}^2 \\ &= E\{\bar{g}(n)^2\} \\ &= \frac{1}{R^2} E\left\{\left(\sum_{i=1}^R g_i(n)\right)^2\right\} \\ &= \frac{1}{R^2} RE\{g(n)^2\} \\ &= \frac{1}{R} \sigma_{g(n)}^2 = \frac{1}{R} \sigma_{g_i}^2 \end{aligned} \quad (2.61)$$

$$\sqrt{\text{VAR}\{\bar{x}(n)\}} = \sqrt{\text{VAR}\{\bar{g}(n)\}} = \sigma_{\bar{g}(n)} = \frac{\sigma_{g_i}}{\sqrt{R}} \quad (2.62)$$

Logo, nessas condições, a promediação de R amostras do sinal mantém o sinal de interesse e reduz \sqrt{R} o valor RMS do ruído, melhorando a relação sinal ruído em \sqrt{R} vezes.

$$\text{SNR}|_{\bar{x}} = \frac{|s|}{\sigma_{\bar{g}}} = \sqrt{R} \frac{|s_i|}{\sigma_{g_i}} = \sqrt{R} \text{SNR}|_{x_i} \quad (2.63)$$

No entretanto, para que a promediação proceda da forma demonstrada é necessário que as parcelas relativas ao ruído sejam descorrelacionadas de uma amostra para outra. Essa condição não ocorre em várias situações (contaminação pela

rede elétrica, por exemplo) e, nesse caso, o resultado da promediação não é o previsto na Equação 2.63. Mesmo que a condição de correlação nula entre as amostras \mathcal{A} não seja verdadeira, a promediação ainda melhora a relação sinal ruído, contudo em uma razão inferior a \sqrt{R} pois $E\{\mathcal{A}(n)^2\} > E\{\bar{\mathcal{A}}(n)\} > E\{\mathcal{A}(n)^2\}/R$.

Tanto a promediação quanto as técnicas abordadas nas seções anteriores têm sido exploradas no sentido de melhorar a extração de informações de sinais biomédicos. Em geral, os sinais biomédicos não obedecem totalmente as prerrogativas assumidas pelas técnicas, como por exemplo às assumidas no caso da promediação. Isso torna-as ineficientes em algum aspecto. No próximo capítulo explora-se a possibilidade de potencializar as técnicas apresentadas mediante a combinação de suas características.

3. TÉCNICAS HÍBRIDAS DE PROCESSAMENTO DE SINAIS BIOMÉDICOS

3.1 Introdução

Um dos domínios da engenharia biomédica que depende fortemente de técnicas de processamento de sinais é o que trata da obtenção de informações sobre organismos vivos a partir dos sinais biomédicos emanados por eles. As dificuldades relativas a esse domínio de aplicação foram abordadas nas primeiras seções do capítulo anterior e, sumariamente, dizem respeito à contaminação dos sinais biomédicos por ruído, por informações irrelevantes e por não se possuir o total conhecimento dos modelos e interações dos diversos sistemas que compõem tais organismos.

Conforme foi exposto no Capítulo 2, para obter informações sobre um organismo vivo a partir de seus sinais biomédicos normalmente faz-se uso de um conjunto de técnicas de processamento de sinais, interligadas de forma apropriada a revelarem as informações requeridas pelo investigador (pressupõe-se que os sinais em análise contenham as informações). É interessante notar que tal conjunto de técnicas pode ser entendido como um modelo inverso do sistema que incorporou a informação em questão ao sinal sob análise. Assim, as funções do organismo associadas à informação extraída podem ser analisadas e explicadas à luz do modelo adotado para efetuar a extração da informação.

Genericamente, empregam-se modelos para explicar ou prever fenômenos de interesse em aplicações de diversas áreas da ciência. No entanto, embora de domínios distintos, existem alguns elementos particulares, comuns a tais modelos, dentre os quais: a magnitude aceitável do erro de modelagem, a quantidade de tempo para o desenvolvimento do modelo, a quantidade de dados e conhecimento disponível sobre o domínio da aplicação, a necessidade e possibilidade de se extrair conhecimento do modelo desenvolvido e a necessidade de adaptação do modelo às circunstâncias. Normalmente, uma aplicação requer a presença de vários desses elementos na criação de um modelo.

Um modelo que emprega apenas um tipo de técnica em sua concepção (nesse caso, técnicas de processamento de sinais) nem sempre consegue atender a todos os requisitos da aplicação. Nesses casos, recorre-se aos modelos que envolvem a

hibridação de diferentes técnicas aplicáveis à solução do problema. Com a hibridação pretende-se que a técnica resultante combine as características das técnicas componentes e que as características resultantes propiciem um modelo mais adequado a atender as necessidades da aplicação.

Basicamente, dois tipos de problemas são notados ao se adotar apenas uma técnica na concepção de um modelo: 1) inicialmente a técnica escolhida pode ser a ideal mas, à medida em que se trabalha na solução dos problemas da aplicação, surgem novas necessidades, as quais tal técnica não atende (as qualidades da técnica deixam de ser suficientes) e 2) nenhuma das técnicas aplicáveis é capaz de atender sozinho os requisitos da aplicação. Desse modo, argumenta-se que a combinação de uma ou mais técnicas poderia ser mais adequada à solução do problema. Por exemplo, em relação ao primeiro problema, a técnica híbrida poderia apresentar uma combinação de qualidades mais abrangente dentro domínio de aplicação. No tocante ao segundo problema ela poderia agrupar as qualidades suficientes à solução.

Por outro lado, não se pode ignorar que as deficiências das técnicas componentes também serão combinadas e estarão presentes na técnica resultante. Pode-se conjecturar que, na pior das hipóteses, a técnica resultante conterà todas as deficiências e nenhuma das qualidades das técnicas componentes. Basicamente, isso dependerá de como as técnicas são combinadas. Pode-se dizer que a simples escolha de técnicas com qualidades individuais otimizadas às necessidades da aplicação não garante que o processamento total seja eficiente, é necessário que a interação entre as técnicas também seja otimizada. Caso contrário, as técnicas constituintes poderão estar extraindo e propagando informações redundantes, tornando ineficiente a técnica híbrida. Dessa forma, normalmente é efetuada a hibridação de técnicas que possuem características complementares.

Ademais, ao se combinar técnicas para solucionar um determinado problema está-se, invariavelmente, aumentando a complexidade da solução. Logo, a concepção e uso de técnicas híbridas propiciam mais oportunidades de incorrer em erros do que as técnicas individuais. No entretanto, vários problemas reais são complexos, exigindo uma solução híbrida.

Nos últimos anos, tem-se notado, em função de publicações sobre o tema [6-11], um crescente interesse na adoção de soluções híbridas relacionadas ao processamento de informações [6]. Na literatura, esse objeto de estudo é tratado sob a denominação *Sistemas Híbridos Inteligentes* [6] ou, mais especificamente no caso da área de

inteligência artificial, como Paradigmas de Inteligência Artificial Híbridos [7]. Grande parte dessa literatura abarca, de alguma forma, paradigmas de inteligência artificial, como as RNAs, Lógica Difusa e Algoritmos Genéticos. Tal tendência talvez decorra do fato desses paradigmas apresentarem características visivelmente complementares.

As técnicas correspondentes a tais paradigmas não são as únicas disponíveis e passíveis de combinação. Na verdade, se forem observadas as soluções adotadas em diversos problemas de engenharia, constatar-se-á que elas envolvem alguma forma de combinação de técnicas. Tome-se por exemplo um simples canal de aquisição de sinais onde comumente são combinadas técnicas de leitura, de filtragem, de conversão analógico para digital e de outras formas de processamento. Outro exemplo são as etapas de processamento normalmente relacionadas à extração de informações de sinais biomédicos (Seção 2.2). A caracterização, a redução de dimensionalidade e a classificação das características, se efetuadas individualmente, formam um modelo para extração de informação baseado na hibridação de três técnicas.

Portanto, a hibridação de técnicas não é novidade. No entretanto, em função da crescente demanda por este tipo de solução, ela é abordada nesse trabalho de forma sistemática. Outrossim, no intuito de aumentar o conjunto de ferramentas disponíveis ao processamento de sinais biomédicos, a proposta bem como a análise das potencialidades de novas técnicas híbridas, em especial as que envolvem de alguma forma redes neurais artificiais, também são alvo de interesse. Esse interesse especial nas RNAs deve-se à flexibilidade e potencialidades dessa técnica que facilitam seu uso em diversas formas de hibridação.

De acordo com a exposição feita no capítulo anterior, existe um variado elenco de técnicas disponíveis para a concepção de técnicas híbridas de processamento de sinais. Em função do domínio de aplicação escolhido (Detecção de PTVs na análise de ECGAR), elegeram-se para este trabalho algumas técnicas específicas, restringindo-se as implementações a combinações de apenas quatro delas: as redes neurais artificiais, a transformada *wavelet*, a análise em componentes independentes e a promediação. Tal restrição tem por base o conhecimento disponível sobre as técnicas e sobre o domínio de aplicação, a quantidade de dados disponível, a necessidade de adaptação do modelo em função da variabilidade biológica dos objetos de estudo e o desejo de se obter novos conhecimentos a respeito do domínio de aplicação.

Cada uma dessas técnicas possui qualidades e deficiências, as quais atribuem a elas um certo grau de aplicabilidade na solução de problemas de processamento de

sinais biomédicos. Neste trabalho focalizam-se algumas dessas qualidades e deficiências, em especial as enumeradas a seguir: 1) as RNAs possibilitam um processamento não linear e adaptativo, todavia é difícil proceder-se a interpretação do processamento efetuado; 2) a transformada *wavelet* é capaz de analisar o sinal em bandas no domínio frequência ou em termos da semelhança com padrões escalonados e transladados denominados *wavelets*, mas existe a dificuldade em se escolher tais padrões e determinar quais os mais apropriados; 3) a promediação consegue filtrar o ruído aleatório presente em segmentos de sinais, mas não é eficiente no caso de sinais interferentes não aleatórios; 4) a análise em componentes independentes é capaz de decompor o sinal em suas componentes estatisticamente independentes, mas apresenta deficiências quando as misturas são não lineares ou convolutivas.

Neste capítulo são propostas combinações dessas técnicas; combinações que julgam-se interessantes para a aplicação analisada. Objetivando tais combinações, inicialmente são apresentadas na Seção 3.2 quatro formas gerais para a combinação de técnicas de processamento de sinais. Na Seção 3.3, relatam-se algumas combinações de técnicas de processamento de sinais encontradas na literatura relativas a aplicações na área biomédica. Em função das formas de hibridação apresentadas na Seção 3.2, são propostas na Seção 3.4 algumas hibridações possíveis, ressaltando-se suas qualidades e deficiências. Finalizando o capítulo, na Seção 3.5 são desenvolvidas as técnicas híbridas propostas e avaliadas neste trabalho.

3.2 Modelos Gerais para Hibridação

Segundo Ciaccio *et al.* [13] existe o dilema de como combinar as técnicas para efetuar eficientemente o processamento de sinais biomédicos. Em geral não existem orientações teóricas para a aplicação de técnicas específicas para tipos específicos de sinais. No entanto, na literatura envolvendo hibridação de técnicas [4,7,12,15,16,46,59,111,140-159], são verificados quatro paradigmas básicos para combinar duas técnicas de processamento. São eles: o modelo híbrido seqüencial, o modelo híbrido paralelo, o modelo híbrido auxiliar e o modelo híbrido encaestado. Outras técnicas híbridas podem ser descritas como combinação desses modelos básicos.

3.2.1 Modelo Híbrido Seqüencial

O modelo híbrido seqüencial é o mais simples e um dos preferidos nas

aplicações envolvendo o processamento de sinais. Nesse modelo de hibridação os resultados da primeira técnica são fornecidos como dados de entrada para a técnica seguinte, conforme mostra a Figura 3.1. Embora ocorra a hibridação das técnicas envolvidas, nesse modelo pode-se identificar e separar as técnicas constituintes, isto é, elas existem isoladamente no sistema. Outra característica desse modelo é a da técnica precedente colaborar para a performance da técnica procedente, mas em nada é influenciada por esta.

São vários os exemplos do uso desse modelo de hibridação. Normalmente, as aplicações que fazem uso dessa abordagem atribuem à técnica precedente a responsabilidade pelo “pré-processamento” dos dados, isto é, uma transformação necessária para melhorar a performance da técnica procedente. Como exemplos pode-se citar o uso de filtros “*anti-aliasing*” antes do processo de conversão analógico digital, técnicas estatísticas de normalização ou decorrelação de dados antes de fornecê-los a RNAs [15,142], técnicas de extração de características, de redução de dimensionalidade e de classificação em seqüência [4,12,16], filtragem antes de aplicar a ACI [111], etc.

De forma geral, o objetivo da técnica precedente é adequar os dados às necessidades da técnica procedente. Para otimizar tal adequação as técnicas podem ter seus parâmetros ajustados em decorrência de treinamento. Outrossim, o treinamento também pode ser empregado na otimização individual das técnicas. Para tanto pode-se empregar algoritmos de otimização como os empregados no treinamento de RNAs, abordados no capítulo anterior.

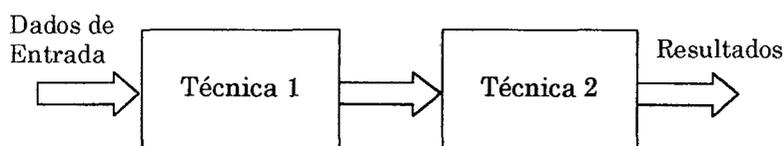


Figura 3.1 - Modelo para a hibridação seqüencial de técnicas de processamento de sinais.

3.2.2 Modelo Híbrido Paralelo

No modelo híbrido paralelo os resultados provenientes de duas técnicas são combinados para fornecer o resultado final, conforme mostra a Figura 3.2. Na verdade, se for considerada a técnica empregada para a combinação dos resultados, este modelo de hibridação envolve três técnicas. As técnicas que funcionam em paralelo podem processar dados advindos de um mesmo sinal ou de sinais diferentes, mas que contêm partículas da informação requerida. Em ambos os casos está-se

combinando diferentes projeções da informação requerida no intuito de recompô-la.

Da mesma forma que no modelo híbrido seqüencial, no modelo híbrido paralelo as técnicas constituintes existem isoladamente no sistema e também podem ser analisadas em separado. Pode-se dizer que a hibridação nesse modelo se dá no sentido de cooperação entre as técnicas constituintes. Elas não sofrem influência mútua, mas ambas influenciam o resultado final.

Nesse modelo de hibridação os parâmetros das técnicas envolvidas também podem ser ajustados para otimizar a interação entre elas. Normalmente, nessa configuração busca-se fazer com que as técnicas em paralelo não obtenham informações redundantes do ponto de vista da combinação efetuada. Exemplos dessa abordagem são a combinação linear dos resultados fornecidos por diversas técnicas de classificação [146,151], a combinação das saídas de RNAs com efetuam diferentes funções [150,152], a combinação lógica das respostas fornecidas por sistemas especialistas, etc.

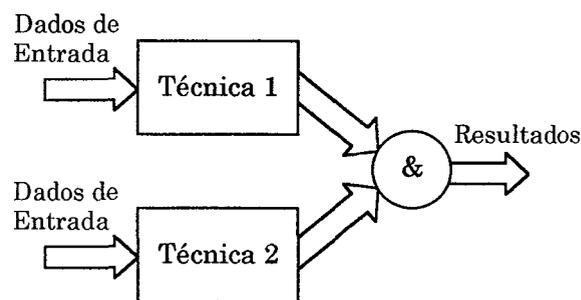


Figura 3.2 - Modelo para a hibridação paralela de técnicas de processamento de sinais.

3.2.3 Modelo Híbrido Auxiliar

Neste modelo de hibridação existe uma técnica principal que efetivamente fornece os resultados e uma técnica auxiliar. A técnica auxiliar recebe dados da técnica principal, processa-os e os devolve à técnica principal, conforme ilustra a Figura 3.3.

De forma similar aos modelos anteriores, nesse modelo também identificam-se as duas técnicas constituintes. No entanto, pode-se afirmar que a hibridação é mais intensa nesse modelo do que nos anteriores, isto é, a técnica auxiliar influencia diretamente a técnica principal e por ela é influenciada. Ademais, contrariamente aos casos anteriores, nessa abordagem a interação entre as técnicas visa primariamente a modificação das características das técnicas e não o processamento dos dados. Outrossim, nesse modelo os parâmetros das técnicas envolvidas também podem ser

ajustados mediante treinamento a fim de otimizar a técnica híbrida para a solução de um determinado problema.

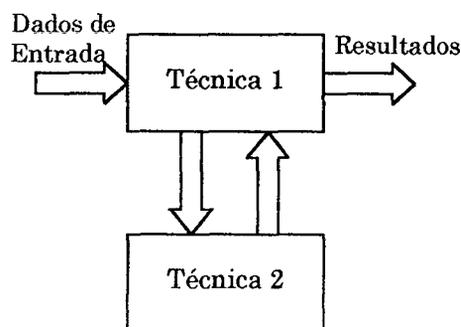


Figura 3.3 - Modelo para a hibridação auxiliar de técnicas de processamento de sinais.

Uma das aplicações desse modelo é a utilização da técnica auxiliar para modificar o comportamento da técnica principal em função de determinadas características dos dados de entrada. Para tanto, a técnica auxiliar pode, por exemplo, inicializar ou alterar parâmetros ou, ainda, ativar e desativar procedimentos da técnica principal. Exemplo desse modelo é o uso de RNAs como técnica auxiliar para selecionar saídas de outras RNAs (RNAs especialistas) [154], para determinar os parâmetros P, I, D de um controlador PID (proporcional, integral e derivativo) ou os pólos e zeros de um filtro [143], ou, ainda, o uso de algoritmos genéticos [59,153] ou da transformada *wavelet* como técnicas auxiliares para inicializarem os pesos sinápticos de uma RNA [155].

3.2.4 Modelo Híbrido Encastado

No modelo híbrido encastado uma das técnicas encontra-se embutida na outra, conforme mostra a Figura 3.4. Entre os modelos averiguados, esse é o que apresenta o maior grau de interação entre as técnicas. Normalmente, não é possível identificar as técnicas constituintes isoladamente na técnica híbrida. Por conseguinte a otimização ou treinamento de uma técnica envolve necessariamente a otimização da outra.

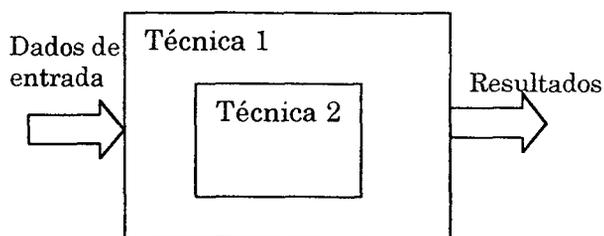


Figura 3.4 - Modelo para a hibridação encastada de técnicas de processamento de sinais.

Em geral esse modelo de hibridação envolve uma técnica que possui estrutura flexível podendo, assim, ter parte ou toda a sua estrutura servindo de substrato para outra técnica em particular. Um exemplo são as RNAs que podem ter parte de sua estrutura emulando uma lógica combinacional [7], uma lógica difusa [149], uma transformada *wavelet* [144], um filtro linear ou não linear [141], um sistema híbrido [143], etc.

3.3 Trabalhos Envolvendo Técnicas Híbridas

Nesta seção são relatados alguns trabalhos que inspiraram e embasaram o desenvolvimento das técnicas híbridas propostas na Seção 3.5. Focaliza-se o tipo de hibridação empregada, as técnicas envolvidas, os procedimentos de análise dos resultados e os relatos dos autores a respeito das qualidades e deficiências das técnicas.

Em decorrência de algumas das aplicações relatadas estarem relacionadas com a área de aplicação deste trabalho (a análise de ECG de alta resolução objetivando a detecção de potenciais tardios), eventualmente faz-se referência a termos específicos relacionados ao tema que se encontram detalhados no Capítulo 4.

3.3.1 Pré e Pós-Processamento em RNAs

Bishop [15], na obra *Neural Networks for Pattern Recognition*, defende o uso combinado de RNAs com outras técnicas de processamento objetivando melhorar a performance do processamento efetuado pela RNA. Para combinar RNAs e outras técnicas de processamento ele propõe uma estrutura de hibridação seqüencial, conforme mostra a Figura 3.5.

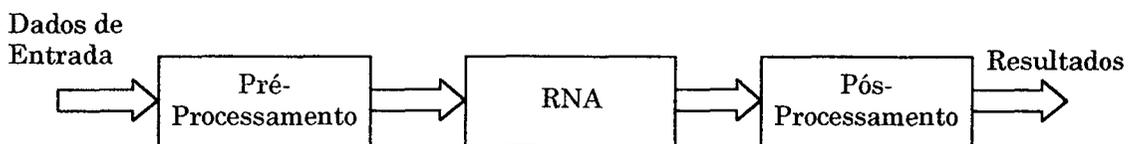


Figura 3.5 - Pré e Pós-processamento associado a RNAs.

Bishop [15] afirma que apesar de uma RNA poder mapear os dados de entrada diretamente nos valores de saída desejados (devido à RNA ser capaz de construir um mapa funcional não linear arbitrário), na prática, a não ser para problemas muito simples, isto leva a resultados insatisfatórios. Sustenta que a escolha apropriada do pré-processamento é um dos fatores mais significantes no tocante à performance final

do processamento e relata que se tem dado pouca ênfase a este tema.

Bishop [15] acrescenta também que a performance da RNA pode ser melhorada, através da incorporação de conhecimento a priori sobre o problema. Conhecimento este, que se refere a informações relevantes que podem ser utilizadas no desenvolvimento da solução e que são adicionais às informações contidas nos dados de treinamento da RNA. O conhecimento a priori pode ser incorporado na estrutura da RNA nas etapas de pré ou pós-processamento, ou ainda ser utilizado no processo de treinamento.

Como exemplos de pré-processamento, Bishop [15] cita a redução de dimensionalidade (PCA, discriminante linear de Fisher, RNA auto-associativa), a normalização das variáveis de entrada, a decorrelação entre as variáveis dos dados de entrada (*whitening*), o tratamento de valores faltantes nos dados de entrada (regressão em termos dos valores existentes) e transformações, buscando invariância a translação, rotação, etc.

3.3.2 Rede *Wavelet*

Dickhaus e Heinrich [140] propõem, com base no trabalho de Szu [144,145,160], uma hibridação seqüencial entre a transformada *wavelet* e uma RNA direta multicamadas, a qual denominaram de Rede *Wavelet*. A transformada *wavelet* é utilizada para extrair características a partir de um espaço de padrões de entrada de dimensão elevada. Tais características são utilizadas como entradas de uma RNA direta multicamadas, que funciona como classificador, conforme mostra a Figura 3.6.

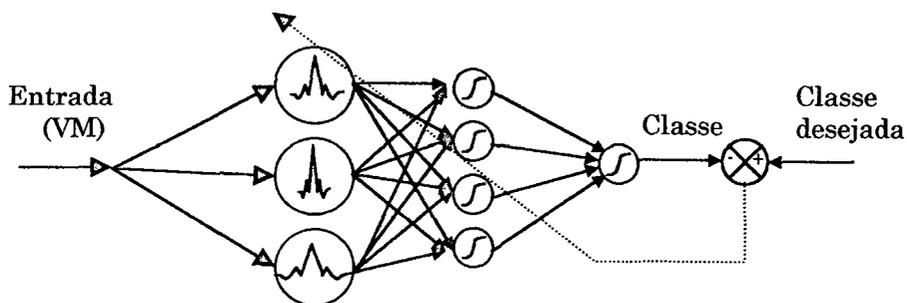


Figura 3.6 - Rede *Wavelet* proposta por Szu [160] e aperfeiçoada por Dickhaus e Heinrich [140].

Notando a alta sensibilidade das características em função dos parâmetros da transformada *wavelet*, Dickhaus e Heinrich [140] aperfeiçoaram o modelo de Rede *Wavelet* proposto por Szu *et al.* [160], estendendo o treinamento da RNA também aos parâmetros da transformada *wavelet*. Argumentam que a Rede *Wavelet* assim proposta combina aspectos da extração de características, estabelecidos pela

transformada *wavelet*, com a capacidade de decisão da RNA. Durante o treinamento, a técnica proposta não só procura por pesos sinápticos que implementem as funções de decisão necessárias à classificação, mas também procura pelas características mais apropriadas para tal.

Dickhaus e Heinrich [140] aplicam a Rede *Wavelet* para classificar sinais de ECGAR (como dados de entrada utilizam os vetores magnitude VM – valor absoluto de 3 registros - em direções ortogonais - de batimento cardíaco promediado) de pacientes normais e que apresentam potenciais tardios. Utilizando a *wavelet* de Morlet, valeram-se de conhecimento a priori a respeito da posição temporal, duração e conteúdo freqüencial das deflexões relativas aos potenciais tardios para inicializar os parâmetros escala, translação e freqüência das *wavelets*.

Nesta aplicação Dickhaus e Heinrich [140] utilizaram três grupos de pacientes (normais (GN), com VT estabelecido (G1) e sobreviventes (G2) a um infarto) e treinaram duas Redes *Wavelets* para separar o grupo G1 de GN e o grupo G2 de GN. Depois de treinadas notaram que os parâmetros das *wavelets*, de cada rede, convergiram para valores levemente diferentes, mas próximos aos valores de inicialização. Argumentam que tal diferença na escala, translação e freqüência seria indicativo das diferenças entre os grupos G1 e G2.

É interessante notar que as saídas da transformada *wavelet*, utilizadas como características para o classificador, não são as características empregadas para caracterizar os Grupos G1 e G2. Para isso são utilizados os parâmetros escala, translação e freqüência da técnica híbrida, ou seja, os parâmetros da técnica híbrida são empregados para caracterizar grupos com um determinado tipo de patologia.

Dickhaus e Heinrich [140] sugerem também que outras características como sexo, idade, etc., sejam utilizadas como entradas adicionais para a RNA classificadora e que a topologia de Rede *Wavelet* seja a mais simples possível, argumentando que isto seria o suficiente para muitas aplicações e tornaria mais simples a análise dos resultados. Por fim, relatam que a inicialização dos parâmetros, especialmente os das *wavelets*, é um fator importante para o sucesso da convergência na fase do treinamento.

3.3.3 Combinação de RNA direta com RNA de Kohonen (MAO)

Em seu trabalho, Xue e Reddy [147] implementam uma hibridação seqüencial e paralela entre uma RNA de Kohonen (mapa auto-organizável), técnicas de extração de

características morfológicas e uma RNA direta. O objetivo é o mesmo da aplicação anterior, classificar sinais de ECGAR de pacientes com e sem potenciais tardios.

Nessa aplicação, eles utilizam a rede de Kohonen para organizar por semelhança grupos de segmentos (últimos 40 ms) dos VMs obtidos a partir do ECGAR. Uma RNA direta multicamadas é empregada para efetuar a classificação e recebe como entradas o grupo determinado pela rede de Kohonen e características morfológicas tradicionalmente extraídas do vetor magnitude (RMS_{40} , $QRSd$, $t_{<40}$). A Figura 3.7 ilustra a implementação híbrida feita por Xue e Reddy [147].

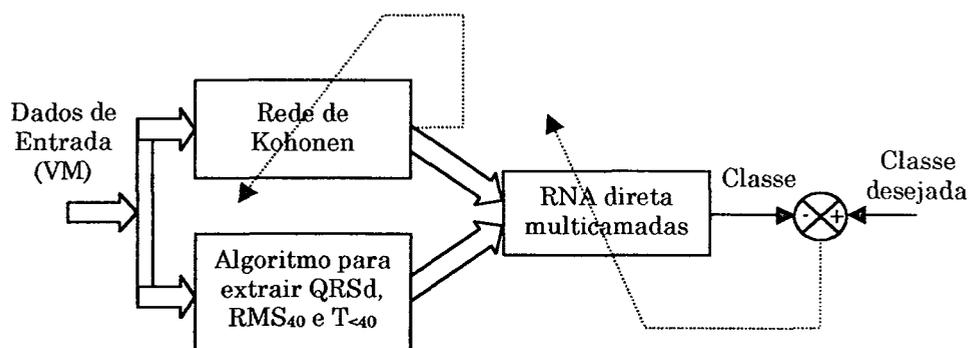


Figura 3.7 - Híbridação de RNAs com técnicas algorítmicas proposta por Xue e Reddy [147].

Um dos pontos interessantes desse trabalho é a interpretação dada às saídas dos neurônios da camada escondida da RNA direta. Xue e Reddy [147] interpretam as saídas dos neurônios de uma camada escondida como características morfológicas do sinal apresentado como dado de entrada. A transformação efetuada pelas camadas da RNA precedentes à analisada é vista como um processo similar à seleção e extração de características efetuada por outras técnicas como, por exemplo, as técnicas estatísticas. A diferença é que no caso da RNA a extração de características é feita automaticamente sem interação com o operador, como ocorre na abordagem tradicional. No entanto, as características extraídas pela camada escondida da RNA não possuem significado passível de interpretação.

Em um primeiro teste onde os vetores magnitude foram classificados unicamente por uma RNA direta multicamadas, Xue e Reddy [147] observaram que a distância euclidiana entre os casos com e sem potenciais tardios, determinada pelas características extraídas pela RNA, foi superior à distância euclidiana determinada pelos dados de entrada da RNA. Essa distância aumentou quando acrescentaram a rede de Kohonen para pré-processar os vetores magnitude.

Argumentando que as características extraídas pela RNA direta representavam apenas características locais do VM (foram utilizados apenas os

últimos 40ms), Xue e Reddy [147] combinaram-nas com as características morfológicas tradicionais extraídas do VM (RMS₄₀, QRSd, t_{<40}). A justificativa para tal foi que combinando essas características (locais e globais) um conjunto acabaria compensando as deficiências do outro e a classificação seria mais exata.

3.3.4 Combinação de Filtros Recorrentes e RNAs

No trabalho “*Approximation of Hybrid Systems by Neural Networks*” Back e Chen [143], ao mostrarem que as RNAs recorrentes são capazes de aproximar tão bem quanto desejado qualquer sistema híbrido (sistemas compostos de sub-sistemas contínuos e discretos), apresentam um exemplo de hibridação auxiliar entre um filtro recursivo linear e uma RNA direta multicamadas. No exemplo, a técnica principal é um filtro linear do tipo IIR (*infinite impulse response*) e a RNA opera como técnica auxiliar determinando os pólos e zeros do filtro [161].

Em função dos pólos e zeros serem as saídas de uma RNA multicamadas com função de ativação do tipo tangente hiperbólica, os pólos e zeros do filtro sempre estarão dentro do círculo de raio unitário e, por conseguinte, a estabilidade do filtro é garantida. Combinando as características de um filtro IIR linear com as de uma RNA direta, os autores obtêm um filtro adaptativo, estável, com resposta infinita ao impulso e com características não lineares. A estrutura do filtro proposto é apresentada na Figura 3.8.

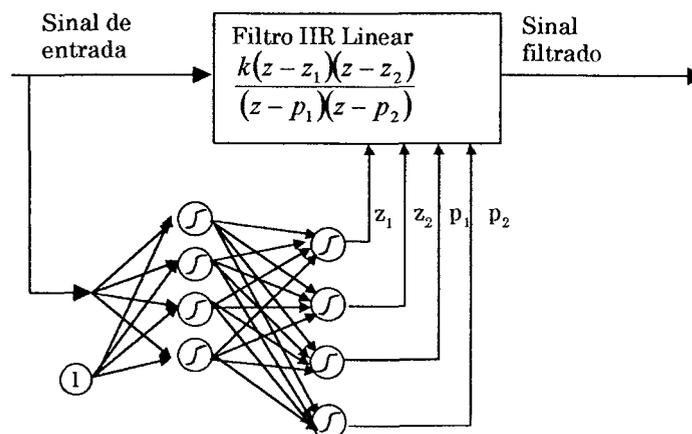


Figura 3.8 - Exemplo de hibridação auxiliar entre um filtro IIR e uma RNA direta multicamadas.

3.4 Possíveis Técnicas Híbridas

Os modelos de hibridação apresentados na Seção 3.2 permitem o

desenvolvimento de uma série de combinações entre técnicas de processamento de sinais. Nesta seção são sugeridas e discutidas algumas hibridações que podem ser úteis em aplicações relativas ao processamento de sinais biomédicos.

3.4.1 Hibridação Seqüencial e Encastoadada entre Transformadas e RNAs

Em várias aplicações as transformadas são empregadas para extração de características de sinais biomédicos. Em geral, o objetivo destas transformações é realçar alguma característica relevante do sinal em detrimento das irrelevantes. Em geral, os coeficientes (saídas) fornecidos pelas transformadas são utilizados como características do sinal e, para fins de classificação, escolhem-se os que melhor diferenciam as classes às quais os sinais pertencem.

Apresentam-se nesta seção alguns exemplos de hibridação seqüencial entre alguns tipos de transformadas e um classificador implementado com uma RNA direta multicamadas (neurônios com função de ativação do tipo tangente hiperbólica). Todavia, outros modelos de RNA podem ser empregados. Adicionalmente, em função da forma aproximada de se obter os coeficientes de tais transformadas, mostra-se a implementação dessas transformadas em uma topologia de RNA direta multicamadas, caracterizando uma hibridação encastoadada. Na verdade, essa abordagem é a generalização da Rede *Wavelet*, proposta por Szu *et al.* [160] e aperfeiçoada por Dickhaus e Heinrich [140], discutida na Seção 3.3.2. Na Figura 3.9 apresenta-se a estrutura geral dessa hibridação.

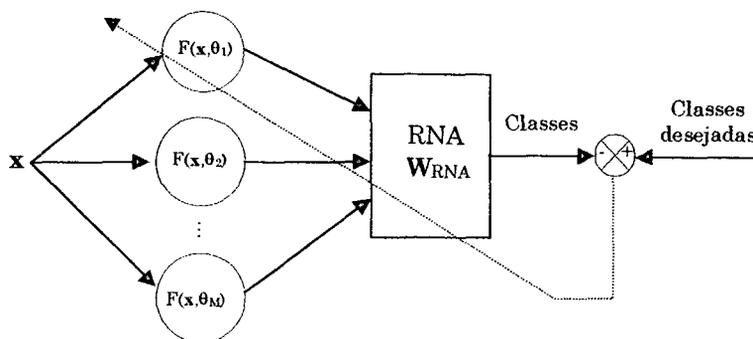


Figura 3.9 - Hibridação seqüencial entre uma transformada genérica e uma RNA.

Na Figura 3.9 cada coeficiente gerado pela transformada é calculado em um nodo. Genericamente, cada nodo Nd_m é caracterizado por um operador F parametrizado por um vetor de parâmetros θ_m e tem como entrada o vetor x com as amostras $x_n = x(t_n = nT)$ ($n \in \mathbb{Z}$ e $T \in \mathbb{R}$) do sinal (ou segmento do sinal) a ser transformado,

de modo que:

$$c_m = F(\mathbf{x}; \theta_m) \quad (3.1)$$

Em particular, para algumas transformadas o operador F resume-se a um operador de correlação. Entre tais transformadas pode-se citar: as transformadas seno e cosseno, a transformada de Fourier, a transformada de Hartley, a transformada de Mellin, a transformada de Hilbert, a transformada de Fourier de curtos segmentos de sinal (*short-time Fourier Transform*), a distribuição de Wigner e a transformada *Wavelet*. Nas versões discretas dessas transformadas, os coeficientes c_m são dados por:

$$c_m = \sum_{t_0}^{t_N} x(t_n) \gamma(\theta_m; t_n) \quad (3.2)$$

onde γ é a função característica que determina a base de funções da transformada.

Em aplicações práticas os limites t_0 e t_N são valores finitos e a Equação 3.2 é empregada para fornecer valores aproximados para os coeficientes c_m . Nesse caso, o cálculo dos coeficientes pode ser representado por um produto matricial, tal que:

$$\mathbf{c} = \mathbf{W}\mathbf{x} \quad (3.3)$$

onde \mathbf{c} é o vetor coluna dos coeficientes c_m , \mathbf{x} é o vetor coluna contendo as amostras $x_n=x(t_n)$ do sinal e a matriz \mathbf{W} é determinada pela transformada, sendo formada por elementos:

$$w_{nm} = \gamma(\theta_m; t_n) \quad (3.4)$$

As transformadas representadas pela Equação 3.3, podem ser implementadas em uma estrutura de RNA direta multicamadas, conforme pode ser observado ao se comparar a Equação 3.3 com as equações que descrevem tal RNA (Seção 2.5.4). Portanto, as transformadas que podem ser representadas pela Equação 3.3, mesmo que de forma aproximada, são passíveis de uma hibridação encaستada com RNAs diretas multicamadas.

Algumas vantagens de se proceder essa hibridação são: a possibilidade de se aproveitar as estruturas de implementação em hardware das RNA para proceder tais transformadas; a possibilidade de se adaptar os parâmetros θ_m , tornando automática a seleção dos melhores coeficientes utilizados para caracterizar um sinal e a possibilidade de se interpretar o processamento realizado, pelo menos, por parte da RNA. Entre as deficiências pode-se citar o aumento da complexidade no algoritmo de treinamento da RNA e a necessidade, por vezes, de se incluir neurônios com funções de ativação diferentes na mesma estrutura de RNA, possivelmente tornando mais complexa a implementação em hardware.

Para ilustrar essa proposta apresenta-se a seguir o desenvolvimento da hibridação entre a transformada de Fourier e um classificador baseado em RNA, sendo que a transformada discreta de Fourier é implementada mediante a hibridação encastoadada da transformada discreta de Fourier com uma RNA direta multicamadas. Essa Rede, além de classificar os sinais de entrada, possibilita avaliar quais as componentes espectrais que diferenciam uma classe de sinais de outra.

Para a transformada discreta de Fourier têm-se: $\theta_m = [\omega_m]$ e $\gamma = e^{j\omega_m t_n}$. Logo, de acordo com a Equação 3.4, o cálculo do módulo do coeficiente c_m pode ser representado pela RNA direta apresentada na Figura 3.10. Caso fosse desejado utilizar a fase do coeficiente c_m como característica para o classificador, trocar-se-iam as funções de ativação dos neurônios, tal que, a saída da RNA fosse o arco tangente da razão entre as entradas dos neurônios da camada intermediária. Não obstante poder-se-ia fornecer ambas as informações, módulo e fase, ao classificador, ou simplesmente a parte real e complexa de c_m .

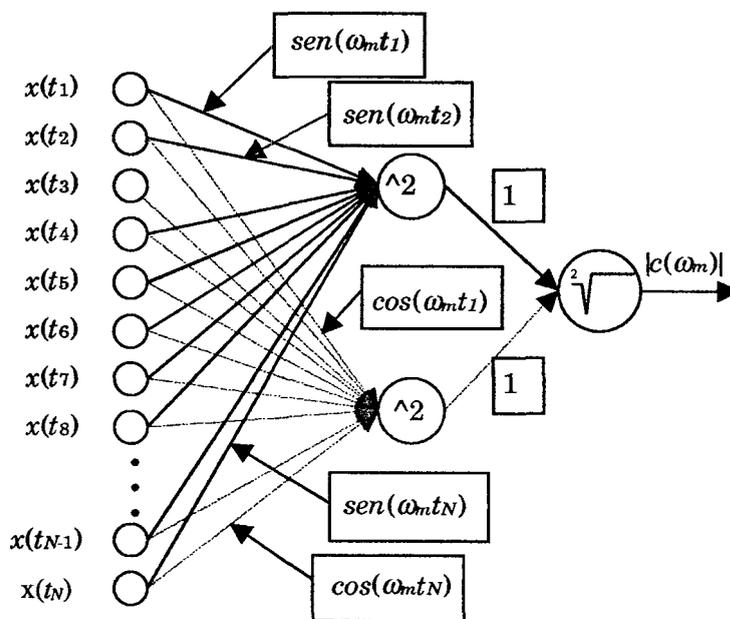


Figura 3.10 - RNA para o cálculo do módulo de um coeficiente da transformada de Fourier.

Ao se empregar os coeficientes da transformada de Fourier para distinguir sinais pertencentes a classes diferentes, calculam-se os coeficientes correspondentes a um conjunto de frequências onde julga-se que possam existir diferenças espectrais entre os sinais pertencentes a cada classe. Em seguida utilizam-se todos os coeficientes ou um subconjunto deles para proceder a classificação e/ou o projeto do classificador. No entanto, a utilização de um número elevado de coeficientes pode ser desnecessária, ineficiente e tornar difícil a observação das diferenças entre os sinais

que pertencem a cada classe.

Por outro lado, na proposta híbrida apresentada na Figura 3.9, os coeficientes da transformada discreta de Fourier são calculados apenas para M frequências $\{\omega_1, \omega_2, \dots, \omega_m, \dots, \omega_M\}$, sendo que tais frequências podem ser determinadas automaticamente e simultaneamente ao treinamento efetuado para otimizar os pesos sinápticos da RNA classificadora. Assim, essa abordagem propicia a redução da dimensionalidade do espaço de características, pois a técnica busca pelas componentes espectrais mais apropriadas para distinguir uma classe de sinais da outra. Um exemplo da estrutura dessa técnica híbrida, que se poderia denominar de Rede Fourier, é apresentada na Figura 3.11. Nessa, cada nodo de Fourier corresponde à RNA apresentada na Figura 3.10.

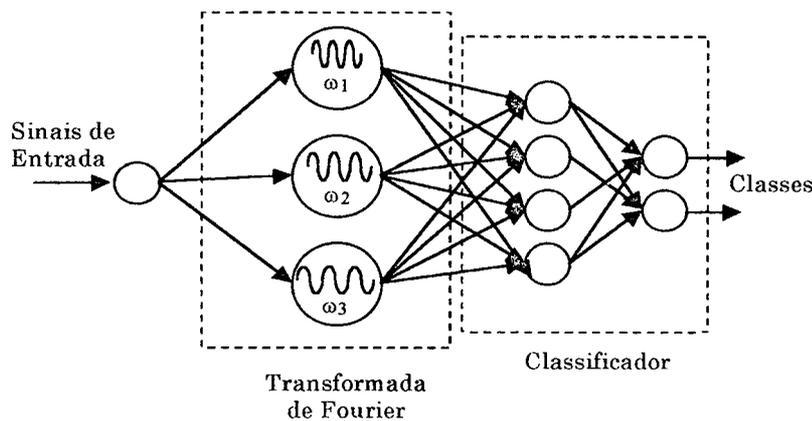


Figura 3.11 - Rede Fourier - Híbridação entre a transformada de Fourier e uma RNA direta multicamadas.

Neste exemplo, assume-se que a RNA classificadora possui neurônios com função de ativação do tipo tangente hiperbólica, L camadas e J_l neurônios na camada l . Essa RNA classifica P características do sinal dadas pelos módulos dos coeficientes da transformada discreta de Fourier. Assim, as saídas dos nodos de Fourier são dadas por:

$$o_m = |c(\omega_m)| = \sqrt{r_m^2 + q_m^2} \quad (3.5)$$

onde:

$$r_m = \sum_{n=1}^N x_n \cos(\omega_m t_n) \quad (3.6)$$

$$q_m = \sum_{n=1}^N x_n \sin(\omega_m t_n) \quad (3.7)$$

No tocante à RNA classificadora, as saídas dos neurônios da camada l são

determinadas pela Equação 3.8.

$$z_i^l = \tanh\left(\sum_{j=1}^{J_{l-1}} w_{ij} z_j^{l-1}\right) \quad (3.8)$$

Para otimizar a técnica, os pesos sinápticos da RNA classificadora e os parâmetros ω_n da transformada são ajustados através do treinamento da rede. Para tanto pode-se minimizar o erro médio quadrático da classificação da rede (Equação 2.9) empregando-se, por exemplo, um algoritmo com base em gradiente descendente (Seção 2.5.7). Dessa forma, sendo dado o conjunto de padrões de treinamento $\mathcal{S}=\{(\mathbf{x}_1, \mathbf{y}_1), (\mathbf{x}_2, \mathbf{y}_2), \dots, (\mathbf{x}_p, \mathbf{y}_p)\}$, os pesos sinápticos da RNA classificadora são ajustados de acordo com a Equação 2.11. Nessa, tem-se:

$$\frac{\partial E}{\partial w_{ij}^l} = \delta_i^l z_j^{l-1} \quad (3.9)$$

onde

$$\delta_i^L = \left(1 - (z_i^L)^2\right) (y_i - z_i^L) \quad (3.10)$$

para a camada de saída, e

$$\delta_j^{l-1} = \left(1 - (z_j^{l-1})^2\right) \sum_{i=1}^{J_l} \delta_i^l w_{ij}^l \quad (3.11)$$

para as demais camadas.

Os pesos sinápticos relativos aos neurônios que efetuam a transformada discreta de Fourier são estabelecidos pelos parâmetros ω_m determinados pela Equação 3.4. Empregando-se a regra da cadeia, obtêm-se o termo de ajuste para ω_m , conforme segue:

$$\frac{\partial E}{\partial \omega_m} = \frac{\partial o_m}{\partial \omega_m} \sum_{i=1}^{J_1} \delta_i^1 w_{mi} \quad (3.12)$$

$$\frac{\partial E}{\partial \omega_m} = \frac{1}{o_m} \left\{ \sum_{n=1}^N x_n t_n [-r_m \text{sen}(\omega_m t_n) + q_m \text{cos}(\omega_m t_n)] \right\} \sum_{i=1}^{J_1} \delta_i^1 w_{mi} \quad (3.13)$$

Em alguns experimentos efetuados com essa rede foi verificado que ela é bastante sensível¹ ao nível de ruído presente nos sinais a serem classificados. Isso se justifica visto que o ruído presente nos sinais aumenta a quantidade de máximos e mínimos no espectro em frequência do sinal, o que acaba por aumentar o número de mínimos locais da função custo. Contudo, o nível desses mínimos está associado à

¹ Sensível em termos do índice de acerto da classificação.

amplitude do ruído. Para evitar que o treinamento convergisse, ou ficasse preso, em tais mínimos acrescentou-se uma parcela de ruído ao ajuste das frequências ω_m [15], melhorando os índices de acerto da rede.

Além das transformadas citadas, existem outras que também podem ser representadas pela Equação 3.3. Uma delas é a transformada de Karlunen Loeve (análise em componentes principais - ACP). Nesse caso, os elementos da matriz \mathbf{W} são adaptados de forma independente ao ajuste dos pesos sinápticos da RNA classificadora. Para tanto são empregados algoritmos de treinamento não supervisionados como os apresentados em [46] e [162].

3.4.2 Hibridação Paralela entre Transformadas

Na abordagem discutida na Seção 3.4.1 explorou-se o uso de uma determinada transformada em conjunto com uma RNA classificadora. Todavia, qual transformada empregar depende das características do sinal e de quais características o especialista está interessado em extrair. Por outro lado, quando tal escolha é passível de dúvida, a concepção híbrida permite o uso em conjunto de mais de uma transformada, ou seja, a estrutura proposta na Figura 3.9 pode ser expandida para ter-se alguns nodos relativos a uma transformada e outros relativos a outra transformada, conforme mostra a Figura 3.12.

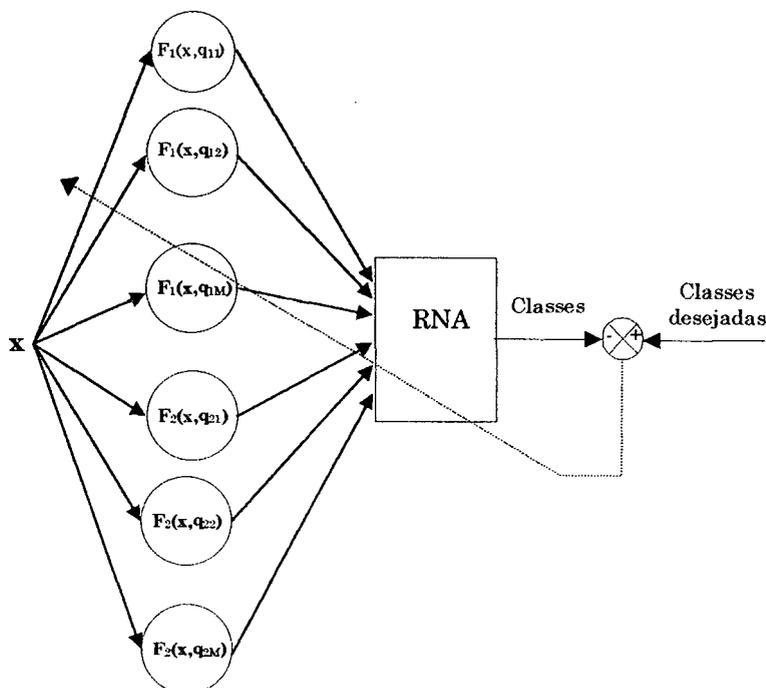


Figura 3.12 - Exemplo da hibridação paralela sequencial entre transformadas e RNA.

Essa abordagem leva a uma hibridação paralela entre transformadas, que em grupo formam um híbrido seqüencial com a RNA classificadora. Da mesma forma que no caso abordado na Seção 3.4.1, os parâmetros dessas transformadas podem ser otimizados em função do processo de classificação. Após o treinamento, o especialista pode interpretar os coeficientes e parâmetros de cada nodo em função das características e propriedades da transformada empregada.

3.4.3 Hibridação entre ACI e RNAs

Ressalta-se, inicialmente, que a ACI ocorre natural e implicitamente nas RNAs diretas multicamadas com treinamento supervisionado. No entretanto, devido à estrutura distribuída da RNA, em geral não se identifica a ACI entre as operações efetuadas pela RNA. Por outro lado, nota-se que as RNAs apresentam certa imunidade a ruído e informações errôneas.

Em parte tal imunidade pode ser explicada pelo cancelamento de componentes das variáveis de entrada que são estatisticamente independentes das variáveis de saída desejadas. Dessa forma, se a contaminação das variáveis de entrada obedecer uma determinada estrutura fixa, a RNA pode “identificar essa estrutura” (durante o treinamento) e cancelar tal contaminação, transformando, efetivamente, apenas as componentes das variáveis de entrada relacionadas com as variáveis de saída desejadas.

Esse cancelamento de componentes independentes evidencia-se, por exemplo, quando todos os pesos sinápticos associados à saída de um neurônio convergem para valor nulo durante o treinamento. Todavia, em geral o cancelamento ocorre de forma distribuída e/ou parcial tornando-se difícil sua observação.

Para exemplificar essa situação tome-se o seguinte caso: sejam s e η variáveis estatisticamente independentes, $x_1 = a_{11}s + a_{12}\eta$ e $x_2 = a_{21}s + a_{22}\eta$ variáveis observáveis utilizadas como padrões de entrada em um classificador implementado com uma RNA direta multicamadas e y a variável de saída desejada da RNA, relacionada apenas com a variável s (η é uma componente interferente), ou seja, $y=f(s)$. Durante o treinamento da RNA, uma possível solução consiste em uma composição de pesos sinápticos na camada de entrada que combine as variáveis x_1 e x_2 de modo a cancelar a componente η , ou seja, $w_{11}x_1 + w_{12}x_2 = w_{0s}$. Dessa forma, as demais camadas da RNA procuram aproximar a função f . Por outro lado essa não é a única solução, o cancelamento poderia ocorrer na segunda ou ainda nas outras camadas da RNA.

Outrossim, a forma de cancelamento efetuada pela RNA depende de como as componentes interferentes se associam às variáveis de interesse, ou ainda, às variáveis de saída desejadas.

A hibridação seqüencial entre a ACI e uma RNA direta multicamadas (empregada para classificação ou para efetuar qualquer outro mapa de transformação) pode aliviar a RNA da tarefa de cancelar as componentes estatisticamente independentes do problema em foco. Isso, possivelmente resulta na redução da dimensionalidade das variáveis de entrada da RNA, na simplificação do aprendizado da RNA (possivelmente existirão menos mínimos locais) e na redução da complexidade estrutural necessária à RNA [103]. O diagrama dessa proposta de hibridação é apresentado na Figura 3.13.

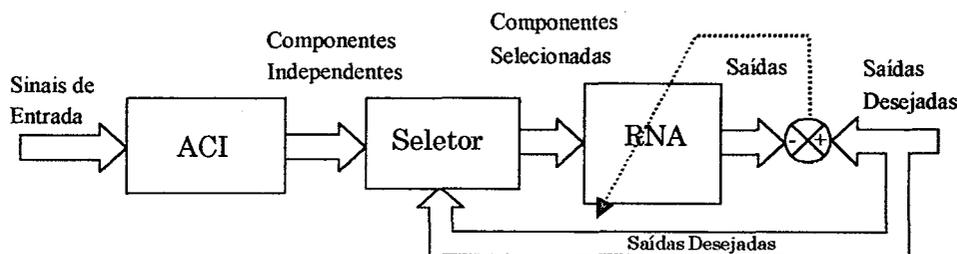


Figura 3.13 - Hibridação seqüencial entre ACI e seletor de variáveis e RNA.

Decompor as variáveis de entrada em suas componentes estatisticamente independentes auxilia o treinamento da RNA, pois é esperado que nessas condições os pesos sinápticos relativos às componentes que não se relacionam com as variáveis de saída desejadas converjam para zero durante o treinamento. Nesse caso, a RNA procede a seleção das componentes relevantes bem como suas transformações nas variáveis de saída desejadas.

No entanto, a RNA também pode ser aliviada da tarefa de seleção se for implementada a hibridação seqüencial da ACI com uma técnica de seleção baseada na dependência estatística entre as componentes fornecidas pela ACI e as variáveis de saída desejadas. Essa técnica, descrita por Back e Cichocki [103], se baseia em descartar (com base em um limiar estabelecido pelo especialista) as componentes das quais as variáveis de saída desejadas apresentem baixa dependência estatística. Como medida de independência estatística Back e Cichocki [103] sugerem o uso da informação mútua (Equação 2.45) entre as componentes dadas pela ACI e as variáveis de saída desejadas.

3.5 Técnicas Híbridas Propostas

Nesta seção apresentam-se as propostas de técnicas híbridas desenvolvidas e avaliadas neste trabalho. Inicialmente propõe-se a hibridação seqüencial entre a Análise em Componentes Independentes (ACI) e a Promediação. Nessa proposta, objetiva-se que a ACI pré-processe os sinais de modo que sejam fornecidos à etapa de promediação sinais mais apropriados às suas características de processamento.

A segunda proposta trata da hibridação auxiliar entre a transformada *wavelet* e uma RNA direta multicamadas e a hibridação seqüencial da resultante com outra RNA direta multicamadas operando como classificador. O objetivo dessa hibridação é o mesmo da rede *Wavelet* empregada por Dickhaus e Heinrich [140], isto é, obter uma técnica de classificação capaz de extrair automaticamente as melhores características dos sinais pertencentes a uma classe para efetuar a classificação. No entanto, a proposta apresentada nessa seção se diferencia da rede *Wavelet* por poder extrair de cada sinal, grupo ou classe de sinais as melhores características para a classificação.

3.5.1 Hibridação Seqüencial entre ACI e Promediação

Em geral todas as etapas do processamento lidam com ruído e informações irrelevantes. Essas etapas visam enfatizar as informações relevantes mediante alguma representação dos sinais que seja mais favorável para este fim. A promediação procura remover as informações irrelevantes tomando como base que os eventos presentes nos sinais, relativos a tais informações, são estatisticamente independentes dos eventos relativos às informações relevantes. Ademais, a promediação fundamenta-se na repetição dos eventos de interesse.

Para que a promediação ocorra de forma eficiente é necessário que os eventos que servem de sincronismo para a detecção da informação de interesse não estejam mascarados e que os segmentos de sinal em torno desses eventos possam ser alinhados com a maior exatidão possível. Todavia, tal condição nem sempre é conseguida ao se trabalhar com sinais biomédicos, pois vários artefatos acabam por deteriorar os eventos utilizados para efetuar o alinhamento dos segmentos.

A hibridação proposta nessa seção visa preparar os sinais a serem enviados à etapa de promediação de modo que ela ocorra eficientemente. Essa preparação é realizada com a ACI, cuja função é decompor o sinal de entrada em suas componentes estatisticamente. Partindo-se da hipótese que a informação requerida está vinculada a apenas uma dessas componentes, as demais componentes dizem respeito a

informações irrelevantes. Desse modo, descartando as componentes irrelevantes obtém-se um sinal onde os eventos de interesse são ressaltados.

A utilização da ACI para remover artefatos de sinais biomédicos tem sido proposta em alguns trabalhos. Em geral esses trabalhos visam verificar a capacidade da ACI em separar alguns tipos de artefatos dos sinais observados e também preservar as informações relevantes para as aplicações específicas. Por exemplo, em [108], [163] e [164] Wisbeck e Ojeda investigam o uso da ACI para remover artefatos oriundos da rede elétrica de sinais de ECG; em [165] Wisbeck, Barros e Ojeda verificam o uso da ACI para remover artefatos de respiração de sinais de ECG, em [104], [106] e [105] Vigário *et al.* bem como Jung *et al.* investigam o uso da ACI para remover artefatos em sinais eletroencefalográficos (EEG) e magnetoencefalográficos (MEG) e em [166] Knuth discute algumas dificuldades da ACI em remover artefatos de sinais de EEG e MEG.

Com relação a sinais quase periódicos, em princípio, tanto a hibridação quanto a promediação poderiam remover as mesmas informações irrelevantes, contudo ambas as técnicas possuem suas limitações quanto a isso. Para a promediação eliminar as informações irrelevantes é necessário que os sinais interferentes sejam descorrelacionados entre os segmentos promediados e que exista um perfeito alinhamento temporal (relativo ao sinal de interesse) entre tais segmentos. Todavia, esse alinhamento é prejudicado pela presença do ruído e a condição de descorrelação não se verifica para alguns sinais interferentes. No tocante a ACI, atualmente, para que ela efetue eficientemente a decomposição de um sinal é necessário que ele resulte de uma mistura linear e instantânea dos sinais componentes. Na prática isso raramente ocorre.

Portanto, nenhuma das técnicas é suficiente para resolver o problema. Assim, pretende-se que a ACI seja capaz de remover pelo menos uma parcela do ruído, facilitando a detecção e melhorando a exatidão do alinhamento dos segmentos do sinal na etapa de promediação. A Figura 3.14 mostra o diagrama dessa técnica.

Para aplicar a ACI é necessário que se obtenham amostras dos sinais misturados, de forma que esses sinais contenham em si a informação a respeito dos sinais originais (componentes estatisticamente independentes) e do sistema que efetuou a mistura. A ACI busca por ambas as informações, contudo, para este trabalho, apenas as componentes independentes são de interesse. Tendo a ACI obtido tais componentes, o especialista (ou algum sistema automático) deve identificar qual

(ou quais) delas está relacionada com a informação requerida. Genericamente essa tarefa pode ser bastante complexa, porém, em se tratando de distinguir sinais biomédicos quase periódicos de artefatos, esta tarefa em geral não apresenta dificuldades.

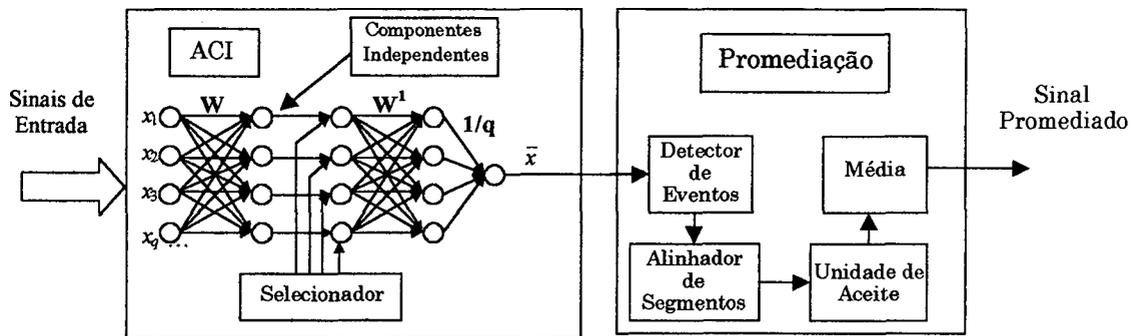


Figura 3.14 - Hibridação sequencial entre ACI e Promediação.

Nessa abordagem o treinamento é realizado unicamente para determinar os pesos sinápticos W da ACI, não existindo otimização adicional da interação entre as duas técnicas. Se os sinais de entrada puderem ser modelados por uma mistura ponderada, linear e instantânea do sinal de interesse com os demais sinais interferentes (sinais estatisticamente independentes do sinal de interesse e que não contêm nenhuma informação útil para a investigação), qualquer dos algoritmos abordados na Seção 2.7.6 pode ser empregado para determinar a matriz W . Caso contrário, é necessário se empregar algoritmos que considerem modelos de mistura mais complexos, envolvendo operações não lineares e convolutivas [94-98,167].

A decomposição de um sinal em suas componentes estatisticamente independentes não apresenta solução única (especificamente em termos das formas de onda dos sinais originais) ao se considerar transformações não lineares e convolutivas. Deve-se ter em mente que a ACI procura recuperar os sinais originais e o sistema de mistura que em conjunto produziram os sinais observados.

Embora nos últimos anos alguns esforços tenham sido efetuados no sentido de resolver o problema de misturas não lineares e convolutivas, apenas recentemente foi criado um algoritmo que apresentou resultados promissores nesse sentido. Lappalainen *et al.* [101,168] propuseram um algoritmo para a ACI, baseado em uma estrutura de RNA direta multicamadas. Nessa abordagem, Lappalainen *et al.* [101,168] procuram pelo mapa não linear e pelos sinais que apresentam a maior probabilidade de terem gerado os sinais observados. No entanto, em decorrência da novidade dessa proposta ela não é avahada neste trabalho.

A hipótese de que a mistura dos sinais presentes em um organismo vivo ocorra de forma linear e instantânea é bastante improvável. No entanto, essa abordagem pode ser tomada como uma aproximação inicial da situação real. Por outro lado, pode-se conjecturar que exista alguma configuração particular para a leitura de sinais na qual os sinais se aproximem de tal modelo de mistura. Isso permitiria o uso dos algoritmos existentes para, pelo menos, remover parcialmente os sinais interferentes. Se essa hipótese se comprovar, pode-se dizer que em tal configuração as transformações não lineares impostas aos sinais não são severas, e portanto esse seria um bom ponto de partida para se obter resultados ainda melhores ao se empregar, futuramente, o algoritmo desenvolvido por Lappalainen *et al.* [101,168].

Para verificar os ganhos e limitações da hibridação entre ACI e promediação, no Capítulo 5 essa proposta é apropriada e aplicada ao processamento de sinais de ECG de Alta Resolução. As investigações procuram averiguar quanto de informação irrelevante pode ser removida com a ACI e qual o ganho na performance da Promediação em termos do aumento da correlação entre os batimentos cardíacos após o processamento com a ACI.

3.5.2 Hibridação Auxiliar e Seqüencial entre a Transformada *Wavelet* e RNAs

A proposta de hibridação apresentada nessa seção é inspirada na Rede *Wavelet* discutida na Seção 3.3.2 e nas características da hibridação auxiliar. A transformada *wavelet*, bem como outras, opera uma projeção linear do sinal em uma base não necessariamente ortogonal. Quando essa transformada é empregada para extrair características de uma determinada classe de sinais, espera-se que esses sinais possuam projeções semelhantes nas direções dadas por alguns vetores (funções) da base. A Rede *Wavelet* procura por essas projeções durante o processo de treinamento, mas não informa se existe alguma relação entre essas projeções. Em princípio, a Rede *Wavelet* informa que os sinais pertencentes à classe possuem projeções similares em determinadas direções. Na verdade, se forem empregados vários nodos na transformada pode-se investigar a relação entre os parâmetros dos nodos, contudo de forma discreta.

Para acrescentar à Rede *Wavelet* a capacidade de determinar a relação entre as projeções dos sinais pertencentes a uma dada classe, de forma contínua e sem empregar vários nodos *wavelet*, propõe-se que os parâmetros da Rede *Wavelet* (α_m, τ_m)

sejam fornecidos por uma RNA alimentada com o próprio sinal a ser processado. Assim, essa RNA, após o treinamento, determinará quais as projeções do sinal são mais interessantes para dizer que o sinal pertence a uma ou outra classe.

Na Figura 3.15 mostra-se a estrutura da técnica híbrida proposta. A transformada *wavelet* é implementada em forma de rede, conforme abordado Seção 3.4.1, sendo os parâmetros escala e translação determinados pela RNA auxiliar. Os coeficientes extraídos pelos nodos da transformada *wavelet* são tomados como características dos sinal e são combinados com outras características (extraídas por outras técnicas - possível hibridação paralela) em um classificador; nessa proposta, implementado com uma RNA direta multicamadas. Para a RNA auxiliar pretende-se avaliar o uso de uma RNA direta multicamadas e uma RNA *counter-propagation*. Todavia, outras topologias podem ser utilizadas.

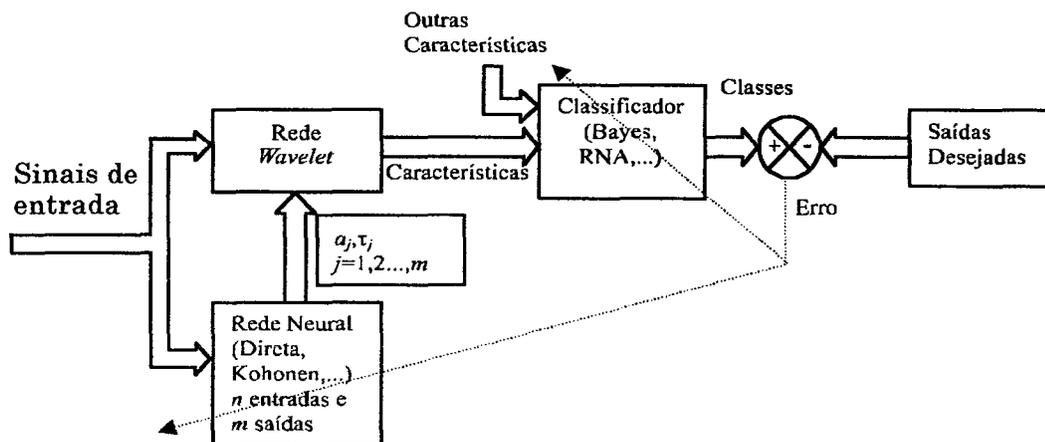


Figura 3.15 - Diagrama da proposta de hibridação auxiliar e sequencial entre a transformada *wavelet* e RNAs.

Na rede proposta, analisando os parâmetros (saídas) fornecidos pela RNA auxiliar para os sinais de uma classe, é possível observar-se as relações existentes entre tais parâmetros. Essa informação é útil quando se está interessado em investigar quais são as características comuns e quais são as relações existentes entre os sinais que fazem parte de uma mesma classe. Um exemplo da capacidade de discernir e mostrar as diferenças e relações entre sinais de uma mesma classe é o caso ilustrado na Figura 3.16. Nesse, a rede proposta é capaz de discernir e mostrar a diferença entre sinais de uma classe e outra e “explicar” as diferenças em termos da estrutura deles no plano tempo escala (ou tempo frequência).

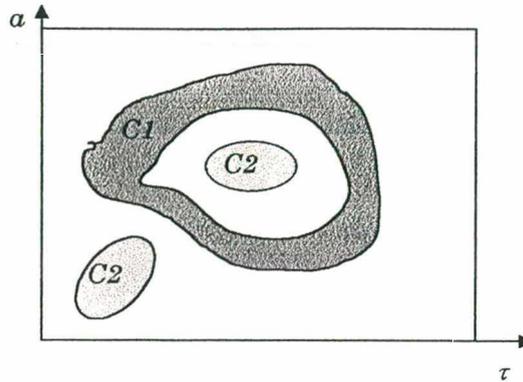


Figura 3.16 - Exemplo de estrutura no plano tempo escala de sinais pertencentes a duas classes de sinais distintas (C1 e C2).

Para otimizar a interação entre as técnicas envolvidas nessa hibridação, os pesos sinápticos da RNA classificadora e da RNA auxiliar são ajustados para minimizar o erro médio quadrático da classificação. De forma similar ao desenvolvimento realizado para a Rede Fourier, abordada na Seção 3.4.1, emprega-se um algoritmo baseado em gradiente descendente. Os pesos sinápticos da RNA classificadora são ajustados da mesma forma que na Rede Fourier, de acordo com a Equação 3.9. Porém, os pesos sinápticos da RNA auxiliar dependem da *wavelet* empregada. Sendo os pesos sinápticos no nodo m (da transformada *wavelet*) representados pelo vetor $\Psi_m = [\psi_{1m}, \psi_{2m}, \dots, \psi_{Nm}]$ onde:

$$\psi_{nm} = \psi_{n,(a_m, \tau_m)} = \frac{1}{\sqrt{\alpha_m}} \psi\left(\frac{t_n - \tau_m}{\alpha_m}\right) \quad (3.14)$$

e $\mathbf{x} = [x_1, x_2, \dots, x_N]^T$ é o vetor das amostras do sinal de entrada, o coeficiente da transformada no nodo m é dado por:

$$c_m = \Psi_m \mathbf{x} \quad (3.15)$$

Para obter a regra de ajuste dos pesos sinápticos da RNA auxiliar emprega-se a regra da cadeia. Logo, para o peso sináptico w_{ij}^l da RNA auxiliar tem-se:

$$\frac{\partial E}{\partial w_{ij}^l} = \frac{\partial E}{\partial c_m} \frac{\partial c_m}{\partial w_{ij}^l} \quad (3.16)$$

onde $\frac{\partial E}{\partial c_m} = \delta_m^0$ (δ_m^0 relativo à entrada m da RNA classificadora). Como as saídas da RNA auxiliar (que ligam-se ao nodo m) são a_m e τ_m , pode-se escrever que para os pesos sinápticos da RNA auxiliar:

$$\frac{\partial E}{\partial w_{ij}^l} = \delta_i^l z_j^{l-1}, \quad (3.17)$$

onde, para a camada de saída dessa RNA (organizada em pares de (a, τ)):

$$\delta_{m(a)}^L = \frac{\partial E}{\partial a_m} = \frac{\partial E}{c_m} \frac{\partial c_m}{\partial a_m} = \frac{\partial E}{c_m} \frac{\partial \Psi_m}{\partial a_m} \mathbf{x} \quad (3.18)$$

$$\delta_{m(\tau)}^L = \frac{\partial E}{\partial \tau_m} = \frac{\partial E}{c_m} \frac{\partial c_m}{\partial \tau_m} = \frac{\partial E}{c_m} \frac{\partial \Psi_m}{\partial \tau_m} \mathbf{x} \quad (3.19)$$

Os elementos dos vetores $\partial \Psi_m / \partial a_m$ e $\partial \Psi_m / \partial \tau_m$ são determinados derivando-se a Equação 3.14 em relação a a_m e τ_m , respectivamente. Quando for conveniente impor alguma transformação adicional aos coeficientes da transformada *wavelet* (como módulo ou fase), tal que a saída do nodo seja $o_m = f(c_m)$, o termo $\partial E / \partial a_m$, nas Equações 3.18 e 3.19, é determinado como $\partial E / \partial a_m = (\partial E / \partial c_m) (\partial c_m / \partial a_m)$.

Como mencionado, neste trabalho procurar-se avaliar a performance dessa proposta mediante o uso de uma RNA auxiliar do tipo direta multicamadas e do tipo *counter-propagation*. No primeiro caso, o ajuste dos pesos sinápticos segue as derivações dadas nas Equações 3.17, 3.18 e 3.19. No caso da RNA auxiliar *counter-propagation* apenas os pesos sinápticos da camada de saída são determinados por tais equações. Os pesos sinápticos da camada de entrada dessa RNA são adaptados previamente seguindo o algoritmo para o treinamento dos mapas auto-organizáveis de Kohonen apresentado na Seção 2.5.7.

É interessante ressaltar que a abordagem com uma RNA auxiliar do tipo *counter-propagation* equivale a um híbrido intermediário entre a Rede *Wavelet* (Seção 3.3.2) e a Rede proposta com RNA auxiliar do tipo direta multicamadas. No limite, a Rede auxiliar *counter-propagation* teria apenas um neurônio (que sempre seria o vencedor). Nesse caso, os parâmetros a_m e τ_m seriam constantes para todos os sinais classificados, da mesma forma que acontece com a Rede *Wavelet*. No outro extremo, ter-se-ia a Rede auxiliar *counter-propagation* com infinitos neurônios na camada intermediária. Sendo um deles vencedor para cada sinal de entrada, equivaleria a uma relação contínua entre os sinais e os parâmetros a_m e τ_m .

Por fim, salienta-se que a técnica proposta pode ser generalizada em termos dos nodos da transformada, isto é, ela admite que mais de um tipo de função *wavelet* seja empregada na mesma estrutura ou mesmo mais de um tipo de transformada (hibridação paralela, conforme Seção 3.4.2). Dessa forma, os sinais, bem como as classes de sinais, podem ser caracterizados de acordo com os coeficientes e os parâmetros referentes aos diferentes nodos de transformada empregados. No entretanto, deve-se levar em conta que quanto mais complexa se tornar a estrutura, maiores são as chances de se estar extraindo características redundantes e,

possivelmente, maiores serão as dificuldades para se interpretar o processamento realizado.

3.6 Considerações sobre a Construção de Ferramentas

Híbridas

Dos exemplos e propostas apresentadas neste capítulo nota-se que são várias as possibilidades para se proceder a hibridação de técnicas de processamento de sinais. Em particular, a hibridação entre RNAs e outras técnicas de processamento de sinais possibilita, por exemplo, a simplificação da RNA, a possibilidade de interpretação de parte do processamento realizado pela RNA ou ainda atribuir características não lineares a técnicas tradicionalmente lineares sem se perder a capacidade de interpretar o processamento e suas características.

Também é possível observar que as técnicas híbridas normalmente estão ligadas com uma aplicação específica. Contudo, empregando-se as formas gerais de hibridação, é possível a criação de ferramentas de uso abrangente, com características de processamento definidas e otimizáveis para uma aplicação específica.

No intuito de averiguar as qualidades e potencialidades das técnicas híbridas propostas na Seções 3.5.1 e 3.5.2, nos próximos capítulos discorre-se sobre a área de aplicação deste trabalho e efetuam-se os experimentos que julgam-se apropriados para a verificação de tais qualidades.

4. ELETROCARDIOGRAFIA DE ALTA RESOLUÇÃO

4.1 Introdução

Neste capítulo procura-se caracterizar a eletrocardiografia de alta resolução (ECGAR), bem como justificar sua escolha como área de aplicação para averiguar as potencialidades das técnicas híbridas apresentadas no capítulo anterior. A eletrocardiografia de alta resolução é uma técnica destinada a realçar pequenos detalhes do eletrocardiograma, permitindo diagnosticar e acompanhar a evolução de uma série de doenças relacionadas ao miocárdio.

Atualmente, o conjunto de doenças cardiovasculares constitui a principal causa de óbito no Brasil, principalmente devido ao acidente vascular cerebral (AVC) e ao infarto agudo do miocárdio (IAM), o mais comum precursor da morte súbita. Particularmente, nas grandes concentrações urbanas, o ambiente é propício ao desenvolvimento de distúrbios coronarianos, visto o acúmulo de fatores de risco evidentemente correlacionados, tais como: tabagismo, alimentação inadequada, vida sedentária, excesso de peso e trabalho sob tensão [169].

A manifestação da morte súbita é crítica e fulminante. A maioria dos casos de óbito por infarto do miocárdio ocorre na primeira hora após o início dos sintomas, conseqüentemente, fora dos hospitais. Dessa forma, tornam-se ineficazes os recursos da medicina após o início da crise. Julian [169] afirma que 60% a 70% dos pacientes que entram no hospital com infarto do miocárdio, apresentam história de angina recente ou antiga. Descreve ainda um estudo em que, do total de vítimas de morte súbita, 38% haviam contactado seus médicos nas últimas duas semanas antes do óbito; e 70% dos pacientes apresentaram casos prévios de fadiga. Logo, é importante o desenvolvimento de técnicas para auxiliar no diagnóstico precoce dos fatores que podem levar o indivíduo à morte súbita em razão de disfunções cardíacas [170]. Uma dessas técnicas é a eletrocardiografia de alta resolução.

A eletrocardiografia de alta resolução é uma técnica de medida dos sinais gerados no miocárdio que permite detectar deflexões eletrocardiográficas de amplitude muito pequena, imperceptíveis na análise convencional do ECG registrado na superfície do corpo [171]. Essas deflexões não são detectáveis em registros convencionais de ECG [172] devido à baixa resolução dos sistemas de registro. A ECGAR requer um sistema de medida diferenciado para capturar o ECG. Além disso,

é necessário o tratamento matemático desses registros para atenuar a influência do ruído e realçar os sinais de interesse [172]. Assim, defini-se a ECGAR como o conjunto formado por um sistema com alta resolução para o registro do ECG e por técnicas de processamento de sinais destinadas a realçar detalhes do ECG de interesse para diagnóstico.

O eletrocardiograma de alta resolução tem sido utilizado para os seguintes objetivos: 1) identificação de potenciais tardios (deflexões com manifestações eletrocardiográficas da presença de zonas miocárdicas ativadas de forma lenta e desigual [171]); 2) triagem de pacientes com taquicardia ventricular não sustentada para estudo eletrofisiológico; 3) identificação de substrato arritmogênico em pacientes com história de síncope de origem a esclarecer; 4) acompanhamento de pacientes transplantados; 5) estratificação de risco em pacientes que sofreram infarto do miocárdio [173].

O ECGAR é indicado ainda no prognóstico após IAM [174], na determinação da vulnerabilidade para taquicardias ventriculares sustentadas, doença arterial coronariana e taquicardia ventricular, doença arterial coronariana e fibrilação ventricular, miocardiopatia isquêmica, extra-sístoles ventriculares assintomáticas e taquicardia ventricular não-sustentada, síncope relacionada à taquicardia ventricular sustentada, controle do efeito de terapia cirúrgica e farmacológica, arritmia supraventricular [171].

Para Castro [171], a indicação mais importante dada pelo ECGAR é a vulnerabilidade para taquicardias ventriculares sustentadas. Em tal indicação, o ECGAR tem sido utilizado em associação com a monitorização eletrocardiográfica ambulatorial (Holter). Em pacientes com infarto extenso, insuficiência cardíaca ou baixa fração de ejeção, a utilização da ECGAR permite detectar potenciais tardios que indicam maior risco de taquicardia ventricular sustentada ou morte súbita para estes pacientes (17 a 36% em um ano contra 0 a 1% nos pacientes sem potenciais tardios) [171]. Shen e Hammill [175], ao analisarem as associações entre diversas disfunções cardíacas e morte súbita, apontam as disfunções no ventrículo esquerdo após o IAM como fator determinante da morte por problemas cardíacos.

Na fase inicial do infarto, a detecção de potenciais tardios pela ECGAR identifica pacientes com maior risco de desenvolver taquicardia e fibrilação ventricular nas primeiras 24 a 72 horas após o início da dor, indicando, nesses casos, prolongada e intensa monitorização durante a fase hospitalar. Em pacientes com

potenciais tardios registrados entre o sétimo e o décimo dias de infarto, o pico da incidência de taquicardia ventricular e morte súbita ocorre nos seis meses subseqüentes de evolução [171].

Por outro lado, segundo Hammill [176], a indicação e o uso clínico do ECGAR na estratificação de pacientes de alto risco têm decrescido. Isso ocorre por problemas tais como: os critérios utilizados para identificar os potenciais tardios são válidos somente para um equipamento ou registro específico; as variáveis do ECGAR no domínio tempo não podem ser utilizadas em pacientes com defeitos de condução para prever a taquicardia ventricular induzida ou taquicardia ventricular espontânea, após infarto do miocárdio; terapia com medicamentos trombolíticos reduzem a incidência de potenciais tardios e, desse modo, a exatidão da previsão positiva do ECGAR e a identificação de pacientes com risco de taquicardia ventricular após infarto do miocárdio.

O mesmo autor afirma, ainda, que o ECGAR tem sido citado como um teste útil devido à sua exatidão na previsão de casos negativos de potenciais tardios. Contudo, essa exatidão é alta apenas em pacientes com baixo risco de taquicardia ventricular (síncope seguida de infarto do miocárdio) e decresce para 80% em pacientes com alto risco de taquicardia ventricular (doença das artérias coronárias, redução da função ventricular, complexo ventricular ectópico).

Conforme Hammill [176], o ECGAR pode ser combinado com outros testes de prognóstico para melhorar a qualidade da previsão. Por exemplo, em pacientes com síncope, o ECGAR é útil para ajudar a identificar o risco de taquicardia ventricular sustentada em testes eletrofisiológicos, quando combinado com o histórico prévio de infarto do miocárdio. Assim, quando existe a suspeita de alto risco de taquicardia ventricular, o ECGAR não exclui outras averiguações.

Devido à importância e abrangência dessa técnica de diagnóstico, bem como às necessidades relativas ao processamento dos sinais do ECGAR (baixo ruído, seleção e extração de características apropriadas, classificação de padrões de pacientes normais e anormais, etc.), optou-se por esta área de aplicação. No entretanto, este estudo focaliza em particular a detecção de potenciais tardios ventriculares (PTVs). As seções subseqüentes visam esclarecer as peculiaridades dos PTVs, da ECGAR e do uso da ECGAR na detecção de PTVs. Nesse intuito, abordam-se os seguintes temas: a eletrofisiologia cardíaca, a obtenção dos sinais de ECGAR, o processamento convencional dos sinais de ECGAR, as características do sinal de ECG observadas na

deteção de PTVs e o equipamento desenvolvido para a obtenção dos sinais de ECG com alta resolução.

4.2 Geração e Condução do Estímulo Cardíaco

O coração (miocárdio) é o órgão central da circulação sanguínea corporal. Em linhas gerais, destina-se ao transporte de gases e nutrientes pelo corpo, mantendo os fluidos corporais em constante mistura [177]. Esse objetivo é obtido pela estrutura muscular que funciona como bomba propulsora, apresentada na Figura 4.1. Tal estrutura é composta por 2 átrios e 2 ventrículos. Eles são comprimidos e relaxados alternadamente devido a estímulos ritmados que provocam a despolarização de suas células.

O estímulo cardíaco percorre o miocárdio tanto através das células musculares propriamente ditas, contraindo-as, quanto por um sistema de fibras onde a condução é favorecida (mais rápida). Basicamente, o sistema de condução do coração adulto compreende o nodo sinusal (também denominado nodo sinoatrial ou S-A), as vias internodais, o nodo atrioventricular (nodo A-V), o feixe atrioventricular (A-V) (feixe de His) com seus dois ramos de fibras de Purkinje [178].

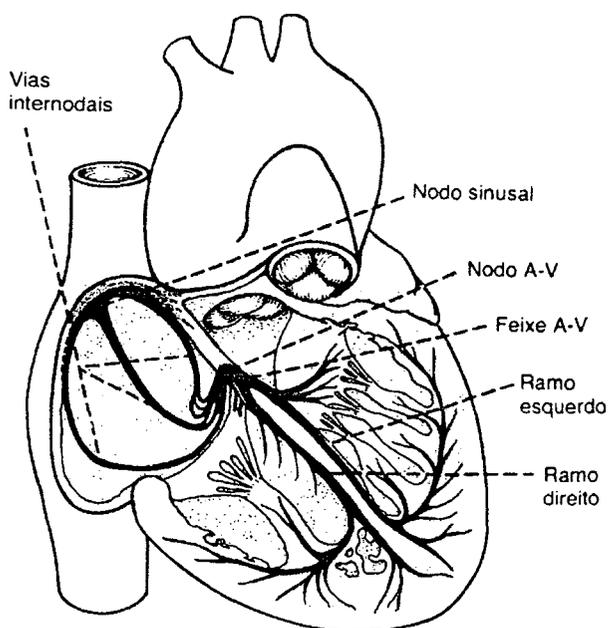


Figura 4.1 - Sistema de condução do estímulo cardíaco.

O impulso elétrico relativo ao estímulo cardíaco tem origem no marcapasso primário ou nodo sinusal com a despolarização das células desse nodo (essas células

se despolarizam e repolarizam automática e ritmadamente). O impulso elétrico segue tangencialmente à parede dos átrios, abrangendo simultaneamente o endocárdio e o pericárdio. Assim, ocorre a despolarização das células dos átrios, que contraem-se, impulsionando o sangue para os ventrículos [178]. A despolarização das células dos átrios manifesta-se no ECG pela deflexão denominada onda P, conforme mostra a Figura 4.2.

O impulso também se propaga pelas vias internodais a $\cong 1\text{m/s}$ em direção ao nodo A-V e aproximadamente 30ms após sua geração, o estímulo converge para o nodo A-V, onde, devido à condução lenta das fibras do feixe A-V, sofre um retardo de aproximadamente 130ms antes de passar aos ventrículos (tempo suficiente para a passagem do sangue dos átrios aos ventrículos que ainda encontram-se em repouso). Desse ponto, o impulso propaga-se rapidamente (1,5 a 4 m/s) em direção ao miocárdio ventricular pelo sistema His-Purkinje. O impulso atravessa o septo interventricular e, em seguida, espalha-se pelas paredes dos ventrículos, despolarizando suas células e contraindo-as, impulsionando, assim, o sangue através do sistema cardiovascular [178].

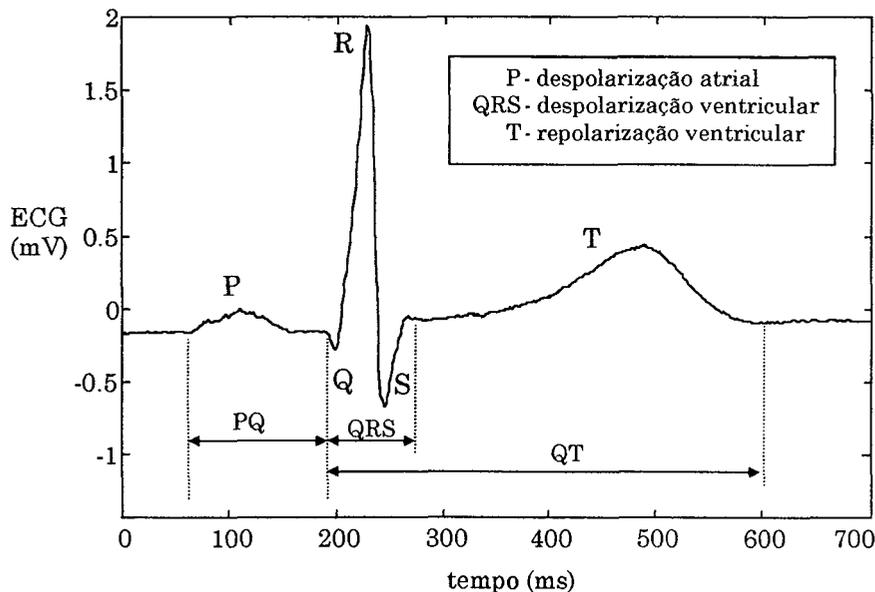


Figura 4.2 - Variações de potencial e intervalos de tempo típicos de um ECG de superfície.

A despolarização das células dos ventrículos é percebida no ECG pela deflexão QRS. A onda T resulta da repolarização das células dos ventrículos. Um fato que chama a atenção com relação à onda T é que ela tem a mesma polaridade da onda de despolarização dada pelo complexo QRS. Isso ocorre porque nos ventrículos o processo

de repolarização se dirige do pericárdio para o endocárdio, enquanto a despolarização se faz no sentido contrário (nos átrios a repolarização começa no mesmo ponto onde tem início a despolarização). O endocárdio tem um atraso na repolarização devido à elevada pressão a que está submetido durante a sístole ventricular, ocorrendo uma “isquemia fisiológica”. A repolarização das células dos átrios ocorre quase simultaneamente à despolarização ventricular, assim sua inscrição no ECG fica encoberta pelo complexo QRS (sua polaridade é inversa à da onda T) [178]. Na Figura 4.2, é apresentado um registro típico da alteração dos potenciais na superfície torácica, causada pela condução do estímulo cardíaco no miocárdio.

4.3 Potenciais Tardios

A condução do estímulo cardíaco nem sempre ocorre conforme o descrito na seção anterior. Uma variedade de anomalias e patologias cardíacas pode incorrer no aparecimento de pequenas regiões no miocárdio onde a condução do estímulo cardíaco é lenta e não-homogênea. Por exemplo, o infarto agudo do miocárdio (IAM) geralmente provoca o surgimento de regiões isquêmicas, caracterizadas por células viáveis entremeadas com zonas de fibrose [171,173]. A condução anômala do estímulo nessas regiões está intimamente relacionada com arritmias cardíacas.

Estudos eletrofisiológicos usando cateteres intracavitários, realizados em animais e em seres humanos, demonstraram que entre as células sobreviventes em regiões lesadas do miocárdio, os potenciais elétricos são marcadores de condução lenta e assíncrona [173,179]. Mostraram, também, que as células lesadas são importantes na manutenção de taquicardias por mecanismos de reentrada [173]. Quando um estímulo passa por uma zona de condução lenta, ele pode, retrogradamente, ativar a região e fechar um ciclo, provocando um estímulo adicional que aumenta (taquicardia) ou até mesmo desestabiliza a frequência cardíaca. Esse mecanismo pode desencadear arritmias graves, podendo resultar em parada cardíaca e até mesmo em morte [179].

As manifestações eletrofisiológicas dessas zonas de condução lenta e não-homogênea dão origem a sinais de alta frequência (25Hz a 250Hz) e muito baixa amplitude ($<10\mu\text{V}$), denominados potenciais tardios. Esses potenciais, normalmente mascarados por ruído, são observados no ECG principalmente na parte terminal do complexo QRS e/ou no início do segmento ST, conforme mostra a Figura 4.3.

Conforme Castro [171], no caso de IAM, os potenciais tardios originam-se na área periinfarto e são detectados nos primeiros sete dias após o IAM. Em princípio, o

IAM pode implicar zonas isquêmicas, tanto nos átrios quanto nos ventrículos. Contudo, as arritmias decorrentes de potenciais tardios relativos a danos nos ventrículos são acompanhadas de pior prognóstico. Vários estudos invasivos têm mostrado a participação dos potenciais tardios ventriculares (PTVs) na geração de arritmias ventriculares (ex.: taquicardias ventriculares sustentadas) e morte súbita [139]. Ademais, devido à repolarização dos átrios coincidir com a despolarização dos ventrículos, os potenciais tardios atriais são de mais difícil detecção, pois manifestam-se sobrepostos ao complexo QRS [173]. Por conseguinte, neste trabalho, optou-se por averiguar especificamente os potenciais tardios ventriculares.

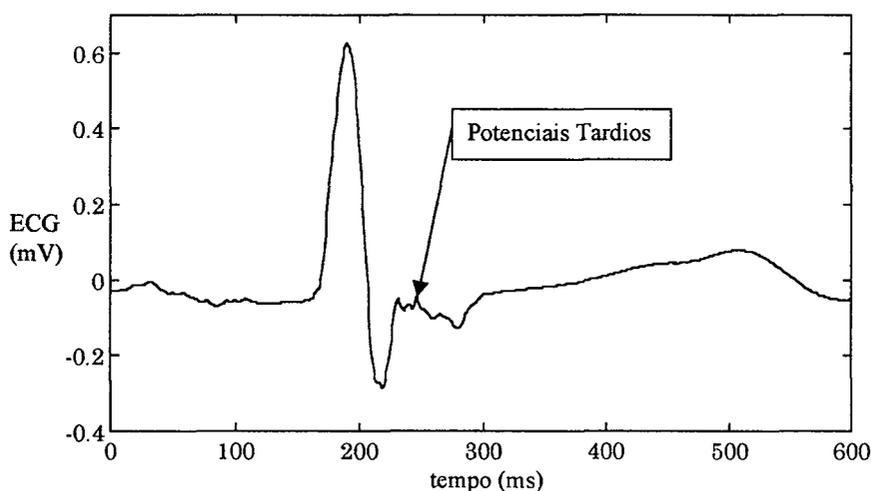


Figura 4.3 - Potenciais Tardios presentes no segmento ST.

Existem vários trabalhos direcionados a aprimorar o uso do ECGAR para o registro não invasivo e detecção dos PTVs, com resultados bastante promissores. Por outro lado, conforme apontado por Hammill [176], as técnicas de registro e análise dos PTVs ainda não foram totalmente padronizadas, implicando diferentes resultados em função do equipamento, técnicas de processamento e características analisadas. Não obstante, existem esforços no sentido de obter tal padronização [180-182].

4.4 Sistema de Registro e Análise de ECGAR

4.4.1 Derivações

Tipicamente, a análise em alta resolução do ECG é feita com base no registro simultâneo do ECG em três derivações bipolares e ortogonais (conhecidas como derivações de Frank) [180]. Essas derivações, denominadas X (derivação horizontal), Y

(derivação vertical) e Z (derivação antero-posterior), são obtidas por eletrodos posicionados da seguinte forma: X (X^- , X^+): posição lateral (direita e esquerda) na altura do quarto espaço intercostal; Y (Y^- , Y^+): sobre a linha hemiclavicular esquerda e na região ilíaca esquerda e Z (Z^+ , Z^-): altura do quarto espaço intercostal na interseção das derivações X e Y [139,171], conforme mostra a Figura 4.4. Tal disposição visa capturar as anomalias da condução no miocárdio, independente da localização espacial da área miocárdica afetada.

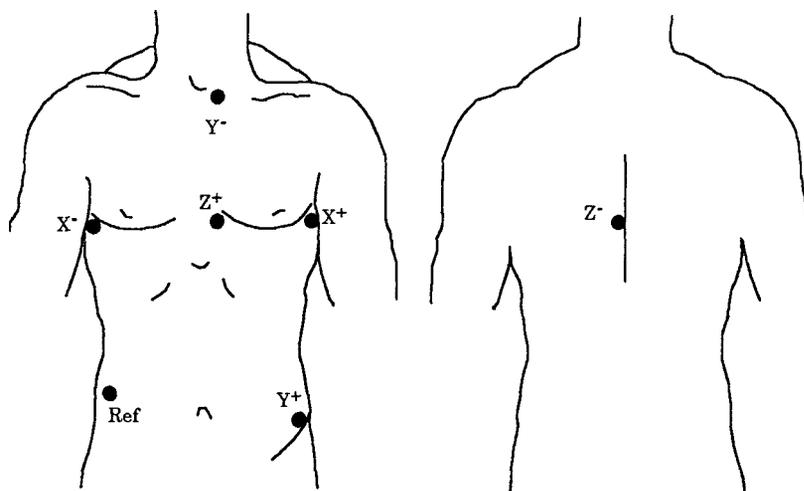


Figura 4.4 - Disposição ortogonal (X^+ , X^-), (Y^+ , Y^-) e (Z^+ , Z^-) dos eletrodos no ECGAR.

4.4.2 Preparação para o Registro

Na eletrocardiografia de alta resolução é necessário um registro de ECG de alta qualidade, com o mínimo de interferências causadas tanto por sinais externos ao organismo (rede elétrica, equipamentos elétricos, etc.) quanto por sinais decorrentes do próprio organismo (EMG, respiração, movimento dos eletrodos, etc.). Para tanto, diversos cuidados devem ser tomados ao se proceder o registro.

Devido à pequena amplitude dos sinais de interesse no ECGAR (PTV, por exemplo), é primordial que a colocação dos eletrodos seja feita de modo apropriado e com a menor impedância de contato possível. Para tanto é importante uma boa preparação da pele do paciente antes da fixação dos eletrodos (remoção do excesso de pele morta e gorduras). Os eletrodos recomendados são os de prata-cloreto de prata com impedância inferior a 1000Ω [180].

O ambiente onde é realizada a aquisição do ECG também deve ser o menos ruidoso possível (em termos de interferências eletromagnéticas), para o qual é importante utilizar um bom sistema de aterramento e evitar a presença de

equipamentos que possam gerar interferências eletromagnéticas (em especial interferências de 60Hz da rede elétrica). É recomendável, por exemplo, que os cabos que conectam os eletrodos ao equipamento de registro estejam o mais afastado possível de cabos de alimentação ou qualquer outro cabo que conduza corrente elétrica.

Além dos cuidados com as interferências externas, é importante que o paciente procure minimizar seus movimentos durante o registro, pois o nível dos potenciais relativos ao estímulo de outros músculos (EMG) pode ultrapassar facilmente o nível dos PTVs. A própria respiração do paciente deve ser suave, evitando ao máximo o movimento do tórax.

4.4.3 Características do Sistema de Medida do ECGAR

As características do sistema eletrônico de medida (utilizado no contexto de ECG de alta resolução) apresentam variações. Todavia, existe um consenso em se empregar sistemas de amplificação, filtragem e aquisição com as seguintes características gerais: baixíssimo ruído; resolução melhor que $2,5 \mu\text{V}$ (relacionada à entrada), implicando ampliações de 1000 a 15000 vezes; banda passante de 0,5 a 250 Hz; uso mínimo de 12 bits na conversão analógico/digital e frequência de amostragem superior a 1000Hz [139,183]. Na Figura 4.5, apresenta-se, de forma esquemática, um sistema típico de registro para ECGAR

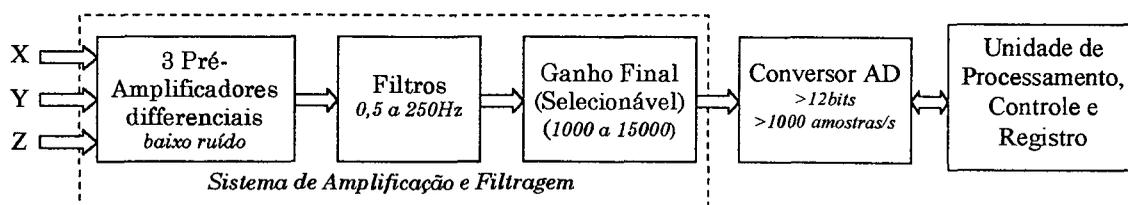


Figura 4.5 - Diagrama em blocos de um sistema de registro de ECGAR.

O sistema de amplificação e filtragem é um dos pontos chaves do sistema de medida do ECGAR, pois deve garantir a menor contaminação possível do ECG por ruído. Marques [139], de acordo com os padrões estabelecidos pela *American Heart Association*, *American College of Cardiology* e *European Society of Cardiology*, enumera as seguintes características desejáveis para o estágio de amplificação e filtragem:

- 1) 3 canais idênticos com ganho selecionável (1000, 5000, 10000 e 15000);
- 2) uso de proteções contra surtos de tensão não é necessário;

- 3) corrente de fuga $<10\mu\text{A}$;
- 4) banda passante de no mínimo 0,5 a 250 Hz;
- 5) não devem ser empregados filtros para eliminação de ruído da rede (filtros rejeita banda 60Hz);
- 6) completa isolamento elétrico para proteção do paciente;
- 7) baixo ruído ($<1\mu\text{V}$ referido à entrada) e alta rejeição de tensão de modo comum (CMMR).

As características 5, 6 e 7 dizem respeito, principalmente, à contaminação do sinal por interferência da rede elétrica (60 Hz), comum a quase todas as medidas eletrofisiológicas. Devido aos sinais de interesse no ECGAR possuírem componentes espectrais em 60 Hz, não é desejável o uso de filtros para rejeitar interferências com essa frequência. Assim, deve-se tomar todos os cuidados para evitar tal contaminação do sinal de ECG.

São vários os mecanismos que levam a rede elétrica a interferir nas medidas eletrofisiológicas. Os principais estão relacionados com pequenas capacitâncias que se formam entre a rede elétrica e o conjunto paciente-equipamento de medida. Na Figura 4.6 apresentam-se esses mecanismos para o caso de uma medida com isolamento da rede elétrica [139,184].

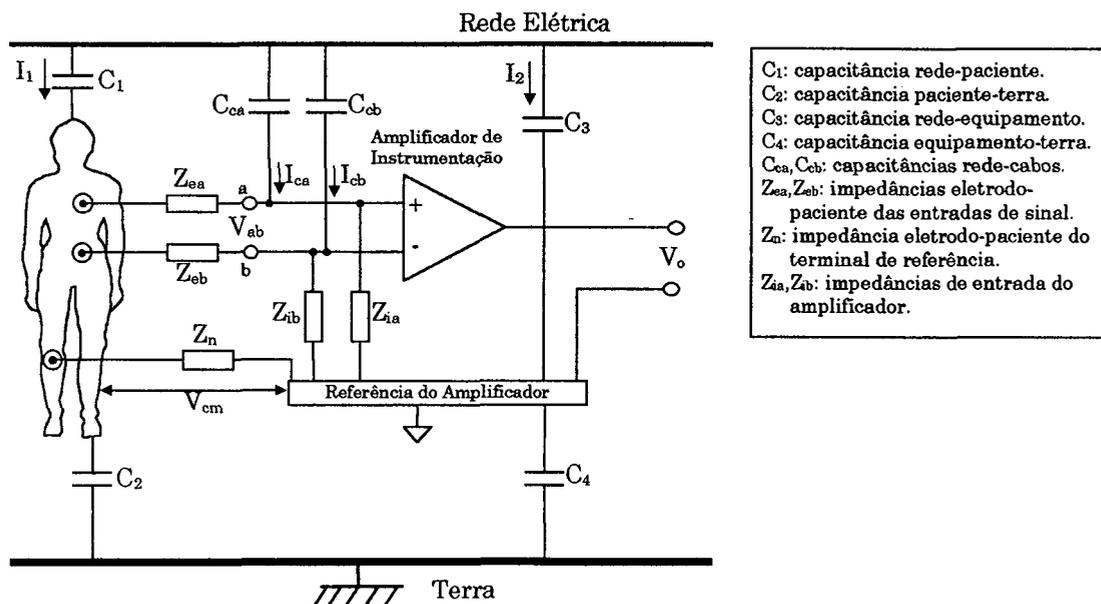


Figura 4.6 - Diagrama esquemático dos mecanismos de contribuição de interferência da rede elétrica nas medidas eletrofisiológicas.

As capacitâncias C_1 e C_2 originam uma pequena corrente I_1 que flui através do paciente gerando uma pequena parcela de tensão interferente entre os eletrodos. Essa

corrente direciona-se ao terra (na medida isolada) principalmente através de C_1 , contudo também percorre o circuito formado por Z_n e C_4 , criando a tensão de modo comum V_{cm} . A corrente I_2 , circulando através de C_3 e dividindo-se entre C_4 e Z_n , C_2 , também contribui para a tensão de modo comum. A tensão de modo comum é amplificada pelo ganho de modo comum do amplificador, criando mais uma parcela de interferência. No entanto, devido às diferenças entre as impedâncias Z_{ea} , Z_{eb} , Z_{ia} e Z_{ib} , V_{cm} também gera uma parcela de tensão diferencial V_{ab} que é multiplicada pelo elevado ganho diferencial do amplificador [139,184,185]. Esse fato justifica a necessidade de um amplificador com elevada rejeição de tensão de modo comum (superior a 120db), bem como o uso de circuitos que reduzam tal tensão. Uma forma de se obter a redução de V_{cm} é alimentar todo o instrumento (amplificadores, filtros, sistema de aquisição e processador) com baterias, posto que isso reduz o valor de C_3 e C_4 ao mínimo [184].

Outro mecanismo que contribui em muito para a interferência da rede elétrica no sinal amplificado é formado pelas correntes I_{ca} e I_{cb} que circulam fundamentalmente pelos circuitos C_{ca} , Z_{ea} , C_2 e C_{cb} , Z_{eb} , C_2 . A diferença entre essas correntes, bem como entre as impedâncias Z_{ea} e Z_{eb} , dá origem a uma parcela significativa da tensão diferencial V_{ab} [186]. Dessa forma, quanto menores e mais aproximadas forem as impedâncias de interface Z_{ea} e Z_{eb} e também as capacitâncias C_{ca} e C_{cb} , menor será essa parcela de interferência. Isso pode ser alcançado com a utilização de eletrodos e géis condutores de boa qualidade, além da preparação adequada da pele do paciente [186]. A blindagem dos cabos de entrada e o emprego de um sistema de guarda ativa também é recomendado (alimentar as blindagens dos cabos com uma amostra da tensão de modo comum equivale a reduzir as capacitâncias C_{ca} e C_{cb}).

Além dos acoplamentos capacitivos, existe também a irradiação eletromagnética, tanto da rede elétrica quanto de outros circuitos eletrônicos. A amplitude da interferência causada por esses campos depende da área e orientação do circuito formado pelos cabos conectados aos eletrodos, que funcionam como antena receptora. Para minimizar essa forma de interferência, pode-se trançar os cabos para reduzir a área da antena, isolar eletromagneticamente o conjunto paciente-equipamento ou, ainda, isolar as fontes irradiadoras. Como, na prática, isso geralmente não é possível, normalmente a alternativa adotada é manter o paciente longe das fontes de campos magnéticos.

Frente à necessidade de registrar sinais de ECG em alta resolução para averiguar o potencial das técnicas de processamento propostas neste trabalho, construiu-se um equipamento para registro de ECGAR, batizado de IsoData. O sistema desenvolvido leva em consideração as características desejáveis relatadas por Marques [139], e baseia-se nos circuitos desenvolvidos por ele. Contudo, apresenta algumas diferenças de concepção. Foram montados oito amplificadores no lugar de três, permitindo assim uma melhor investigação da técnica de análise em componentes independentes (ACI). Visando versatilidade, o equipamento foi modularizado, consistindo de um módulo de amplificação, um módulo para a conversão AD e um microcomputador portátil para o registro e visualização dos sinais. Na Figura 4.7 apresenta-se um diagrama simplificado da concepção implementada e na Figura 4.8 o equipamento propriamente dito.

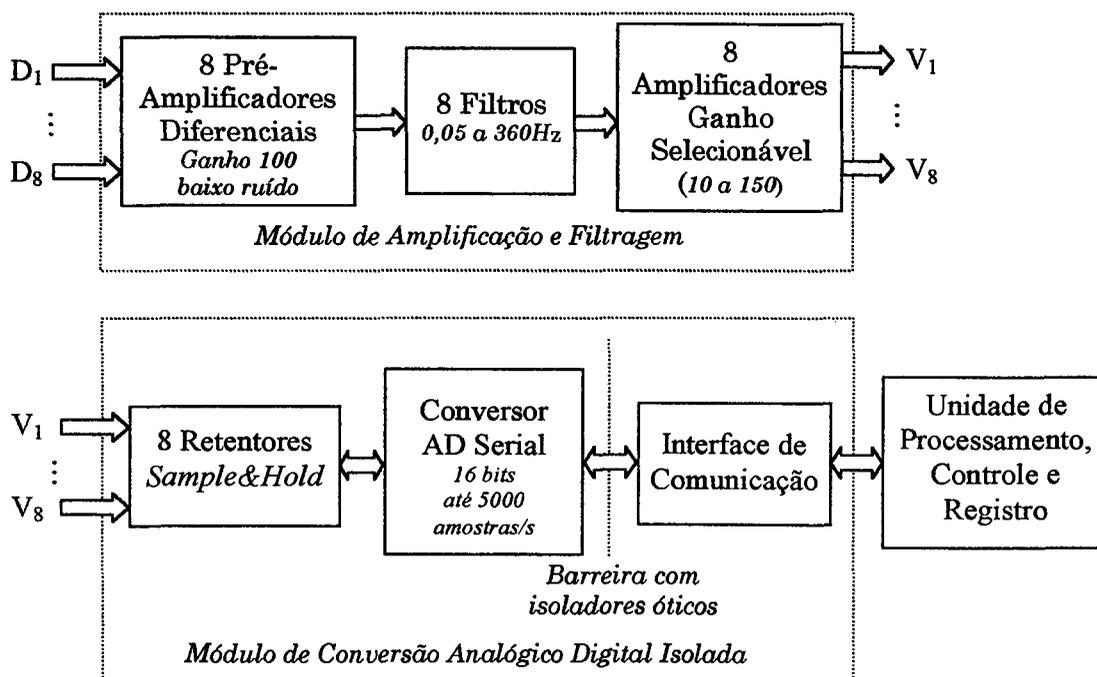


Figura 4.7 - Diagrama do equipamento de registro de ECGAR desenvolvido para o trabalho.

Também, no intuito de simplificar o instrumento, os amplificadores empregados não são isolados, sendo a isolação galvânica efetuada no estágio de conversão AD. Para diminuir interferência da rede elétrica e proteger o paciente, todo o equipamento é alimentado por baterias (incluindo microcomputador). No entanto, para garantir a proteção total do paciente, o microcomputador é isolado opticamente do resto do instrumento no estágio de conversão AD.

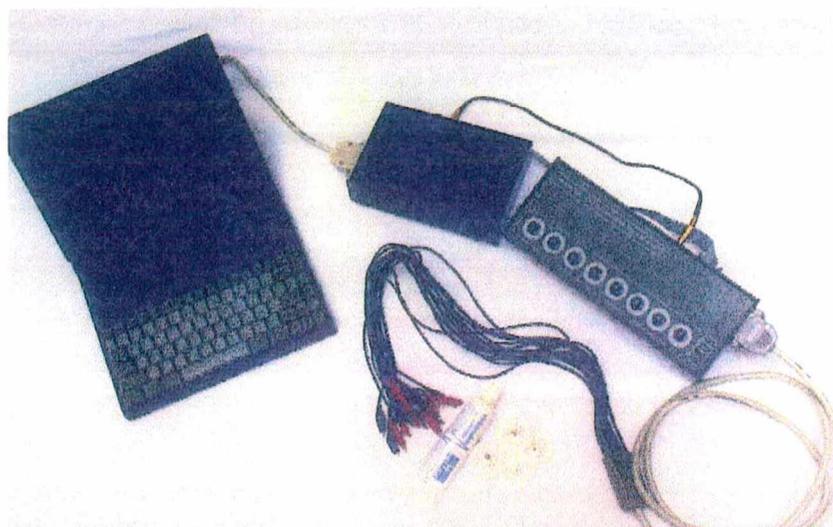


Figura 4.8 - Fotografia do equipamento de registro de ECGAR desenvolvido para o trabalho.

As principais características do equipamento desenvolvido são:

- 1) software dedicado para ambiente DOS, responsável pela programação dos parâmetros de aquisição dos sinais, pelo controle do sistema de aquisição, pelo registro e pela visualização dos sinais (o processamento dos sinais não é feito em tempo real);
- 2) conversão AD de 16 bits com resolução mínima de $0,1 \mu\text{V}$ (ganho 1000) e máxima de $6,6 \text{ nV}$ (ganho 15000);
- 3) máxima excursão na entrada do módulo de conversão AD $\pm 3,33\text{V}$;
- 4) 8 circuitos de retenção *sample&hold* permitindo a amostragem simultânea de até 8 canais;
- 5) capacidade de endereçamento de até 64 canais (para futuras expansões);
- 6) frequência de conversão selecionável entre 10 e 5000 amostras/segundo (para amostragem simultânea de 8 canais);
- 7) capacidade de armazenamento dos registros em arquivos limitados pelo tamanho do disco rígido do microcomputador (no caso 420 Mbytes \cong 26 Mamostras de 8 canais);
- 8) ganhos selecionáveis manualmente de 1000, 5000, 10000 e 15000;
- 9) filtros passa-altas de primeira ordem com frequência de corte igual a 0,05 Hz e filtros passa-baixas Butterworth de quarta ordem com frequência de corte igual a 360 Hz, perfazendo a banda passante para o sinal de 0,05 Hz a 360 Hz;
- 10) cabos de entrada blindados com sistema de guarda ativa;
- 11) rejeição da tensão de modo comum igual a 154 db (60 Hz), com circuito de referência ativa (sem considerar os efeitos relativos às diferenças de impedância

- da interface eletrodo-paciente);
- 12) ruído referenciado à entrada igual a $0,18 \mu\text{V}_{\text{RMS}}$ (medido na saída digitalizada com todos terminais dos eletrodos de entrada em curto-circuito com o terminal do eletrodo de referência);
- 13) corrente de fuga de $3,2 \mu\text{A}_{\text{RMS}}$ durante a operação de recarga das baterias do microcomputador (medida entre todos terminais dos eletrodos de entrada bem como o de referência em curto-circuito e o terra);
- 14) isolamento total da rede elétrica (alimentação por baterias);
- 15) autonomia de operação aproximadamente de 1 hora (com baterias totalmente carregadas).

Na Figura 4.9 mostra-se um registro de ECGAR realizado com o IsoData observando-se os cuidados mencionados na Seção 4.4.2 com a preparação da interface eletrodo-paciente. Detalha-se o ruído típico de $\approx 3 \mu\text{V}_{\text{pico}}$ na linha de base que inclui a interferência de 60 Hz da rede elétrica, ruído gerado pelo circuito eletrônico de amplificação do IsoData bem como por seu sistema de conversão analógico/digital.

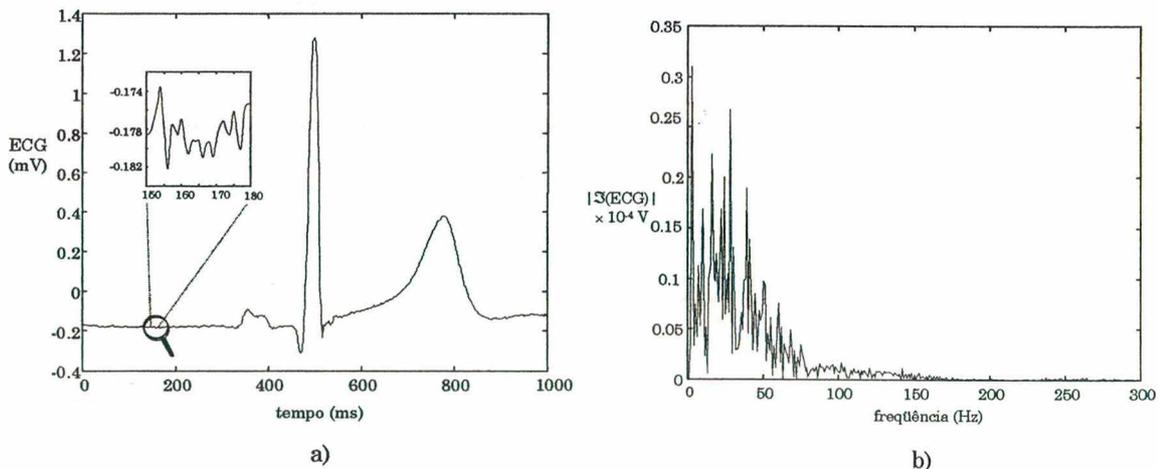


Figura 4.9 - a) Registro de ECGAR efetuado com o IsoData, b) espectro do registro.

É importante mencionar que sinais de ECG com amplitude típica em torno de 1 mV_{pp} fazem com que os amplificadores de ganho selecionável do IsoData saturem quando o ganho for 10000 ou 15000. Contudo, os pré-amplificadores e filtros não saturam, posto que o ganho desses estágios é apenas 100. Isso, aliado ao elevado *Slew-Rate* ($50 \text{ V}/\mu\text{s}$) dos amplificadores de ganho selecionável, faz com que não ocorram distorções significativas no sinal de ECG após a saturação (após a onda R, onde se fazem presentes os PTVs). Assim, tendo-se pelo menos um canal de leitura não saturado (com ganho de 1000 por exemplo) para que se possa efetuar a detecção da onda R, é possível efetuar-se a detecção dos PTVs mesmo sob a condição de saturação.

Isso possibilita uma melhor detecção dos PTVs quando o sistema de digitalização apresenta baixa resolução. Embora, tais ganhos não sejam necessários no caso do IsoData (em função da boa resolução propiciada pelo conversor AD de 16 bits), eles foram implementados visando a compatibilidade com a possível implementação do sistema com um conversor de 12 bits.

4.4.4 Processamento dos Registros de ECGAR

O processamento dos registros de ECGAR é composto por uma coletânea de técnicas de processamento de sinais, sendo, portanto, tipicamente um processamento híbrido. Essa coletânea envolve técnicas para detecção, alinhamento e promediação dos sinais, filtros digitais, análise espectral e a extração de parâmetros para a caracterização do ECGAR no domínio tempo e no domínio frequência.

Embora tomem-se todos os cuidados para evitar a contaminação do registro do ECGAR por ruídos, nem sempre é possível detectar as deflexões de interesse (PTVs), que possuem amplitudes muito menores que os ruídos invariavelmente presentes (EMG, ruído do sistema de medida, interferência da rede elétrica, variação da impedância de contato eletrodo-paciente) [139]. Normalmente é necessário melhorar a relação sinal-ruído (SNR) e, para esse fim, a técnica que tem sido empregada é a promediação, também conhecida como ECG médio. Para aplicar essa técnica, o tempo médio de registro do ECGAR é tipicamente 15 minutos. Esse tempo é suficiente para a aquisição de aproximadamente 1000 complexos cardíacos, praticamente garantindo de 200 a 600 complexos utilizáveis após a eliminação de batimentos aberrantes [173,181]. Ressalta-se que muitos complexos cardíacos são descartados por serem afetados drasticamente por artefatos causados, por exemplo, por movimentos do paciente (tosse, respiração, etc.).

Na promediação, cada registro do ECGAR (X, Y e Z) é segmentado em complexos cardíacos. Esses segmentos são alinhados no tempo por um correlator de complexos QRS e então somados na forma de complexos cardíacos médios X_m , Y_m e Z_m . Na Figura 4.10 apresenta-se o fluxograma simplificado referente a todo o processo envolvido na promediação dos batimentos cardíacos.

Para segmentar o registro de ECGAR, a primeira providência consiste na detecção dos complexos QRS. Vários métodos existem para esse fim, normalmente baseados em valores limiares que determinam a presença da onda R. Em geral, os segmentos correspondem a uma janela de 600 ms que inclui 200ms antes do pico da

onda R e 400ms após o pico da onda R. O correlator determina a correlação entre um complexo cardíaco padrão (escolhido pelo especialista) e o complexo candidato a fazer parte da média, translacionando o complexo até obter a máxima correlação com o padrão. O complexo candidato toma parte na promediação se tal correlação máxima exceder um determinado limiar, normalmente 99,9% (a presença de artefatos no registro faz com que vários complexos sejam rejeitados para a promediação), caso contrário é descartado. Em seguida, no intuito de preservar o sinal e reduzir o ruído, os segmentos aceitos, alinhados conforme a posição de correlação máxima, são somados na forma de um batimento cardíaco médio.

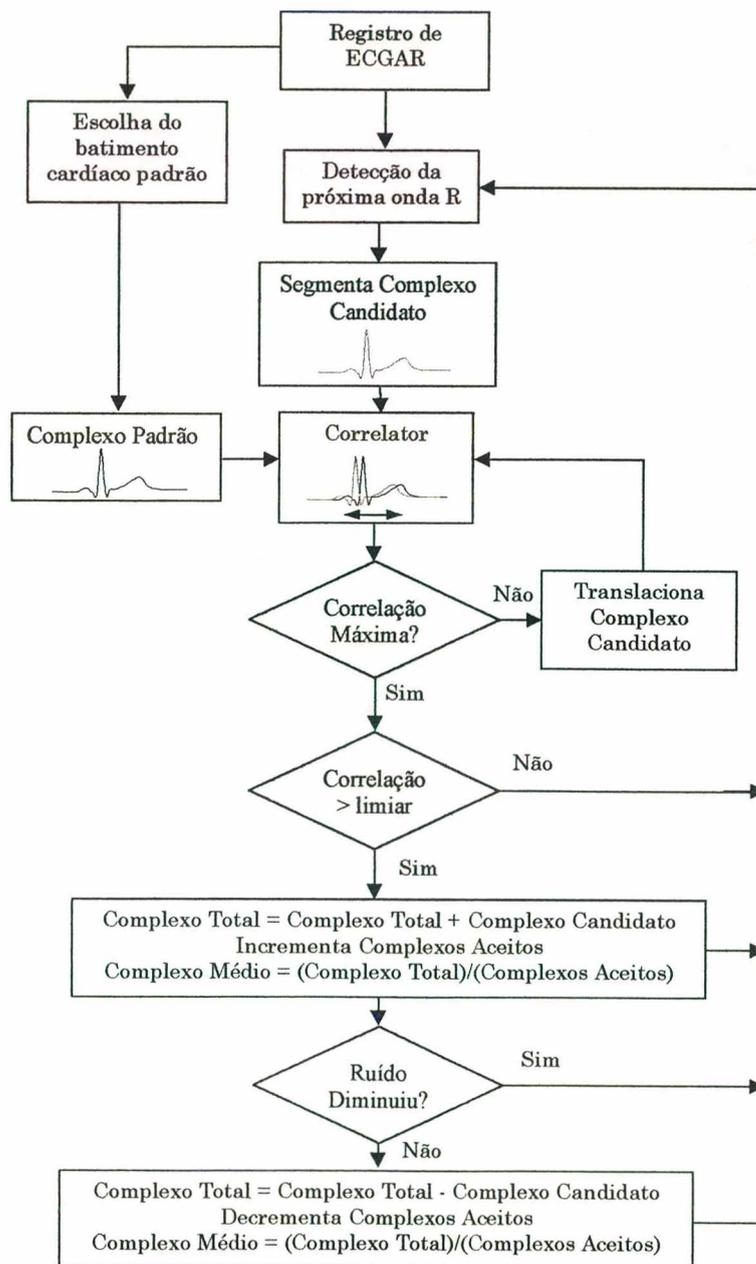


Figura 4.10 - Operações concernentes ao processo de promediação de complexos cardíacos.

Conforme mostrou-se na Seção 2.8, em certas circunstâncias (componentes de ruído descorrelacionadas entre si e da componente de interesse – ruído estacionário e ergódico) a promediação melhora a relação sinal-ruído pela raiz quadrada do número de amostras incluídas na média, nesse caso segmentos do sinal de ECG alinhados pelo complexo QRS.

Por outro lado, o ruído presente no ECG nem sempre obedece as suposições feitas (interferência da rede elétrica e ruídos de EMG, por exemplo), e por conseguinte, é necessário um número maior de batimentos para atingir o nível de ruído desejado (quando possível). Frente a isso, rejeitam-se também os complexos que ao serem acrescentados em $\bar{x}(n)$ acarretam o aumento demasiado do ruído. Seguindo esse procedimento dever-se-ia aceitar somente complexos que reduzissem o nível de ruído, contudo, na prática aceitam-se também aqueles que implicam um pequeno aumento do ruído (5%, por exemplo). Isso se justifica pois o ruído desses complexos pode cancelar o ruído presente em complexos por vir. O processo de promediação encerra-se quando o nível de ruído atinge um valor desejado, em geral entre $0,3 \mu V_{RMS}$ e $1 \mu V_{RMS}$.

Especificamente com relação à detecção das deflexões de PTVs, o processamento do ECGAR prossegue com a filtragem dos ECGs promediados (X_m , Y_m e Z_m) com um filtro digital passa-banda, composto por um filtro passa-altas de 25Hz ou 40Hz e outro passa-baixas de 250Hz (Butterworth 4ª ordem do tipo IIR) [139,181]. Esses filtros removem componentes de baixa e alta frequência que não dizem respeito aos PTVs. Para evitar a influência da resposta transitória do filtro na forma de onda posterior ao complexo QRS (segmento ST onde manifestam-se os PTVs), a filtragem é efetuada de forma bidirecional. Do início do segmento até o pico da onda R a filtragem segue da esquerda para a direita normalmente, contudo, o restante do segmento é filtrado da direita para a esquerda (do fim para o começo) fazendo com que o transitório do filtro se manifeste no interior do complexo QRS e não no segmento ST [139]. Obtêm-se dessa filtragem os sinais X_{mf} , Y_{mf} e Z_{mf} .

Após a filtragem procede-se a combinação dos três sinais em uma representação única dada pelo vetor magnitude VM que engloba as manifestações dos PTVs nas três derivações. O vetor de magnitude é igual à raiz quadrada da soma dos quadrados de X_{mf} , Y_{mf} e Z_{mf} . A presença dos PTVs é detectada a partir de características do VM, detalhadas na próxima seção [181].

$$VM = \sqrt{X_{mf}^2 + Y_{mf}^2 + Z_{mf}^2} \quad (4.1)$$

Na Figura 4.11 são apresentados sinais típicos pertinentes à análise no domínio tempo do ECGAR. Nota-se claramente a redução de ruído obtida com o processo de promediação, bem como a ausência de transitórios nos sinais filtrados, devido à filtragem bidirecional. Na Figura 4.11 também mostra-se o VM, do qual são extraídas características como a duração do complexo QRS e a amplitude de sua porção terminal. Para tanto, é necessário determinar as posições do início e fim do complexo QRS, definidos como [139]:

Início do QRS: ponto inicial de um segmento de 5,5ms do VM onde a tensão média é maior que o nível médio do ruído no VM mais 1,5 vezes o desvio padrão do ruído,

Fim do QRS: ponto inicial de um segmento de 5,5ms do VM onde a tensão média é maior que o nível médio do ruído no VM mais 3 vezes o desvio padrão do ruído.

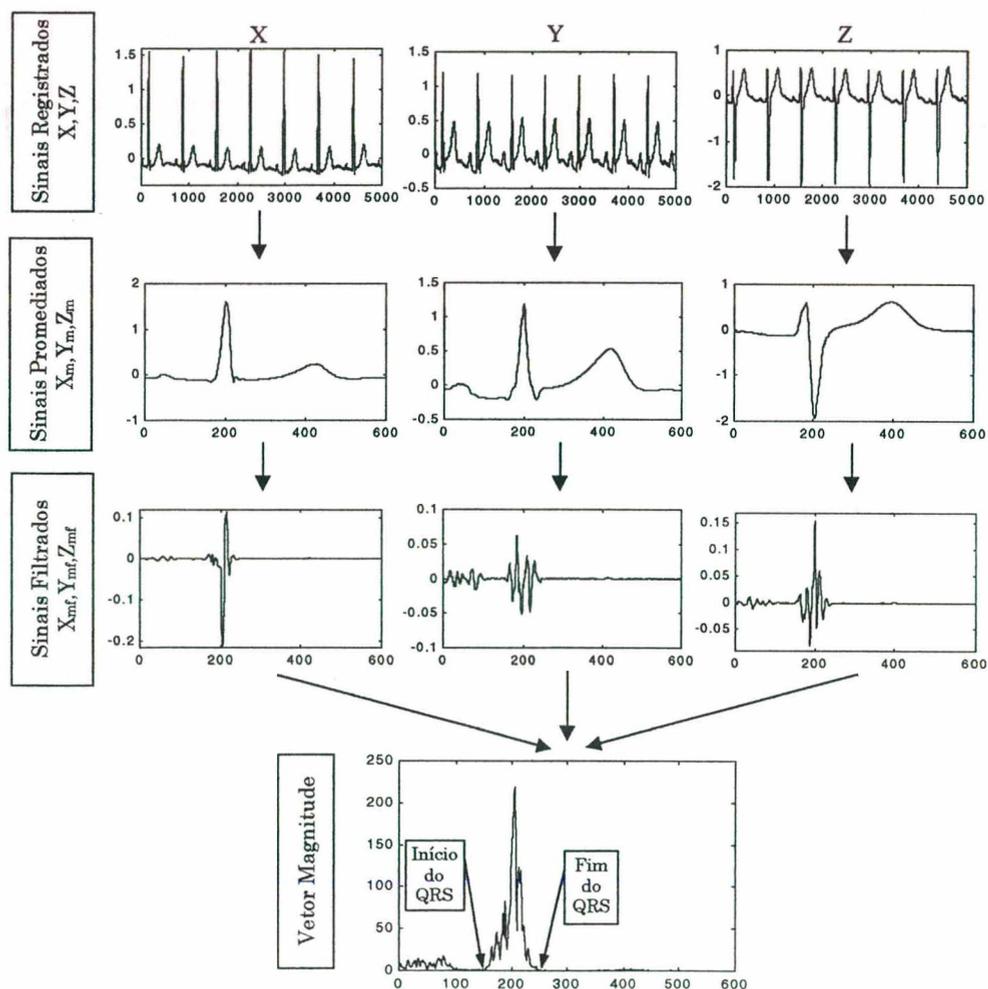


Figura 4.11 - Processamento dos sinais de ECGAR para análise no domínio tempo (abscissas em ms, ordenadas em mV, exceto o VM dado em μ V).

O nível de ruído no VM para a determinação do início do QRS é calculada em um segmento de 25ms, tomado em uma região do VM antes do complexo QRS (150ms

antes da onda R), enquanto na determinação do fim do QRS o nível de ruído é medido em um segmento de 50ms, tomado após o QRS, em uma região onde os PTVs são improváveis (300ms depois da onda R) [139].

Para completar o equipamento de ECGAR desenvolvido para o trabalho, foram implementados os algoritmos referentes ao processo de promediação, filtragem bidirecional e obtenção do vetor magnitude. Na Figura 4.12 são apresentadas algumas telas desse software.

Esses algoritmos foram implementados em linguagem MATLAB. Essa escolha deveu-se: aos recursos disponíveis nesse ambiente de programação para tarefas de processamento de sinais, à eficiência nas operações com matrizes e à facilidade de integração com os algoritmos relativos às técnicas híbridas de processamento. O programa elaborado permite a leitura dos registros gerados pelo IsoData bem como de algumas outras bases de dados (projeto SEARCH [187] e sinais registrados por Marques [139]). Possibilita ainda visualizar, promediar, filtrar, calcular o VM, determinar início e fim do VM automática e manualmente e extrair parâmetros relativos à caracterização de PTVs.

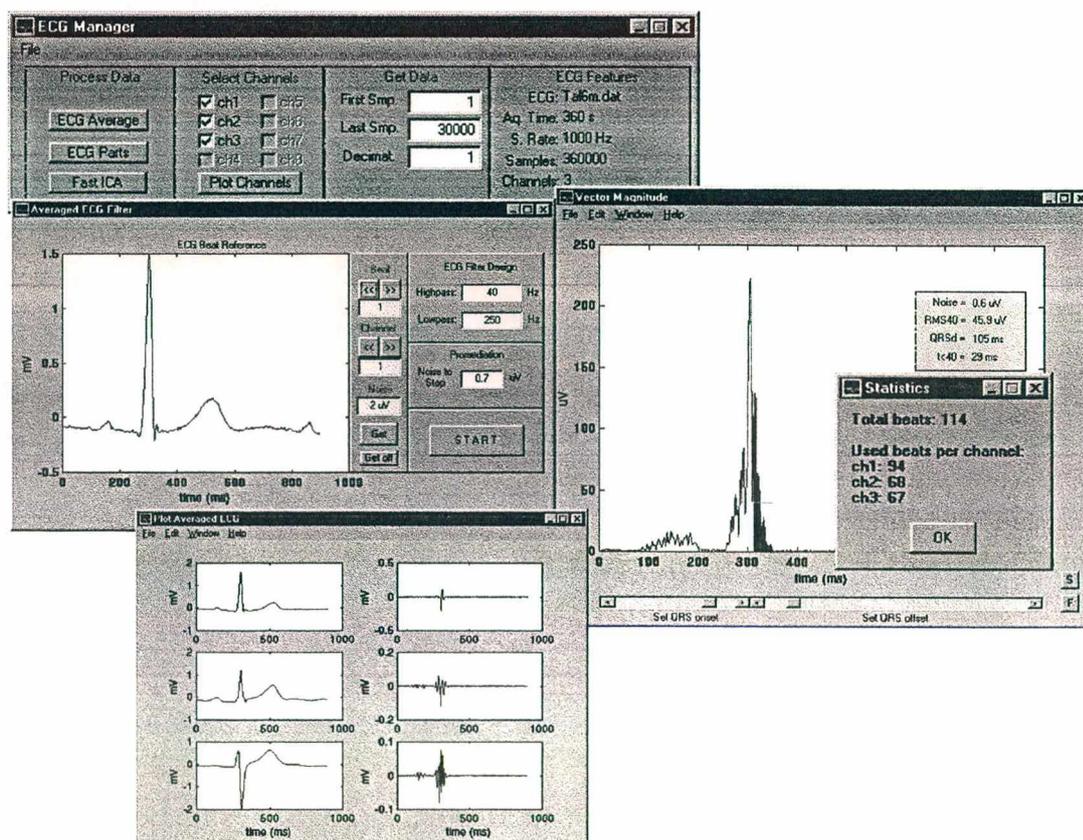


Figura 4.12 - Telas do programa de processamento do ECGAR.

4.5 Detecção dos Potenciais Tardios com ECGAR

Os PTVs normalmente manifestam-se nos últimos 40ms do complexo QRS, e, muitas vezes, não é clara a distinção entre o complexo QRS e os potenciais tardios [170,173]. Esforços têm sido feitos no sentido de aprimorar e eleger técnicas de processamento de sinais, a fim de se conseguir evidenciar as características dos PTVs no ECGAR.

Para caracterizar os potenciais tardios no domínio tempo usualmente são utilizados três parâmetros [180,188]: a) QRSd: duração do complexo QRS no VM [180,188]; b) $t_{<40}$: período que a porção terminal do VM (últimos 40 ms) fica abaixo de $40 \mu\text{V}$ por um tempo maior que 3ms [180,188] e c) RMS_{40} : valor médio quadrático da tensão dos 40ms finais do VM [180,188]. A medida precisa desses parâmetros depende, basicamente, da diferenciação entre sinal e ruído no VM. Por esse motivo, níveis aceitáveis de ruído após a promediação estão na faixa de $0,3 \mu\text{V}_{\text{RMS}}$ e $1 \mu\text{V}_{\text{RMS}}$, pois para níveis de ruído muito baixos, sinais espúrios (não PTVs) podem ser detectados, enquanto que níveis altos de ruído implicam em erros na medida dos parâmetros [180] (o ruído no VM é dado pelo valor médio de um segmento de 50ms do VM - 300 ms após o pico da onda R [139,180].)

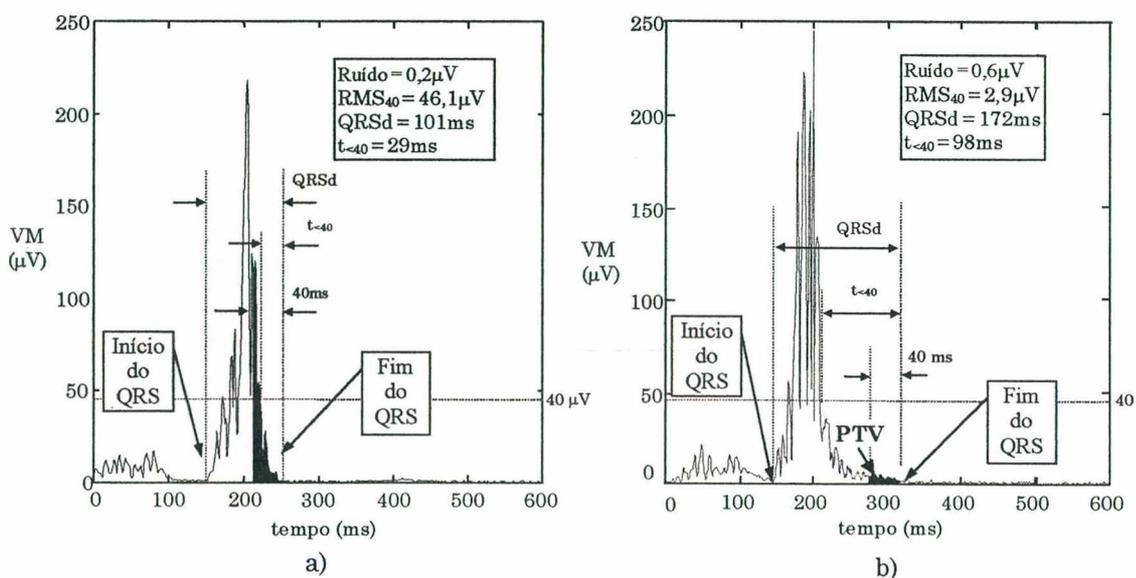


Figura 4.13 - a) Vetor Magnitude de um paciente normal (sem PTV), b) Vetor Magnitude de um paciente infartado, apresentando PTV.

A título de ilustração, na Figura 4.13 mostram-se os VMs e os parâmetros QRSd, $t_{<40}$ e RMS_{40} de um indivíduo normal e de um indivíduo que apresenta PTVs. A classificação dos parâmetros QRSd, $t_{<40}$ e RMS_{40} normalmente é baseada em limites

de decisão (valores limiares). Diversos estudos clínicos, envolvendo grupos de indivíduos sem histórico de problemas cardíacos e grupos de indivíduos pós-infartados, têm sido realizados para determinar limites de decisão padrões que possam ser empregados para separar indivíduos desses grupos. Parâmetros comumente aceitos como normais são $QRSd < 114\text{ms}$, $t_{<40} > 38\text{ms}$ e $RMS_{40} > 20\ \mu\text{V}$ [139,180] (filtro com banda passante de 40 Hz a 250 Hz), sendo que a presença de PTVs é determinada pela anormalidade de pelo menos dois dos parâmetros [139,180].

Conquanto a promediação, o vetor magnitude e a extração dos parâmetros $QRSd$, $t_{<40}$ e RMS_{40} sejam quase que um padrão na detecção de PTVs, várias outras abordagens têm sido desenvolvidas para tal fim. De modo geral, as técnicas utilizadas para auxiliar na detecção de potenciais tardios situam-se em três áreas: técnicas de remoção de ruído, técnicas para a extração de parâmetros que indiquem a presença de PTVs e técnicas para a classificação dos parâmetros.

O ruído remanescente no VM é determinante no resultado da extração das características $QRSd$, $t_{<40}$ e RMS_{40} [189,190]. Atarius e Sörnmo [191,192] apresentam uma modificação no processamento do ECGAR, onde os ciclos cardíacos de cada derivação X, Y, Z são combinados de forma ponderada e não pela simples média (promediação), assim obtendo uma filtragem mais intensa do ruído. Com essa estratégia esses autores obtiveram níveis de ruído aceitáveis nos sinais promediados empregando apenas 64 batimentos cardíacos. Isso equivale a pouco mais de 1 minuto de registro, o qual obtém-se sem artefatos mais facilmente, além de não ser necessário submeter o paciente a um período de registro longo e incômodo (quase imobilidade). Em outro trabalho, Atarius e Sörnmo [193] utilizam termos estatísticos de ordem superior (cumulantes) para sub-modelar o sinal de ECG médio, reduzindo, assim, o ruído. Ainda objetivando a redução de ruído, Barros *et al.* [109,110] e Wisbeck *et al.* [107,108,148,163-165,194] têm estudado o uso da análise em componentes independentes no intuito de remover artefatos do sinal de ECGAR, obtendo resultados promissores. Esses resultados são apresentados em detalhes no próximo capítulo.

Na extração de parâmetros que indiquem a presença dos PTVs, têm-se utilizado métodos de análise no domínio do tempo e no domínio da frequência. No domínio do tempo, como mencionado, basicamente são utilizadas as medidas $QRSd$, $t_{<40}$ e RMS_{40} . Por outro lado, Xue e Reddy [147] propuseram utilizar RNAs diretas multicamadas para extrair características diretamente do VM. Isso, interpretando as saídas dos neurônios da camada intermediária como características do VM, embora

sem que essas características possuam interpretação física. No domínio da frequência, têm-se empregado a transformada de Fourier [195,196], a transformada de Fourier de segmentos de sinal (*short time Fourier transform*) [197], os diagramas espectro-temporais [139,198,199], a análise biespectral [200] e a transformada *Wavelet* [201], em geral dos sinais promediados.

Os parâmetros para identificar PTVs na análise no domínio frequência dizem respeito à potência do sinal de ECG em uma determinada faixa de frequências. Segundo Marques [139], essa abordagem se baseia na hipótese de que os PTVs são caracterizados por componentes de frequência mais alta (25 a 250Hz) do que aquelas decorrentes da atividade normal do miocárdio e localizadas imediatamente após o complexo QRS.

Marques [139], empregando uma representação espectro-temporal obtida através de modelos autorregressivos, extrai como parâmetro indicador de PTV a razão A_R entre a potência total das componentes de 40 a 180 Hz presentes em uma região de 50ms logo após o final do QRS e das presentes em uma região de 50ms centrada no final do QRS. Em condições normais a potência na primeira região deve ser baixa, enquanto que se a potência na segunda região for alta, isso denota a presença de componentes de alta frequência e baixa amplitude, possivelmente PTVs. Marques [139] admite a presença de PTVs se $A_R < 33\%$.

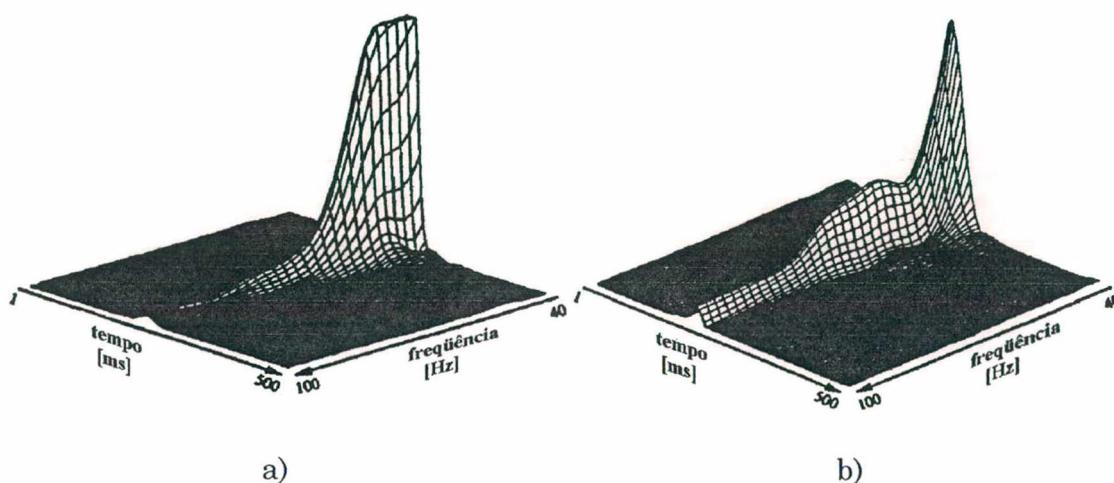


Figura 4.14 - Escalogramas de complexos cardíacos: a) sem PTV, b) com PTV.

A transformada *Wavelet* também tem sido empregada para obter representações espectro-temporais na ECGAR, com a vantagem de não serem necessários processos adaptativos e a escolha da ordem do modelo como nos modelos AR. Contudo, é necessário escolher a base de *wavelets* da transformada. Frente à

eletrocardiográficos obtidos em situações desfavoráveis, tais como os registros obtidos em unidades de tratamento intensivo (UTIs) ou os registros obtidos com o paciente submetido a exercício físico. Nas UTIs, os pacientes freqüentemente estão conectados a vários equipamentos elétricos que contribuem com sinais interferentes no registro do ECG. Ademais, em geral, os pacientes estão desconfortáveis e em condições instáveis, acarretando artefatos devido a movimentos, respiração, sinais eletromiográficos, etc. No caso dos registros com o paciente em exercício, o ECG é contaminado, principalmente, por: sinais eletromiográficos, artefatos derivados do movimento dos eletrodos, da respiração do paciente, da deterioração da interface pele-eletrodo (suor), etc.

Na detecção de PTVs, parte dos sinais interferentes no ECGAR pode ser atenuado mediante o emprego de filtros. Contudo, algumas componentes espectrais dos sinais interferentes podem estar sobrepostas ao espectro dos PTVs (40 a 250Hz), impossibilitando o uso de filtros para atenuar tais componentes. Um exemplo típico é a contaminação do ECGAR com a interferência de 60Hz da rede elétrica. Essa interferência está sobreposta à banda espectral dos PTVs e, portanto, sua atenuação com filtros convencionais implica também a atenuação da componente de 60Hz dos PTVs¹. Na análise em componentes independentes o sinal é decomposto em componentes² estatisticamente independentes, sem considerar suas estruturas freqüenciais, isto é, a separação das componentes procede mesmo que seus espectros em freqüência estejam sobrepostos.

O estudo da aplicação desse modelo de hibridação tem início com a averiguação da adequabilidade do problema aos modelos de mistura determinados pela ACI. Posto o objetivo de determinar a presença de PTVs, cuja metodologia é embasada em descritores dependentes da forma de onda do ECG (RMS_{40} , $QRSd$, $t_{<40}$), é necessário não distorcer o sinal de ECG. Por conseguinte, as abordagens envolvendo ACI com operações convolutivas ou não lineares estão descartadas³.

Dessa forma, conforme descreve a Definição 2 da ACI (Seção 2.7.3), é necessário que a mistura entre o sinal proveniente do miocárdio e os sinais

¹ Nesse caso poder-se-ia empregar um filtro adaptativo sincronizado com a interferência, pois tem-se acesso à fonte geradora. Por outro lado, isso não se aplica a uma série de outras interferências.

² Sinal proveniente do miocárdio e os sinais interferentes.

interferentes ocorra de forma linear e instantânea ($\mathbf{x}=\mathbf{A}s$). Por outro lado, essa mistura pode ser considerada apenas uma aproximação das interações entre os sinais que transitam por um organismo vivo. Para obter uma aproximação razoável ao modelo de mistura linear e instantânea, parte-se da hipótese de que existe uma configuração particular para o posicionamento de eletrodos capaz de fornecer registros para os quais tal modelo de mistura possa ser considerado válido.

Outro parâmetro relevante na estrutura do modelo de mistura é o número de geradores de sinais, que, geralmente, é desconhecido. Não existindo um método conhecido para determinar o número de geradores envolvidos, assume-se que para a composição dos q sinais registrados contribuam p componentes significativas (em termos de energia), sendo que as demais possam ser consideradas como ruído de nível insignificante.

A primeira etapa das investigações é destinada a determinar uma configuração apropriada para os eletrodos. Tal configuração deve permitir o registro de sinais de ECG modeláveis como misturas lineares e instantâneas do sinal do miocárdio⁴ com os sinais interferentes, ao menos de forma aproximada. O primeiro objetivo é conseguir uma configuração onde os sinais, especialmente os provenientes do miocárdio, apresentem a mesma morfologia. Para tanto, a abordagem adotada é a de colocar os eletrodos próximos uns aos outros. Supõe-se que sinais mensurados em regiões próximas sofrem praticamente as mesmas transformações convolutivas e/ou não lineares até chegarem à região, misturando-se de forma linear e instantânea ao chegarem nos pontos de leitura. Além disso, assume-se que transformações não lineares sejam desprezíveis após a mistura dos sinais. Isso, considerando que a mistura ocorra próxima ao sensor.

A primeira orientação tomada para o posicionamento dos eletrodos foram as linhas isolétricas descritas pelos potenciais da atividade do miocárdio. Inicialmente, procurou-se posicionar os eletrodos correspondentes às entradas positivas e negativas dos amplificadores sobre um par dessas linhas na superfície torácica diretamente sobre a região ocupada pelo miocárdio. Contudo, esse procedimento não se mostrou

³ A ACI, envolvendo misturas onde os sinais sofrem operações convolutivas ou não lineares, não apresenta solução única, recuperando componentes estatisticamente independentes mas que são qualquer versão não linear ou filtrada dos sinais originais (distorce os sinais).

⁴Entende-se que um registro de ECG corresponda a uma composição de sinais; um deles é resultante da atividade elétrica no miocárdio (sinal do miocárdio) e os demais são interferências (artefatos).

eficiente devido à grande variabilidade do posicionamento das linhas de paciente para paciente e ao tempo empregado para determiná-las.

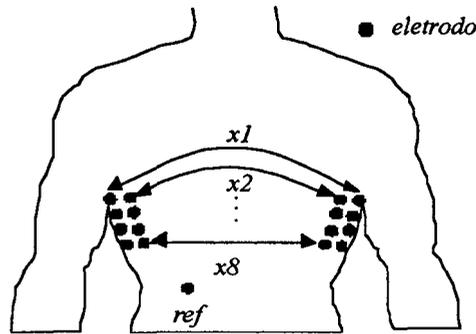


Figura 5.1 - Posicionamento de eletrodos para aplicação da ACI no ECGAR.

Em seguida, no intuito de diminuir a influência causada pelas diferenças anatômicas entre pacientes, decidiu-se afastar os eletrodos da região do miocárdio. Após algumas tentativas, chegou-se à configuração de eletrodos apresentada na Figura 5.1. Tal configuração, procura preservar a derivação ortogonal X empregada nos registros convencionais de ECGAR, fornecendo registros $\mathbf{x}=[x_1, x_2, \dots, x_8]$ onde as formas de onda dos sinais do miocárdio são bastante semelhantes.

Assumindo que a mistura dos sinais ocorra de modo linear e instantâneo, a segunda etapa das investigações foi destinada a averiguar a capacidade da ACI em separar o sinal do miocárdio dos sinais interferentes. Nesse caso, a ACI baseia-se em modelar os sinais que chegam a q receptores como uma soma ponderada de p sinais estatisticamente independentes. Logo se $\mathbf{s}(t)=[s_1(t), s_2(t), \dots, s_p(t)]$ é o vetor que consiste dos p sinais gerados pelas fontes e $\mathbf{x}(t)=[x_1(t), x_2(t), \dots, x_q(t)]$ é o vetor dos q sinais recebidos pelos sensores, então de acordo com a Definição 2 da ACI tem-se:

$$\mathbf{x} = \mathbf{A}\mathbf{s}, \quad (5.1)$$

onde \mathbf{A} é a matriz de associação dos sinais (em sistemas não estacionários a matriz \mathbf{A} pode ser variável ao longo do tempo, ou seja tem-se $\mathbf{A}(t)$).

O objetivo do algoritmo para ACI é encontrar a matriz \mathbf{W} que, multiplicada pelo vetor \mathbf{x} , recupere os sinais originais contidos em \mathbf{s} . Assumindo que a matriz \mathbf{A} é quadrada ($q \times q$) e invertível, a saída do algoritmo é:

$$\hat{\mathbf{s}} = \mathbf{W}\mathbf{x} = \mathbf{W}\mathbf{A}\mathbf{s}, \quad (5.2)$$

onde, idealmente $\mathbf{W}\mathbf{A}=\mathbf{I}$ (\mathbf{I} é a matriz identidade), no entanto, usualmente a matriz $\mathbf{W}\mathbf{A}$ opera a permutação e o escalonamento do vetor \mathbf{s} .

Conforme abordado na Seção 2.7.6, para alcançar a independência entre os sinais de $\hat{\mathbf{s}}$, vários algoritmos têm sido derivados a partir da otimização de funções

custo baseadas em medidas de entropia, informação mútua (IM), divergente de Kullback-Liebler (K-L), curtose, etc. Neste trabalho optou-se pelo uso do algoritmo de ponto fixo FastICA desenvolvido por Hyvärinen e Oja [138] devido à sua velocidade de convergência, não obstante, também averiguou-se o algoritmo ExtBS proposto por Bell e Sejnowski [121] que possibilita a adaptação da matriz \mathbf{W} em tempo real.

Hyvärinen e Oja [138] utilizam a curtose como função custo a ser otimizada. Para tanto, cada linha \mathbf{w}_j da matriz \mathbf{W} é ajustada com base no gradiente da curtose do sinal \hat{s}_j . O algoritmo proposto por Hyvärinen e Oja [138] para minimizar a curtose é definido como:

1. Inicialize aleatoriamente o vetor $\mathbf{w}(0)$ com norma unitária. Faça $k=1$.
2. Faça $\mathbf{w}^T(k) = E\{\mathbf{v}(\mathbf{w}(k-1)\mathbf{v})^3\} - 3\mathbf{w}^T(k-1)$. A esperança $E\{\cdot\}$ pode ser estimada usando-se uma amostra grande do vetor \mathbf{v} . O vetor \mathbf{v} é uma versão ortogonal de \mathbf{x} ($\mathbf{v} = \mathbf{U}\mathbf{x}$) de forma que $E\{\mathbf{v}\mathbf{v}^T\} = \mathbf{I}$.
3. Divida $\mathbf{w}(k)$ por sua norma.
4. Se $|\mathbf{w}(k)\mathbf{w}^T(k-1)|$ não estiver próximo o suficiente de 1, faça $k=k+1$ e volte para o passo 2. Caso contrário, aceite como resultado $\mathbf{w}(k)$.
5. Após o quarto passo, a estimativa \hat{s}_j do sinal s_i é dada por $\hat{s}_j = \mathbf{w}(k)\mathbf{v} \propto s_i$.

No caso de ser empregada a função custo geral, a expressão de $\mathbf{w}^T(k)$ no segundo passo é alterada de acordo com a Equação 2.56.

No algoritmo ExtBS a matriz \mathbf{W} é ajustada após a apresentação de cada vetor de leituras $\mathbf{x}(t_n)$, de acordo com a Equação 2.53. Nessa, empregando-se $g_1(y) = y^3$ e $g_2(y) = y$ tem-se $(\mathbf{W}(k) = \mathbf{W}(k-1) + \mu[(\mathbf{I} - (\mathbf{W}(k-1)\mathbf{v})^3)(\mathbf{W}(k-1)\mathbf{v})^T]\mathbf{W}(k-1))$. Para que a adaptação possa realmente ocorrer em tempo real, a ortogonalização $\mathbf{v} = \mathbf{U}\mathbf{x}$, também deve ser realizada em tempo real. Isso pode ser feito com o emprego de um algoritmo adaptativo (estocástico) destinado à análise em componentes principais (ACP) [162]. No entanto, nesses ensaios, a ACP não foi realizada de forma estocástica, tendo sido empregado o procedimento clássico para o cálculo da ACP.

Mediante a leitura de sinais de ECGAR, empregando a configuração de eletrodos apresentada na Figura 5.1 e os algoritmos descritos acima, foram realizados três experimentos. O primeiro e o segundo experimentos objetivaram averiguar as suposições feitas a respeito da mistura dos sinais nos registros de ECG e proporcionar uma comparação entre os algoritmos FastICA e ExtBS. O terceiro experimento visou determinar se a ACI seria capaz de remover artefatos do ECG sem mascarar a informação da presença de PTVs, contribuindo para diminuir o número de complexos

utilização da transformada *wavelet* neste trabalho, mostra-se na Figura 4.14 um exemplo da diferença entre os escalogramas (escala convertida para frequência central da banda) dos sinais promediados de pacientes com e sem PTVs [201]. A presença de PTVs acarreta o aparecimento de componentes de alta frequência no final do complexo QRS; componentes que não estão presentes no caso sem PTVs.

Normalmente, a classificação dos parâmetros que indicam a presença de PTVs é feita por métodos estatísticos (principalmente com relação à análise no domínio do tempo) [181]. No entanto, as redes neurais artificiais também vêm sendo empregadas no processo de classificação. Xue e Reddy [147], por exemplo, propõem uma RNA que recebe diretamente o vetor de magnitude VM como entrada e cuja saída indica a classe do sinal (com PTV ou sem PTV). Adicionalmente, propõem a combinação dos parâmetros QRSd, t_{-40} e RMS_{40} , representando características gerais do VM, com características distribuídas (detalhes do VM [147]) extraídas por parte da estrutura da RNA. Essa abordagem também é explorada neste trabalho. Quando da implementação das técnicas híbridas envolvendo RNAs e a transformada *wavelet* (Seções 5.3.3 e 5.3.4) tais parâmetros são fornecidos juntamente com os coeficientes da transformada *wavelet* do VM a uma unidade classificadora.

5. APLICAÇÃO DE TÉCNICAS HÍBRIDAS EM ECG DE ALTA RESOLUÇÃO

5.1 Introdução

O objetivo deste capítulo é averiguar a potencialidade das técnicas híbridas abordadas no Capítulo 3 em aplicações concernentes à eletrocardiografia de alta resolução (ECGAR). De forma similar a outras aplicações, a análise do ECG em alta resolução envolve o uso de várias técnicas de processamento até que se obtenha a informação desejada; neste trabalho, especificamente, a informação da presença ou não de potenciais tardios ventriculares nos sinais de ECG.

As técnicas propostas pretendem auxiliar na redução do nível de ruído, na redução de redundâncias, na caracterização dos sinais de ECGAR e na sua classificação. Os primeiros testes dizem respeito à combinação da análise em componentes independentes (ACI) com a promediação, sendo a ACI implementada na forma de uma RNA. A função da ACI é reduzir as interferências (artefatos) presentes nos sinais de ECGAR, melhorando, assim, a eficiência da etapa de promediação. Ressalta-se que tal redução deve ser alcançada sem que as deflexões relativas aos potenciais tardios ventriculares (PTVs) sejam mascaradas, permitindo a efetuação do diagnóstico.

Em seqüência, verifica-se a combinação da transformada *wavelet* com uma RNA de topologia direta e uma de topologia *counter-propagation*. Assim, visa-se efetuar, de forma automática e simultânea, a classificação e a extração das melhores características dos sinais de ECGAR.

5.2 ACI e Promediação

A ACI, como pré-processamento para a promediação, insere-se dentro do modelo Híbrido Seqüencial apresentado da Seção 3.2.1. Empregando essa abordagem, a ACI deve preparar o sinal para a promediação objetivando a potencialização das características da promediação. Isso é obtido mediante a remoção de artefatos do sinal de ECG, posto que na etapa de promediação muitos batimentos cardíacos são rejeitados por terem suas formas de onda alteradas pelos artefatos.

A motivação para essa abordagem deve-se à baixa qualidade dos registros

cardíacos rejeitados no processo de promediação.

5.2.1 Primeiro Experimento: ECG com Interferência de 60 Hz

No primeiro experimento foram registrados apenas dois sinais (posições x_1 e x_2 na Figura 5.1) fortemente contaminados por interferência da rede elétrica. Isso foi provocado intencionalmente desligando-se o circuito de guarda e referência ativa do amplificador além de alimentar o amplificador de ECG a partir da rede elétrica.

Inicialmente, simulou-se tal situação no intuito de verificar a capacidade do algoritmo para ACI em separar os sinais senoidais dos de ECG. Isso foi feito em decorrência da performance do algoritmo depender das distribuições estatísticas dos sinais envolvidos. Para simular essa situação, os sinais do vetor \mathbf{x} (x_1 e x_2) foram criados artificialmente pelas ponderações de uma senóide de 60 Hz com um sinal de ECG coletado com o sistema IsoData⁵ (amostrado em 1000 Hz), conforme é apresentado na Figura 5.2.

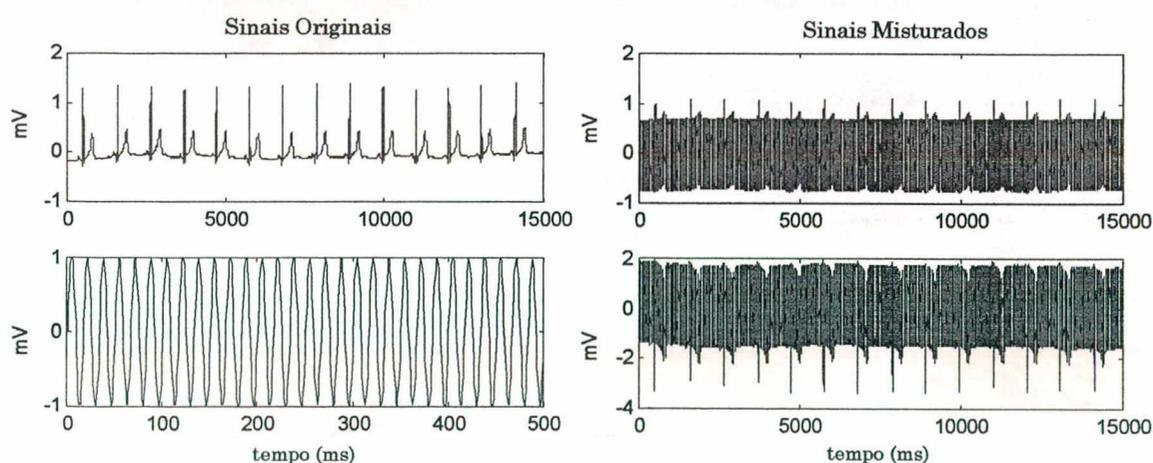


Figura 5.2 - Exemplo da mistura de um sinal de ECG com um sinal senoidal com frequência de 60 Hz (matriz de mistura $A=[0,29 \ 0,71;-1,34 \ 1,62]$).

Dois algoritmos foram testados para separar os sinais misturados artificialmente: o algoritmo ExtBS e o algoritmo FastICA. No primeiro caso, em se tratando de um ajuste estocástico da matriz de separação \mathbf{W} , foi verificado que a convergência do algoritmo de separação é bastante dependente do coeficiente de aprendizagem μ , podendo não convergir mesmo para pequenos valores desse coeficiente. Verificou-se que o algoritmo convergiu satisfatoriamente para coeficientes de aprendizagem inferiores a 0,002.

⁵ Sistema descrito no Capítulo 4.

Ainda com relação ao algoritmo ExtBS, notou-se que a convergência é mais rápida nas proximidades do complexo QRS (nos segmentos centrados no complexo QRS). Atribui-se essa diferença de velocidade ao fato dos segmentos TP comportarem-se praticamente como uma linha isoeétrica. Assim, nos segmentos TP tem-se, praticamente, apenas a informação concernente à interferência e, por conseguinte, o algoritmo não tem informação suficiente para direcionar a matriz W ao mínimo da função custo. Essa diferença em relação à convergência não foi notada no algoritmo FastICA, que realiza a atualização em lote (*batch mode*) da matriz W . Tal fato reforçou a decisão por se empregar o algoritmo FastICA no restante do trabalho.

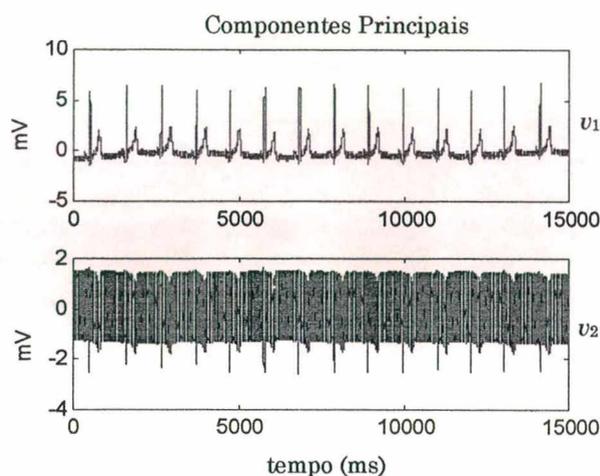


Figura 5.3 - Componentes Principais v_1 e v_2 das misturas x_1 e x_2 .

A seguir são apresentados os sinais relativos a uma das simulações realizadas. Para ambos os algoritmos é necessária a remoção da correlação de segunda ordem existente entre os sinais misturados. Para tanto, são obtidas as componentes principais v_1 e v_2 (Figura 5.3) dos sinais misturados x_1 e x_2 . A Figura 5.4 mostra os sinais concernentes ao uso do algoritmo ExtBS para separar o sinal de ECG da interferência de 60 Hz, enquanto que a Figura 5.5 apresenta o resultado obtido pelo algoritmo FastICA aplicado à mesma mistura.

Com relação à capacidade dos algoritmos em separar os sinais de ECG dos de interferência, o algoritmo ExtBS convergiu⁶ em média⁷ após o processamento de 18 complexos QRS. No tocante ao algoritmo FastICA, o algoritmo convergiu em média

⁶Critério de convergência: valor RMS do erro do sinal de ECG recuperado em relação ao original (normalizados para norma igual a 1) menor que $100\mu V_{RMS}$

⁷ A média refere-se a 20 simulações com matrizes de mistura diferentes e coeficiente de aprendizagem igual a 0,001.

após 5 iterações. Nesse caso foram utilizados segmentos de 2500 amostras (2,5 segundos do registro).

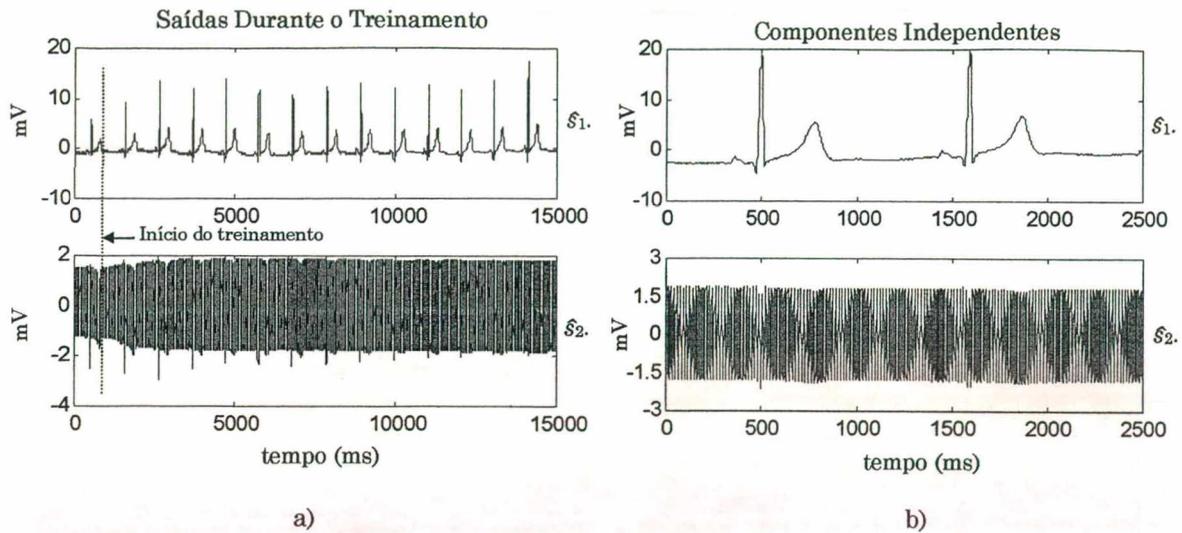


Figura 5.4 - Resultados da ACI com algoritmo ExtBS aplicada à mistura de ECG com interferência de 60Hz. a) Componentes independentes estimadas durante o treinamento da matriz W . b) Componentes independentes estimadas após o treinamento com a matriz de separação resultante $W=[16,57 \ -7,27; \ 1,48 \ 0,48]$.

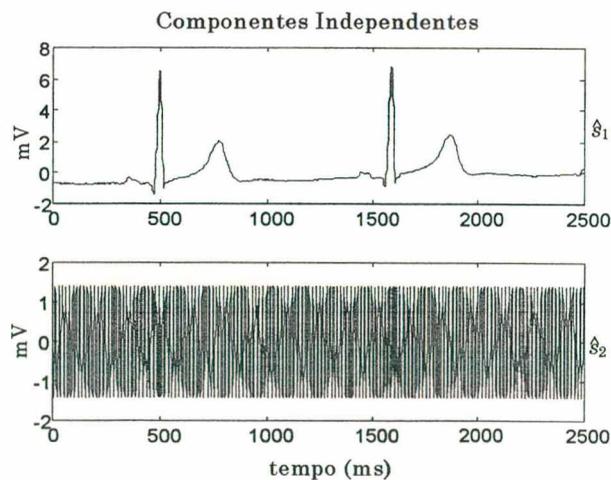


Figura 5.5 - Resultados da ACI com algoritmo FastICA aplicada à mistura de ECG com interferência de 60Hz (matriz de separação $W=[5,64 \ -2,48; \ -1,31 \ -0,29]$).

Prosseguindo, a ACI foi aplicada para processar sinais reais de ECG, fortemente contaminados com interferência de 60 Hz. Nesse caso, é esperado que a separação não seja tão bem-sucedida. Isso, devido à defasagem das componentes de 60Hz entre os sinais de ECG coletados em posições diferentes. Um exemplo de tal defasagem é apresentado na Figura 5.6, indicando que tais sinais sofrem transformações convolutivas ao se propagarem pelo meio orgânico.

Apesar disso, a redução no nível desse artefato ainda pode ser obtida com o uso

da ACI para misturas lineares e instantâneas (nesse caso é reduzida a parcela da componente em fase). Nesse experimento, empregou-se apenas o algoritmo de FastICA, obtendo-se resultados semelhantes aos apresentados na Figura 5.7. Como se observa, a redução do nível de interferência não é total. A redução média em 20 casos avaliados foi de 62 % (tomou-se como referência a menor amplitude do sinal de 60 Hz, medido no segmento TP do ECG contaminado).

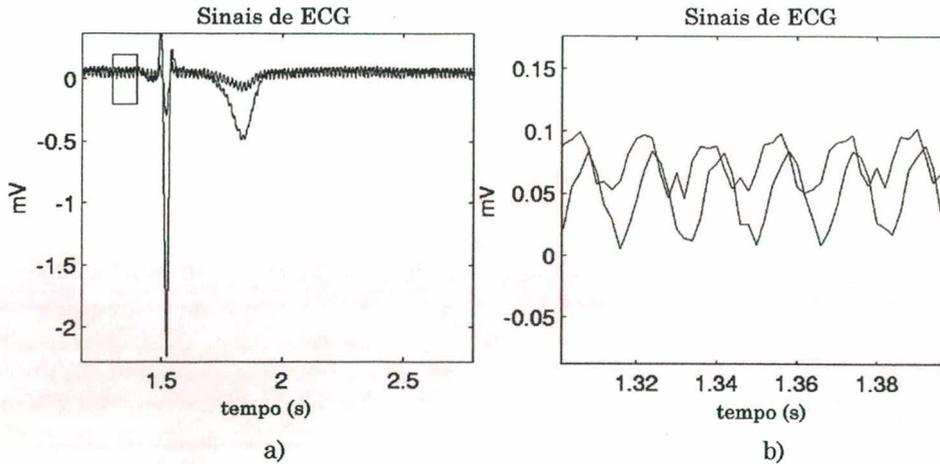


Figura 5.6 - a) Sinais de ECG contaminados com interferência de 60Hz. b) Ampliação mostrando a defasagem entre os sinais interferentes nos dois registros de ECG.

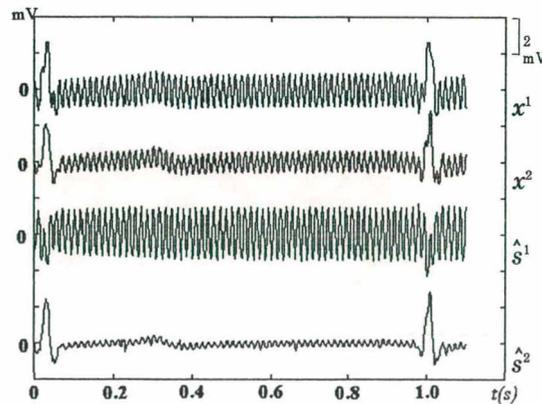


Figura 5.7 - ACI com algoritmo FastICA aplicada a sinais de ECG fortemente contaminados com interferência da rede elétrica.

5.2.2 Segundo Experimento: ECG e Artefatos de Respiração

Neste segundo experimento procurou-se averiguar a capacidade da ACI em tratar interferências com conteúdo espectral de maior energia em baixas frequências, principalmente os artefatos de respiração. O conteúdo espectral desses artefatos pode sobrepor-se às componentes espectrais do sinal do miocárdio, em particular as de mais

baixa frequência. Assim, esses artefatos afetam drasticamente a correlação entre os batimentos cardíacos, fazendo com que muitos deles sejam rejeitados no processo de promediação.

Além do deslocamento do miocárdio na caixa torácica, a respiração acarreta movimento da interface eletrodo-pele. Isso gera sinais interferentes que além de se somarem ao sinal do miocárdio também o modulam, caracterizando uma mistura não linear. Na Figura 5.8 é apresentado um exemplo de tal modulação.

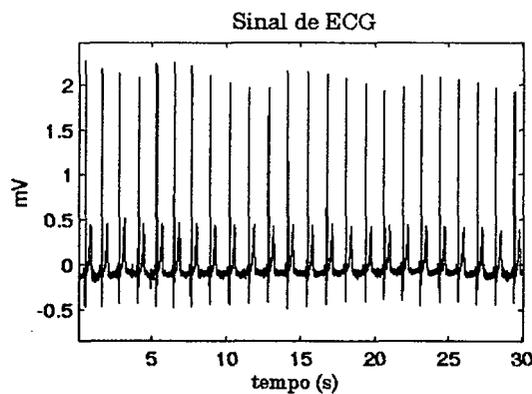


Figura 5.8 - Modulação e flutuação do ECG causadas por artefatos de respiração.

Novamente, apesar do comportamento não ideal desses artefatos (efeito não linear), a ACI é capaz de isolar parte de seus efeitos sobre os registros de ECG. Isso é mostrado na Figura 5.9, onde três registros de ECG, tomados sob controle para evitar outros sinais interferentes, são analisados com a ACI. Pode-se notar o isolamento da componente relativa à respiração em \hat{s}_3 e alguns artefatos de movimento em \hat{s}_2 , enquanto que em IC1 tem-se o sinal relativo à atividade do miocárdio. Observa-se também que apesar dos cuidados tomados para evitar outros sinais interferentes, existe a presença de interferência da rede elétrica e de ruído aleatório, os quais aparecem, principalmente, em conjunto com os artefatos de respiração e movimento (\hat{s}_2 e \hat{s}_3).

Observando ainda a Figura 5.9 nota-se que na componente \hat{s}_2 existe uma parcela do sinal sincronizada com o sinal do miocárdio. Isso decorre de pequenas diferenças entre as formas de onda do sinal do miocárdio presentes em cada registro original. Essas diferenças são mais acentuadas no complexo QRS, sendo entendidas, pelo algoritmo, como outra componente independente. Atribuem-se essas diferenças às transformações não lineares e/ou convolutivas impingidas ao sinal do miocárdio, que diferem em função do caminho percorrido pelo sinal para alcançar cada par de eletrodos.

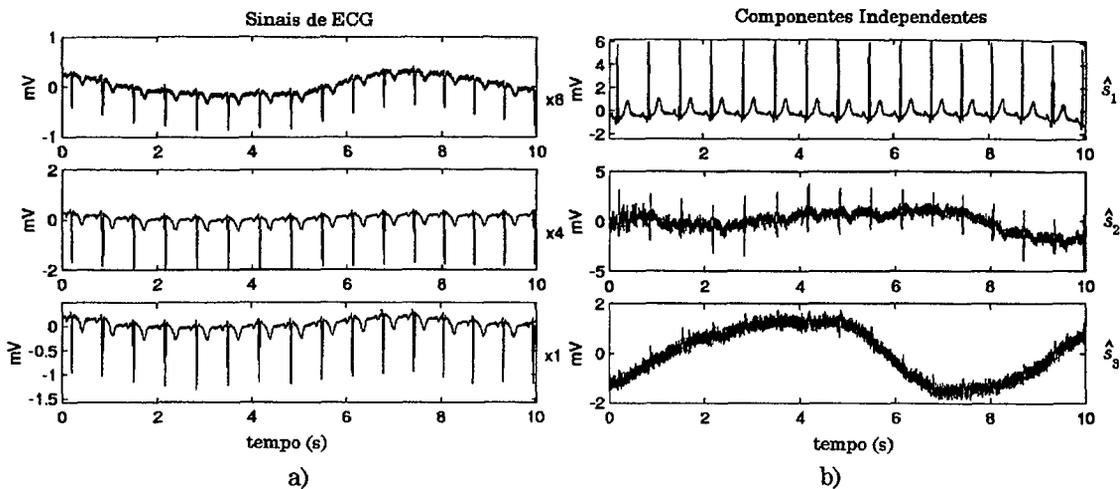


Figura 5.9 - a) Registros de ECG com artefatos de respiração e movimento. b) Separação efetuada pela ACI.

Barros, Mansour e Ohnishi [109] realizaram simulações envolvendo o isolamento de artefatos associados à respiração mediante o uso da ACI. Contudo em tais simulações foi suposto que a mistura entre os artefatos e o sinal do miocárdio ocorria de forma linear e instantânea (os sinais misturados foram criados artificialmente mediante a ponderação de um sinal de ECG com o de um artefato de respiração, ambos obtidos da base de dados MIT-BH). Contribuindo para esse estudo, no presente trabalho a ACI foi aplicada a oito sinais de ECG reais (x_1 a x_8), fortemente contaminados com artefatos de respiração e movimento. Tais sinais e os resultantes da separação são apresentados na Figura 5.10. Para melhor observar a sobreposição dos espectros dos sinais interferentes com o do miocárdio mostram-se, também, os espectros dos sinais de ECG e os espectros das componentes independentes. As escalas destes gráficos foram removidas para maior clareza da figura.

Como é possível notar, em condições mais severas os efeitos não lineares e convolutivos se agravam e a performance do algoritmo degrada. Todavia, ainda existe melhora na qualidade do sinal recuperado pela ACI (compare \hat{s}_3 com os ECGs registrados). Nesse caso a componente \hat{s}_3 foi a que melhor isolou o sinal relativo à atividade do miocárdio. Isso é notório ao se comparar a energia da primeira harmônica ($\cong 1,2$ Hz) com a energia da componente relativa aos artefatos de respiração e movimento ($\cong 0,2$ Hz) em \hat{s}_3 e nas demais componentes. Também observa-se que as diferenças relacionadas às transformações não lineares e convolutivas também se agravaram (em relação ao caso da Figura 5.9). Isso era previsível, dado a maior intensidade da parcela modulante dos artefatos. Por outro lado, nota-se que uma parcela significativa desse tipo de artefato é aditiva. Essa afirmativa justifica-se

ao se verificar que algumas componentes, \hat{s}_4 , \hat{s}_7 , \hat{s}_8 e \hat{s}_9 , referem-se basicamente a artefatos.

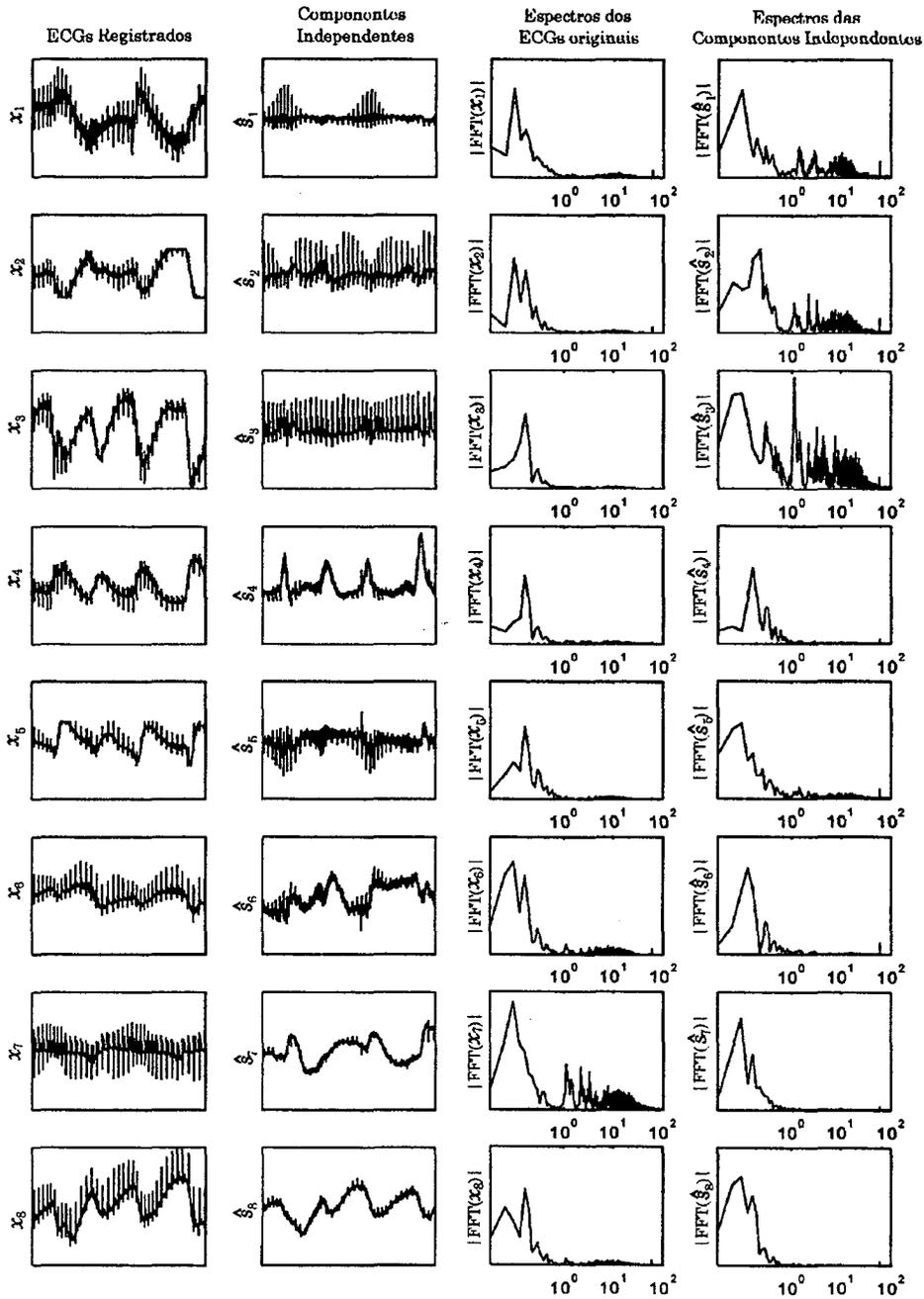


Figura 5.10 - ACI aplicada a sinais de ECG fortemente contaminados com artefatos de respiração e movimento (as abscissas dos espectros estão em Hz).

5.2.3 Terceiro Experimento: Detecção de PTVs

Este terceiro experimento visa: 1) investigar a capacidade da ACI em remover os artefatos dos registros de ECGAR, preservando as deflexões relativas aos PTVs e 2) averiguar os ganhos obtidos com o uso híbrido da ACI e da promediagem em relação

ao uso individual da promediação.

Para tanto, foram analisados quatro registros de ECGAR coletados de indivíduos pós-infartados que apresentavam PTVs. Os registros foram obtidos em uma UTI, até 72 horas após o infarto. Os indivíduos encontravam-se conectados a outros equipamentos eletromédicos, o que contribuiu para a contaminação dos registros de ECGAR com artefatos. De cada paciente foram obtidos os registros dos canais x_1 a x_8 , conforme a configuração dada na Figura 5.1, com duração de 6 minutos (em torno de 360 complexos QRS) e taxa de 1000 amostras por segundo. Contudo, na análise utilizou-se apenas os canais x_1 a x_7 dado que um dos registros apresentou problemas no oitavo canal (x_8).

Devido ao longo período de registro e a conseqüente elevada quantidade de dados a processar, optou-se por efetuar o processamento em partes, isto é, particionando os registros originais em segmentos de 10000 amostras (10 segundos). Essa abordagem mostrou-se apropriada, pois para segmentos maiores o algoritmo apresentou dificuldades na convergência e, quando convergiu, as componentes independentes não isolavam adequadamente a componente relativa à atividade do miocárdio. Atribui-se isso à provável variação da matriz de associação A ao longo do tempo, o que torna os sinais não estacionários devido a alteração ao longo do tempo do sistema gerador e do meio de propagação dos sinais. Logo, a segmentação dos sinais de ECGAR também possibilita o acompanhamento da variação da matriz $A(t)$.

Desse modo, para cada segmento p , de período Δt_p , determina-se uma matriz de desassociação W_p e o conjunto das n componentes independentes \hat{S}_p . Em seguida, para recuperar o sinal do miocárdio procede-se a anulação das componentes $\hat{s}_{ip}(t)$ em \hat{S}_p que correspondem aos artefatos (se $\hat{s}_{ip}(t)$ for artefato então $\hat{s}_{ip}(t)=0$), obtendo-se o conjunto de componentes \tilde{S}_p . A seguir, são estimados os sinais \tilde{x}_p nos receptores sem a contribuição dos artefatos mediante a projeção das componentes \tilde{S}_p no espaço das variáveis de entrada, conforme mostra a Equação 5.3.

$$\tilde{x}_p = W_p^{-1} \tilde{S}_p \quad (5.3)$$

Finalizando, calcula-se o valor médio do sinal do miocárdio na região em que foram colocados os eletrodos, isto é:

$$\bar{x}_p = \frac{1}{q} \sum_{i=1}^q \tilde{x}_{ip}, \quad (5.4)$$

onde \bar{x}_{ip} é a linha i de \tilde{x}_p . Ao ter estimado o sinal do miocárdio $\bar{x}_p(t)$ em todos os segmentos, eles são concatenados e o sinal resultante $\bar{x}(t)$ é levado à etapa de

promediação. Essa concatenação não deve interferir com o processo de promediação (deníveis podem inserir componentes de alta frequência no ECG). Para tanto, basta que a segmentação seja feita fora da janela de análise do ECGAR (200 ms antes e 400 ms após o pico da onda R). Na Figura 5.11 mostra-se o diagrama das etapas de processamento envolvidas nesta técnica híbrida.

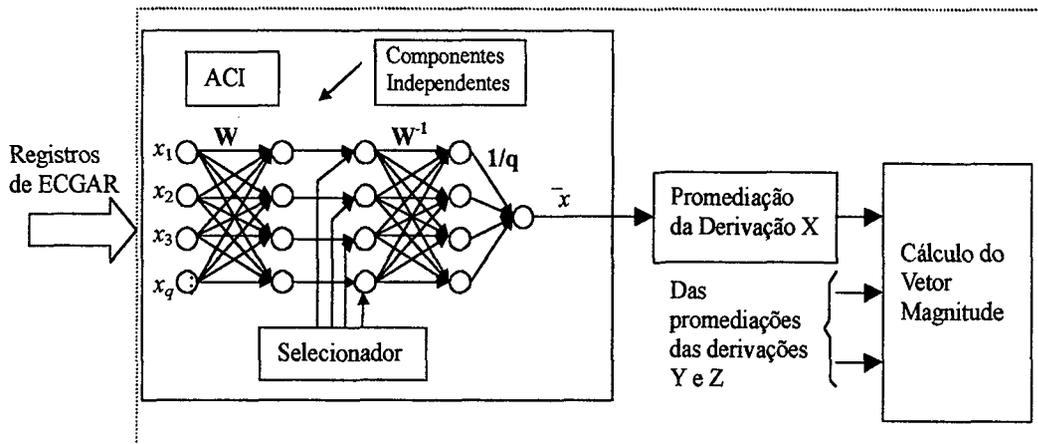


Figura 5.11 - Diagrama da técnica híbrida ACI-Promediação. Decomposição dos registros de ECGAR (x_1 a x_n , y_1 a y_n e z_1 a z_n) em suas componentes independentes; seleção das componentes independentes relacionadas com o sinal do miocárdio - cancelamento das componentes relativas a interferências; reconstrução dos registros de ECGAR sem as componentes interferentes; obtenção de um registro médio (\bar{x} , \bar{y} , \bar{z}) representante do ECGAR na derivação X, Y e Z; promediação dos registros médios (\bar{x} , \bar{y} , \bar{z}), obtenção do VM.

Esse procedimento foi aplicado aos primeiros 50 segundos dos registros de ECGAR dos quatro indivíduos infartados. No intuito de ilustrar o procedimento descrito, mostram-se a seguir os sinais relativos ao processamento do registro de um indivíduo (Caso 1 – registro efetuado 10 horas após o infarto). Na Figura 5.12 é apresentado o registro de 50 segundos (64 batimentos) com os 7 sinais de ECGAR seguindo a configuração proposta na Figura 5.1.

Os cinco segmentos de 10 segundos foram processados com o algoritmo FastICA. Na Figura 5.13 mostra-se o resultado da ACI aplicada ao primeiro segmento de 10 s. Conforme se observa é possível isolar alguns artefatos (artefatos de respiração, movimento, 60 Hz e ruído aleatório). No cálculo de \bar{x}_p , a primeira e terceira componentes foram mantidas e as demais foram anuladas (operação efetuada pelo selecionador). Em seguida, de acordo com a Equação 5.4, estimou-se o ECGAR médio $\bar{x}_p(t)$ na região ocupada pelos eletrodos. Após efetuar este procedimento para os 5 segmentos de 10 s, eles foram concatenados, resultando em um registro único $\bar{x}(t)$ de 50 segundos, apresentado na Figura 5.14. Esse registro é, então, submetido à promediação.

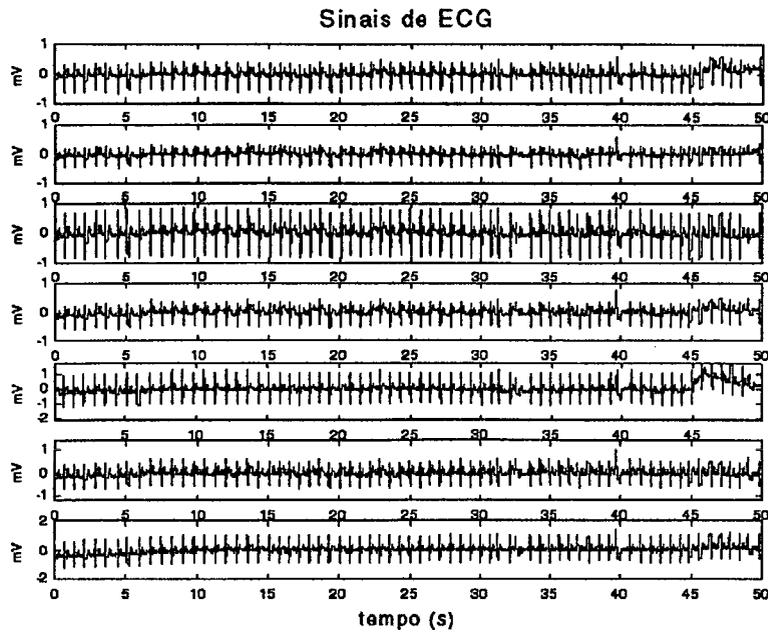


Figura 5.12 - Registro de ECGAR (primeiros 50 s) de um indivíduo 10 horas após o infarto.

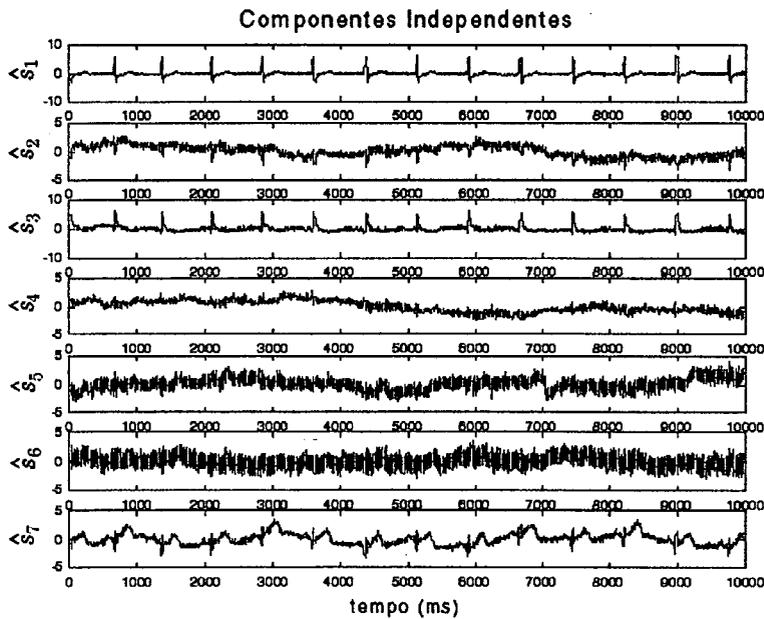


Figura 5.13 - Componentes Independentes do primeiro segmento de 10 s do ECGAR.

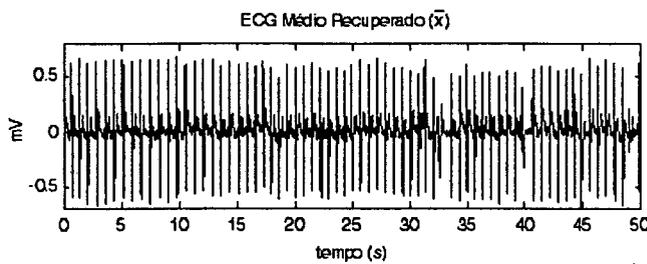


Figura 5.14 - ECGAR na derivação X, estimado com auxílio da ACI.

Para averiguar a contribuição deste processamento para a etapa de promediação, efetuou-se a promediação de cada um dos sete sinais do registro e do sinal \bar{x} . No processo de promediação foram aceitos batimentos com fator de correlação maior que 99% e que ao serem aceitos não diminuam a relação sinal-ruído no ECGAR promediado. Na Tabela 5.1 são apresentados o número de batimentos de cada registro (x_1 a x_7 e \bar{x}) aceitos segundo esse critério, bem como o ruído residual e a relação sinal-ruído (SNR) no VM.

Tabela 5.1 - Características da promediação nos registros de ECGAR originais e no processado com ACI.

	x_1	x_2	x_3	x_4	x_5	x_6	x_7	\bar{x}
Bat. Totais	64	64	64	64	64	64	64	64
Bat. Aceitos	20	26	26	23	12	26	12	40
Ruído μV_{rms}	0,9	0,8	1,1	0,8	2	1,7	7,9	0,8
SNR _{db}	14	13	21	18	20	15	8	24

Na Figura 5.15 mostra-se o resultado do ECGAR promediado a partir de \bar{x} , sua filtragem bidirecional (40Hz 250 Hz) e seu valor absoluto (a escala do valor absoluto está multiplicada por $\sqrt{3}$ para equiparação com a amplitude do VM - calculado a partir das derivações X, Y, Z). Embora esse procedimento não resulte no vetor magnitude (pois não leva em consideração as projeções dos PTVs nos eixos Y e Z) ele possibilita a comparação do processamento do ECGAR com e sem o pré-processamento feito pela ACI. Para se obter o VM seria necessário mais dois conjuntos de medidas simultâneas relativas ao eixo Y e Z (nesse caso seriam necessários mais 16 canais de leitura). Isso não foi realizado em função da limitação dos 8 canais de leitura do IsoData.

Observando o valor absoluto do ECG promediado e filtrado na Figura 5.15, nota-se que o processamento com ACI mantém, de forma satisfatória, a informação da presença dos PTVs. Isso também foi notado nos outros três registros analisados. Também é evidente, como mostra a Tabela 5.1, que a ACI melhora a qualidade do sinal a ser promediado. Em termos de batimentos cardíacos aceitos na promediação houve, para este caso, um acréscimo de 21%, enquanto que a relação sinal-ruído no valor absoluto do sinal promediado aumentou 3 db em relação ao melhor registro individual x_3 .

Os resultados relativos aos outros três casos analisados, juntamente com o do

caso apresentado (Caso 1), constam de forma resumida, na Tabela 5.2. São apresentados o número de batimentos de cada registro de 50 s, o maior número de batimentos aceitos e a maior relação sinal-ruído entre os sinais originais (x_1 a x_7). De forma comparativa apresentam-se os mesmos dados para os sinais recuperados com a ACI.

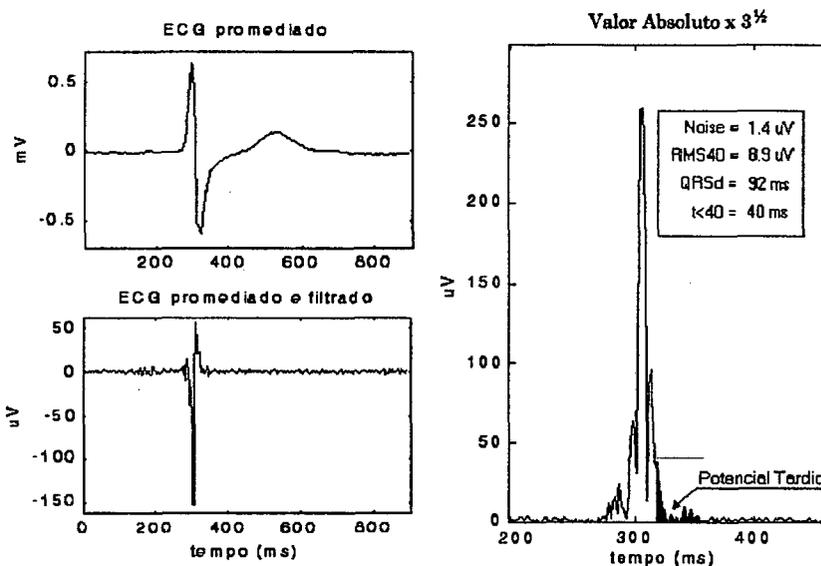


Figura 5.15 - Promediação do ECGAR após o processamento com ACI.

Tabela 5.2 - Características comparativas da promediação sem e com a ACI.

	Caso 1		Caso 2		Caso 3		Caso 4	
	x_i	\bar{x}	x_i	\bar{x}	x_i	\bar{x}	x_i	\bar{x}
Total de batimentos	64	64	62	62	51	51	56	56
Batimentos aceitos	26	40	30	45	22	32	30	48
SNR _{db}	21	24	19	24	18	22	23	27

Esses resultados fornecem um indicativo de que a ACI como pré-processamento para a promediação é capaz de melhorar sensivelmente a qualidade do sinal, aumentando o número de batimentos aceitos para promediação, bem como a relação sinal-ruído no VM resultante. Por conseguinte, o tempo de registro pode ser diminuído. Também observa-se que as deflexões relativas aos PTVs são preservadas, o que é primordial para a aplicação em questão. Todavia, existem etapas que ainda necessitam da intervenção do operador (seleção das componentes independentes e do batimento padrão no processo de promediação). Essa dependência representa uma

fonte de discrepâncias para os resultados, contudo, o aperfeiçoamento dessa técnica pode levar a algoritmos que automatizem esse processo. Um exemplo desses algoritmos é o proposto por Barros *et al.* [118] para extração sequencial das componentes independentes.

5.3 RNAs e a Transformada *Wavelet*

Tendo por base o modelo híbrido apresentado na Seção 3.5.2, nesta seção investigam-se as potencialidades do hibridismo entre a transformada *wavelet* e as RNAs na detecção de PTVs em sinais de ECGAR. Essa técnica diferencia-se por sua capacidade de extrair automaticamente características otimizadas (em relação ao classificador) dos sinais processados e simultaneamente classificá-los. Ressalta-se que os critérios para a classificação, bem como a forma pela qual as características são extraídas, são determinados através de um processo de treinamento.

O diagrama estrutural da técnica é apresentado na Figura 5.16 e recebe como entradas o VM e algumas de suas características previamente selecionadas. Os parâmetros RMS_{40} , $t_{<40}$ e $QRSd$ são empregados como “outras características”, representando características gerais do VM [147]. Essas, em conjunto com a característica dada pela saída da transformada *wavelet*, são levadas ao classificador.

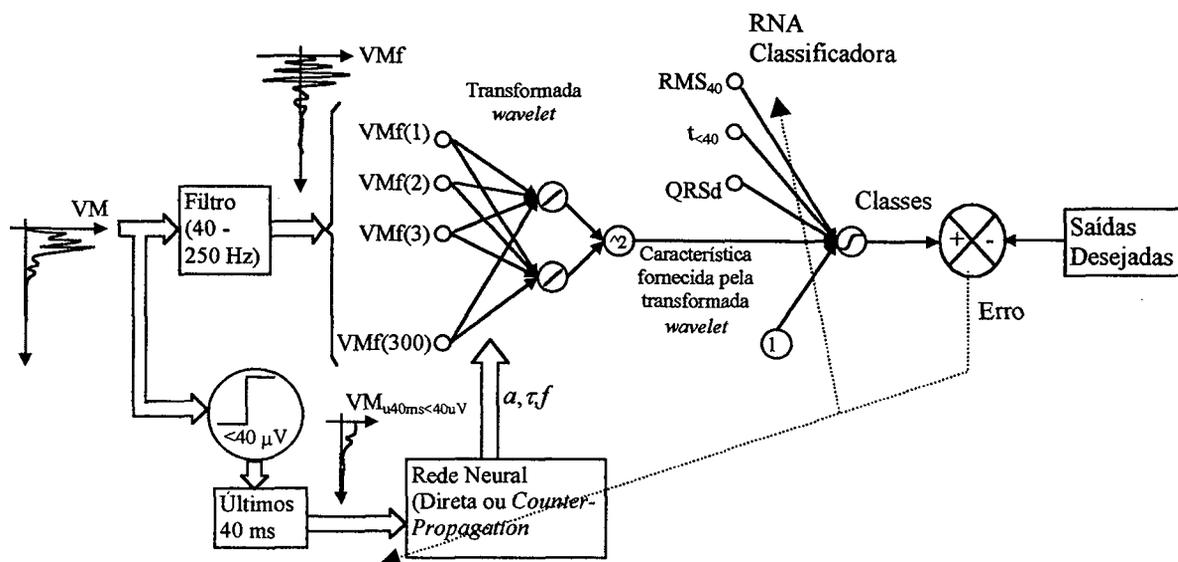


Figura 5.16 - Diagrama representando a técnica híbrida envolvendo RNA e transformada *Wavelet*.

O classificador foi implementado utilizando-se uma RNA direta com duas camadas (RNA1). Sua estrutura é composta de cinco neurônios com função de ativação linear na camada de entrada (sendo um de polarização) e um neurônio na camada de

saída com função de ativação do tipo tangente hiperbólica (classificador com função de decisão linear). A operação da transformada *wavelet* é implementada segundo uma estrutura de RNA, recebendo um segmento de 300ms do VM (VMf) como entrada. Para o cálculo da transformada *wavelet* empregou-se a *wavelet* de Morlet ($\varphi = e^{-(t-\tau)^2/2a} e^{-j2\pi f(t-\tau)/a}$ - Seção 2.6.2). A escolha dessa *wavelet* tem por objetivo permitir a comparação da técnica proposta neste trabalho com a rede *wavelet* empregada por Dickhaus e Heinrich em [140], que também emprega essa *wavelet*. Ressalta-se que essa etapa é responsável pela extração de características, segundo Xue e Reddy [147], relativas a detalhes do VM.

A transformada *wavelet* calcula apenas um coeficiente no plano escala tempo. No entanto, sendo os parâmetros escala, translação e frequência (a , τ e f) dependentes do sinal de entrada, tal coeficiente pode se referir a qualquer coordenada do plano escala tempo. Essas coordenadas são determinadas pelas saídas de uma segunda RNA (RNA2), cuja entrada também é um segmento do VM (VM_{u40ms<40µV}). Isso significa que, dependendo do sinal de entrada, essa RNA determina qual a posição do plano escala tempo em que a transformada *wavelet* fornece o melhor coeficiente para determinar a presença de PTVs no sinal, ou seja, determina a melhor característica para o classificador.

Para quantificar a eficiência do processamento efetuado pela técnica híbrida empregou-se como índice de comparação a distância euclidiana média entre as características dos indivíduos com e sem PTVs. Essa distância é calculada como segue [147]:

$$de = \frac{\sum_{i=1}^n (c_{1i} - c_{2i})^2}{n}, \quad (5.5)$$

onde n é o número de características que formam um padrão, c_{1i} é a média das características i dos indivíduos com PTV e c_{2i} é a média das características i dos indivíduos sem PTV.

Objetivando quantificar a importância relativa das características fornecidas à etapa classificadora da técnica híbrida, utilizou-se a sensibilidade do resultado da classificação em relação à essas características. A sensibilidade é dada por [147]:

$$Ss_i = \frac{\partial y}{\partial c_i} \quad (5.6)$$

onde y é a saída da etapa classificadora e c_i uma característica de entrada dessa etapa.

Nas seções seguintes apresentam-se os resultados relativos à implementação da técnica híbrida com duas topologias de RNAs responsáveis por determinar os parâmetros escala, translação e frequência. São elas: uma RNA direta multicamadas e uma RNA do tipo *counter-propagation*. Essa segunda implementação visa a redução dos graus de liberdade da técnica híbrida (apenas um neurônio da camada escondida é ativado por vez na rede *counter-propagation*).

5.3.1 Padrões de Treinamento e Teste

Os padrões de entrada VMf para a transformada *wavelet* consistem de segmentos dos VMs. Cada padrão VMf corresponde a um segmento de 300 ms do VM (300 amostras a contar do início do QRS) filtrado de forma bidirecional com um filtro passa-baixas e um passa-altas perfazendo uma banda passante de 40 a 250 Hz (filtros de quarta ordem tipo Butterworth). Essa filtragem intenciona remover componentes de baixa frequência do VM que são criadas em função da operação do cálculo do módulo do VM (Equação 4.1). Ressalta-se que as componentes relativas aos PTVs encontram-se principalmente na faixa de frequências de 40Hz a 250Hz [139,181] e que a operação efetuada pela transformada *wavelet* é equivalente a uma filtragem com um filtro passa-banda (Seção 2.6.6). Assim, é desnecessário processar componentes do VM fora dessa faixa de frequências (em [140] Dickhaus e Heinrich também se utilizam dessa operação).

Para as RNAs direta ou *counter-propagation* os padrões de entrada $VM_{u40ms < 40\mu V}$ correspondem às amostras dos últimos 40ms do VM, a contar retrogradamente do final do QRS, e abaixo de $40 \mu V$ (se o valor estiver acima então é igualado a $40 \mu V$). Nesse caso, pretende-se que a RNA determine os parâmetros da *wavelet* com base em características do final do QRS, ou seja, características associadas às deflexões relativas aos PTVs. Deflexões superiores a $40 \mu V$ normalmente não são indicativos de PTVs e, portanto, não são empregadas para diferenciar indivíduos com e sem PTVs. Na Figura 5.17 apresenta-se o pré-processamento empregado para obter os padrões de entrada para essa técnica híbrida.

Nos treinamentos dos pesos sinápticos da RNA classificadora e das RNAs responsáveis por determinar os parâmetros da transformada *wavelet* foram utilizados como padrões de treinamento os VMs de 25 indivíduos normais (12 extraídos da base de dados do projeto SEARCH [187] e 13 coletados e processados com os sistemas desenvolvidos para este trabalho - IsoData) e 35 de indivíduos com PTVs (20 da base

SEARCH [187], 4 coletados com o IsoData e 11 da base de dados de Marques). O conjunto de teste consiste de 10 VMs de indivíduos normais (IsoData) e 10 de indivíduos com PVTs (5 da base de dados do projeto SEARCH [187], 5 da base de dados de Marques [139]) não empregados no treinamento.

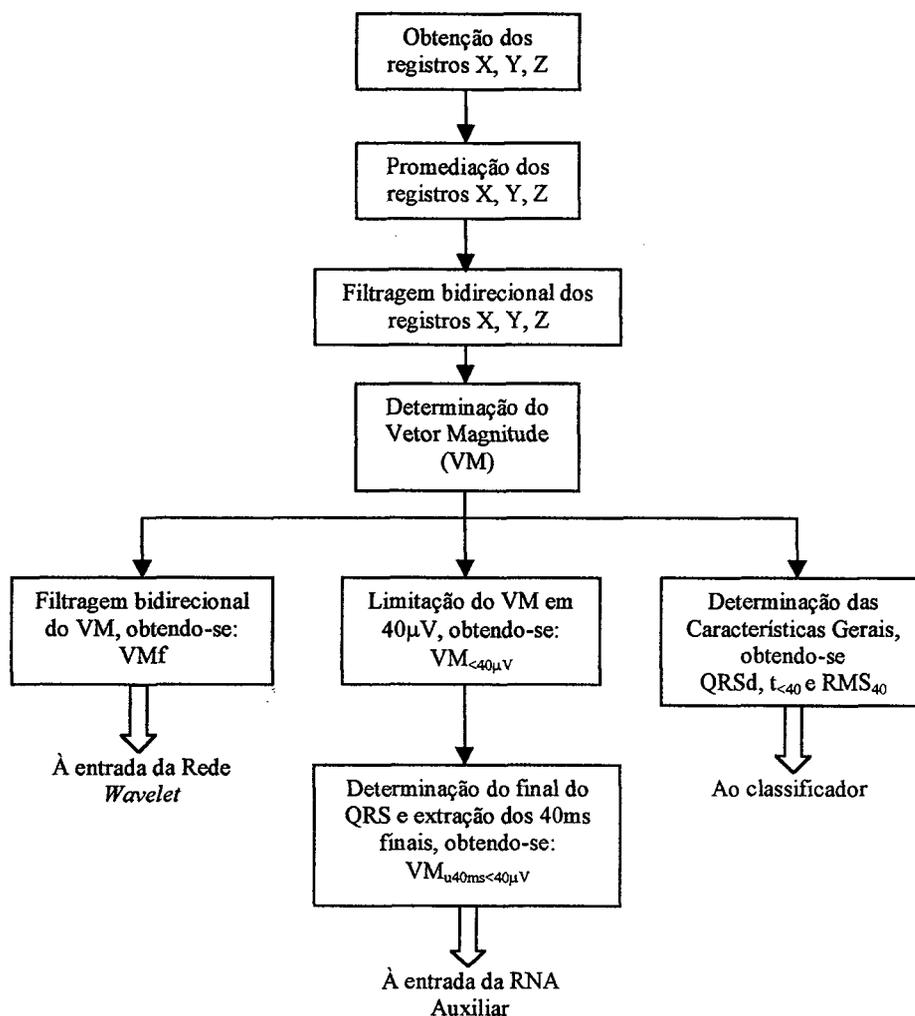


Figura 5.17 - Diagrama do pré-processamento do ECGAR para a técnica híbrida.

Para aumentar a quantidade de padrões e simular erros na detecção do final do QRS, que depende do nível de ruído residual no VM, cada um dos 60 padrões de treinamento e dos 20 de teste foi utilizado para gerar outros 4 padrões. Esses padrões consistem de translações aleatórias de até 5ms dos VMs originais, totalizando assim 300 padrões de treinamento e 100 de teste. Esse procedimento também foi utilizado por Xue e Reddy em [147] e embora não aumente a confiabilidade dos resultados fornecidos pela técnica híbrida auxilia a evitar que a técnica forneça resultados absurdos para padrões levemente diferentes dos utilizados no treinamento. Os padrões de saída desejados foram 1 para sinais com PTV e -1 para os sem PTV.

Para os VMs que formam o conjunto de padrões de treinamento a distância euclidiana média, calculada conforme a Equação 5.5, foi de 0,012, e para os padrões do conjunto de teste foi de 0,009. Após o processamento as características extraídas dos VMs são os parâmetros RMS_{40} , $t_{<40}$ e $QRSd$ e o coeficiente fornecido pela transformada *wavelet*.

Para inicializar os pesos sinápticos das RNAs tomou-se por base o prévio conhecimento a respeito do conteúdo espectral normalmente apresentado pelos PTVs. A RNA que fornece os parâmetros para a *wavelet*, foi inicializada de modo que o parâmetro escala a tivesse valor médio $a_m=4,5 \cdot 10^{-3}$, a frequência f o valor médio $f_m=150$ Hz e a translação τ o valor médio $\tau_m=100$ ms. Para tanto, os pesos de polarização dos neurônios de saída foram inicializados com a_m , f_m e τ_m . Os demais pesos sinápticos foram inicializados com valores aleatórios (distribuição uniforme) entre -0,01 e 0,01, garantindo uma pequena flutuação dos parâmetros a , τ e f em torno de seus valores médios iniciais. Tal faixa de valores também foi empregada para inicializar os pesos da RNA classificadora.

5.3.2 Treinamento

O treinamento das RNAs segue o procedimento descrito na Seção 3.5.2. No treinamento das RNAs foi empregado um algoritmo do tipo *back-propagation* (Seção 2.5.7). No caso em que se empregou a RNA *counter-propagation* o treinamento dessa ocorreu em separado, sendo apenas os pesos da camada linear de saída treinados pelo algoritmo *back-propagation*. Nesse caso, a camada auto-organizável da RNA *counter-propagation* agrupa os seus padrões de entrada em grupos semelhantes, os quais, supõe-se, apresentam características espectrais semelhantes.

O treinamento com o algoritmo *back-propagation*, em ambos os casos, correspondeu a 100000 iterações com coeficiente de aprendizagem fixo de 0,002 (foram averiguados valores maiores, contudo o processo de treinamento tornou-se instável). Durante o treinamento, no intuito de evitar alguma tendência dos pesos sinápticos relacionada à ordem de apresentação dos padrões de treinamento, essa ordem foi alterada de forma aleatória a cada 100 iterações.

5.3.3 Resultados com a RNA Direta Multicamadas

Para fornecer os parâmetros a , τ , f , empregou-se uma RNA direta de três camadas. A estrutura dessa RNA é composta de 41 neurônios na camada de entrada

(sendo um de polarização), 3 neurônios na camada escondida com função de ativação do tipo tangente hiperbólica e 3 neurônios na camada de saída com funções de ativação lineares, conforme mostra a Figura 5.18.

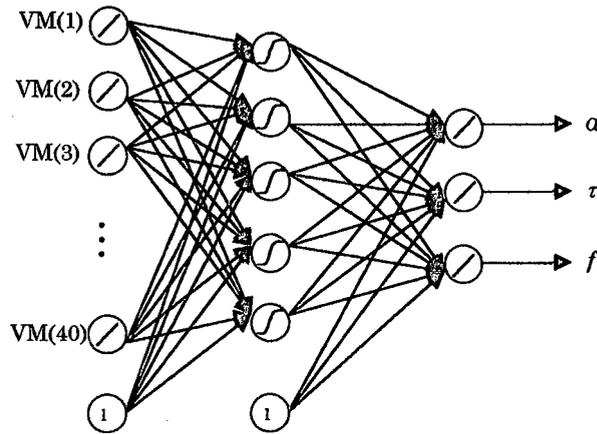


Figura 5.18 - RNA direta empregada para determinar os parâmetros α , τ , f da *wavelet* de Morlet.

Empregando essa estrutura foram realizados cinco treinamentos correspondentes a inicializações diferentes e aleatórias dos pesos sinápticos. Após 100000 iterações o menor erro médio quadrático foi 0,032 e o maior 0,21 para o conjunto de padrões de treinamento. Com relação ao conjunto de teste, o menor erro de generalização ocorreu para o treinamento descrito pela curva em azul, apresentando um erro de 0,17 para o conjunto de teste, conforme mostra a Figura 5.19. Observa-se ainda a especialização da rede nos dados de treinamento após a iteração 49234.

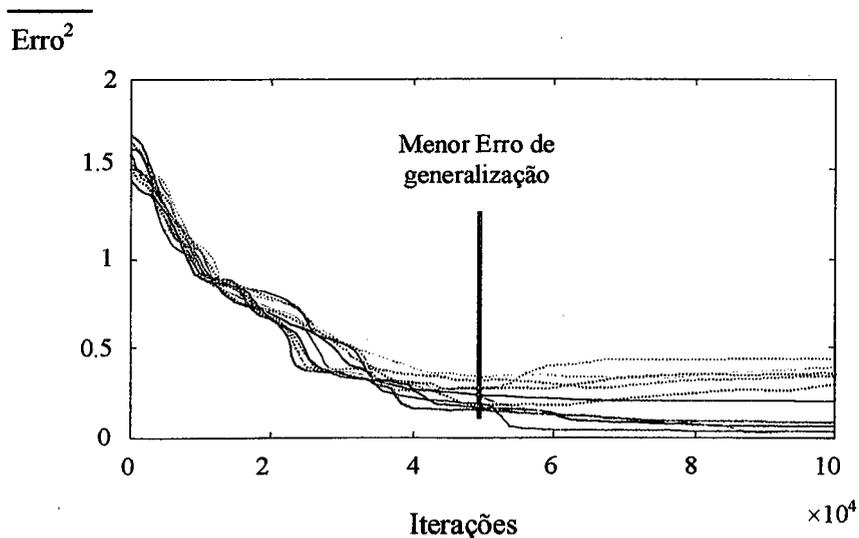


Figura 5.19 - Erro médio quadrático da classificação em relação ao conjunto de padrões de treinamento (linhas cheias) e de teste (linhas tracejadas).

Na Figura 5.20a apresenta-se a saída da RNA classificadora (conjunto de pesos sinápticos relativos ao treinamento com menor erro de generalização) para os padrões de teste. Após o treinamento, a técnica híbrida apresentou um índice de acerto de 86%, sendo que entre os indivíduos classificados erroneamente encontram-se 5% de falsos negativos e 9% de falsos positivos. Esses índices consideraram com PTV os indivíduos cuja saída da RNA classificadora estava acima do nível de decisão igual a $-0,1$ (nível de decisão que apresentou maior índice de acerto).

A distância euclidiana média entre as características RMS_{40} , $t_{<40}$ e $QRSd$ e o coeficiente da transformada *wavelet* dos padrões com e sem PTV foi de 0,36, contrastando com a distância de 0,012 medida para os padrões de entrada. A contribuição do coeficiente (característica) da transformada *wavelet*, para tal distância euclidiana, foi de 0,11. Isso mostra que a característica extraída pela transformada *wavelet* contribui para aumentar a separação entre os grupos com e sem PTVs.

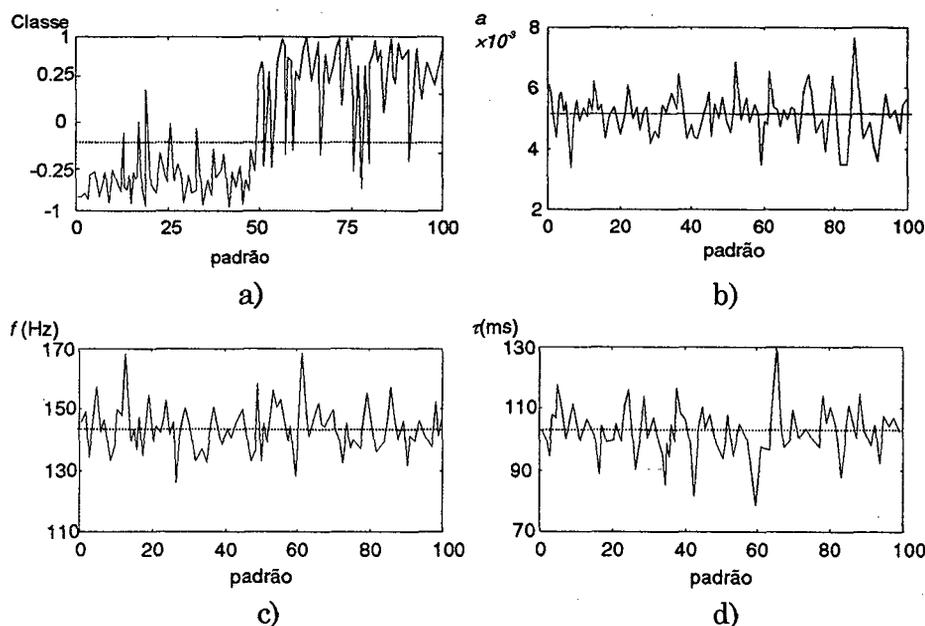


Figura 5.20 - a) Saída da RNA classificadora, b) escala, c) frequência e d) translação em função dos padrões de teste.

Conforme mostram as Figuras 5.20b, c, d os parâmetros escala, translação e frequência do coeficiente da transformada *wavelet* não apresentaram comportamento particular em função dos dados extraídos das três diferentes bases de dados. Para os padrões do conjunto de teste foram obtidos os seguintes valores médios: $a_m = 5,2 \cdot 10^{-3}$, $f_m = 146\text{Hz}$, e $\tau_m = 106\text{ms}$, com desvios padrões de $\delta a = 0,6 \cdot 10^{-3}$, $\delta f = 11,6\text{Hz}$ e $\delta \tau = 9,2\text{ms}$. Observa-se que esses valores médios e desvios padrões estão em concordância com a literatura a respeito do conteúdo espectral dos PTVs (40 a 250Hz) e da posição

temporal (100ms em relação ao início do complexo QRS).

No tocante à sensibilidade da saída da RNA classificadora, o parâmetro ao qual a saída apresentou maior sensibilidade foi o QRSd (70% de variação para 1% de variação do parâmetro), seguido do RMS₄₀ (46%), coeficiente da transformada *wavelet* (16%) e $t_{<40}$ (9%). Observa-se que a característica extraída pela transformada *wavelet* contribui mais efetivamente para a identificação dos indivíduos com e sem PTVs do que a característica classicamente empregada $t_{<40}$.

5.3.4 Resultados com a RNA *Counter-Propagation*

Esta implementação visa primariamente diminuir os graus de liberdade relativos à RNA que fornece os parâmetros α , τ , f . Devido à implementação *counter-propagation*, as saídas dos neurônios na camada escondida assumem apenas valores discretos 0 ou 1, além de apenas um neurônio estar ativado por vez. Empregou-se uma RNA com estrutura composta de 40 neurônios na camada de entrada, 16 neurônios na camada escondida (15 do tipo o vencedor leva tudo e 1 de polarização), e 3 neurônios com funções de ativação linear na camada de saída, conforme mostra a Figura 5.21. As demais operações da técnica híbrida permaneceram em conformidade com a Figura 5.16.

Da mesma forma que no caso avaliado na seção precedente, para essa estrutura também foram realizados cinco treinamentos correspondentes a inicializações diferentes e aleatórias dos pesos sinápticos. Para cada treinamento os pesos da camada de entrada RNA *counter-propagation* foram inicializados aleatoriamente (distribuição uniforme no intervalo de -0,01 a 0,01) e treinados com o algoritmo descrito na Seção 2.5.7 por 100000 iterações (vizinhança inicial igual a 15, coeficiente de treinamento 0,01).

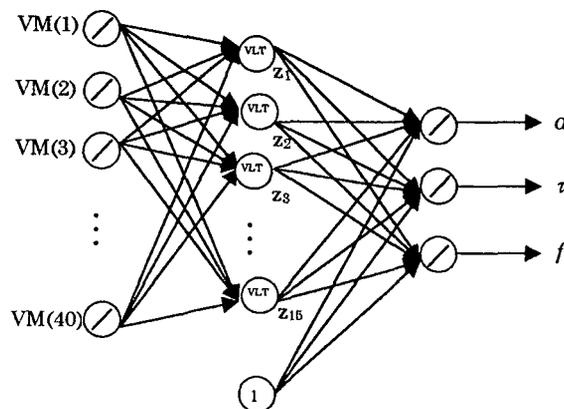


Figura 5.21 - RNA *counter propagation* empregada para determinar os parâmetros α , τ , f da *wavelet* de Morlet.

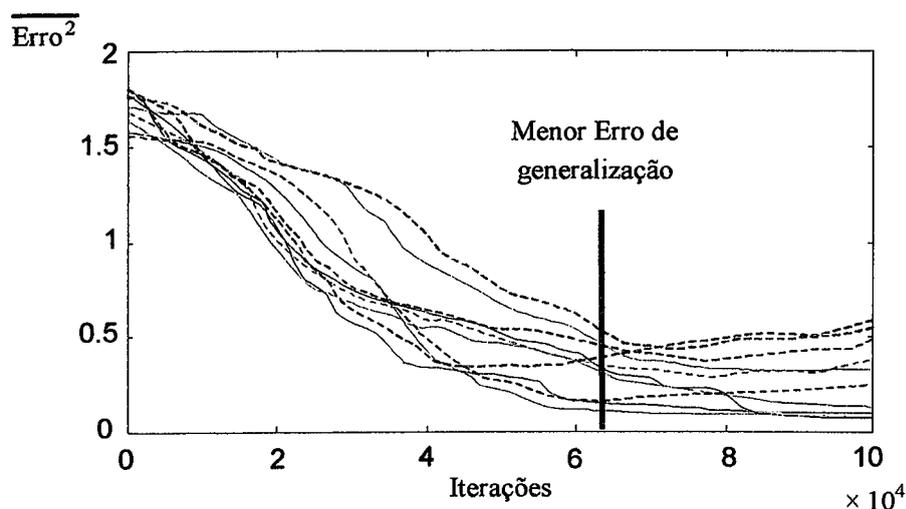


Figura 5.22 - Erro médio quadrático da classificação em relação ao conjunto de padrões de treinamento (linhas cheias) e de teste (linhas tracejadas).

Após o treinamento da camada de entrada da RNA *counter-propagation*, o algoritmo *back-propagation* foi empregado para treinar os pesos sinápticos da RNA classificadora e os da camada de saída da RNA *counter-propagation*. Esse treinamento foi executado por 100000 iterações, obtendo-se ao final, para as cinco inicializações, erros médios quadráticos entre 0,08 e 0,34 para o conjunto de padrões de treinamento, conforme mostra a Figura 5.22. Com relação ao conjunto de teste, o menor erro de generalização ocorreu para o treinamento descrito pela curva em verde, apresentando um erro médio quadrático de 0,12 para o conjunto de teste. Para essa curva, nota-se a especialização da rede nos dados de treinamento após 63167 iterações.

Na Figura 5.23a apresenta-se a saída da RNA classificadora para os padrões de teste. Após o treinamento, essa técnica híbrida (empregando RNA tipo *counter-propagation*) apresentou um índice de acerto de 91%, sendo que os indivíduos classificados erroneamente corresponderam a 4% de falsos negativos e 5% de falsos positivos. Esses índices consideraram com PTV os indivíduos cuja saída da RNA classificadora estava acima do nível de decisão igual a 0,07 (nível de decisão que apresentou maior índice de acerto).

Para esta abordagem a distância euclidiana média entre as características RMS_{40} , $t_{<40}$ e $QRSd$ e o coeficiente da transformada *wavelet* dos padrões com e sem PTV foi de 0,4, demonstrando que, mesmo contando com menos graus de liberdade, essa configuração conseguiu uma melhor separação entre os grupos de indivíduos com e sem PTVs do que a configuração da seção anterior. A contribuição do coeficiente (característica) da transformada *wavelet*, para tal distância euclidiana, foi de 0,2,

superando a contribuição dada na primeira abordagem (Seção 5.3.3). Atribui-se o melhor desempenho dessa configuração em relação à apresentada na seção anterior à maior possibilidade daquela RNA se especializar nos padrões de treinamento.

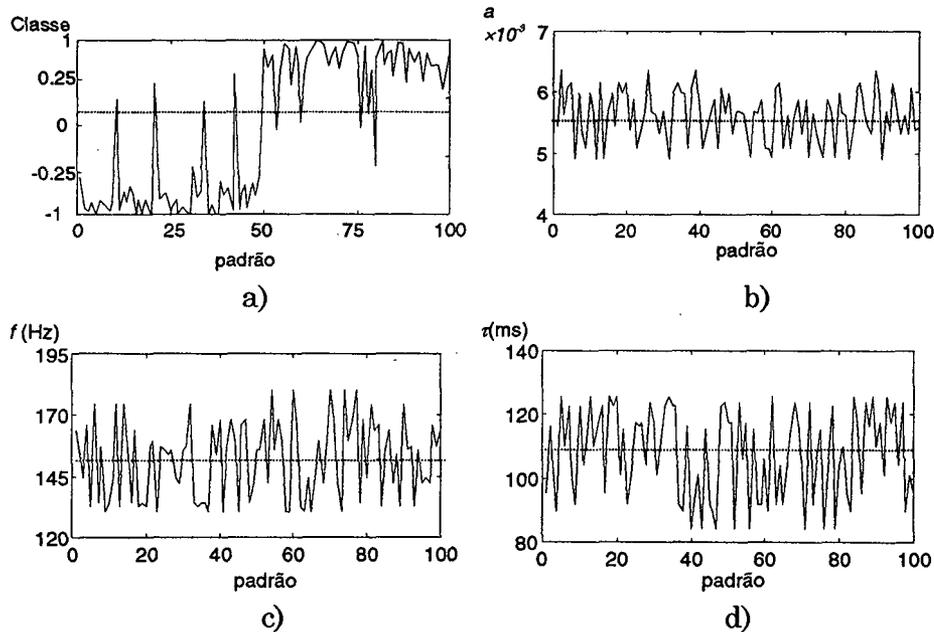


Figura 5.23 - a) Saída da RNA classificadora, b) escala, c) frequência e d) translação em função dos padrões de teste.

Também neste caso os parâmetros escala, translação e frequência do coeficiente da transformada *wavelet* não apresentaram comportamento particular em função dos dados extraídos das três diferentes bases de dados, conforme mostram as Figuras 5.20b, c, d. No entanto, os valores médios dos parâmetros do coeficiente da transformada *wavelet* diferiram levemente do caso anterior. Obteve-se: $a_m = 5,6 \cdot 10^{-3}$, $f_m = 152\text{Hz}$, e $\tau_m = 108\text{ms}$, com desvios padrões de $\delta a = 0,42 \cdot 10^{-3}$, $\delta f = 15,4\text{Hz}$ e $\delta \tau = 13,7\text{ms}$.

No tocante à sensibilidade da saída da RNA classificadora, o parâmetro ao qual a saída apresentou maior sensibilidade foi o QRSd (68% de variação para 1% de variação do parâmetro), seguido do RMS₄₀ (41%), coeficiente da transformada *wavelet* (23%) e $t_{<40}$ (11%). Também nesse caso a característica extraída pela transformada *wavelet* contribuiu mais efetivamente para a identificação dos indivíduos com e sem PTVs do que a característica classicamente empregada $t_{<40}$.

Finalizando, apresentam-se na Tabela..., de forma comparativa, as principais características das implementações desta técnica híbrida com a RNA auxiliar tipo direta e *counter-propagation*. Ainda, é interessante ressaltar que, em ambas as implementações, as saídas da RNA, responsáveis por determinar os parâmetros da

transformada *wavelet*, fornecem informações espectrais médias praticamente coincidentes sobre a característica empregada para determinar a presença de PTVs. Além disso, ambas as estratégias permitem facilmente a inclusão do prévio conhecimento a respeito do conteúdo espectral dos PTVs (inicialização dos pesos sinápticos) e também permitem a interpretação do processamento efetuado, embora, de modo geral, toda a técnica corresponda a uma RNA multicamadas.

Tabela 5.3 - Principais características da hibridação RNA - Transformada *Wavelet* empregada na identificação de indivíduos com e sem PTV (fp - falsos positivos, fn - falsos negativos).

Tipo de RNA Auxiliar	Índice de Acerto		Distância Euclidiana		Parâmetros <i>Wavelet</i>			Sensibilidade (%)			
					Médio	σ	QRSd	RMS ₄₀	t ₋₄₀	<i>wavelet</i>	
Direta	86%	fp	9%	0,36	<i>wavelet</i>	α 5,2 10 ⁻³	0,6 10 ⁻³	70	46	9	16
		fn	5%		0,11	τ 106ms	9,2ms				
					f 146Hz	11,6Hz					
<i>Counter-Propagation</i>	91%	fp	5%	0,4	<i>wavelet</i>	α 5,6 10 ⁻³	0,42 10 ⁻³	68	41	11	23
		fn	4%		0,2	τ 108ms	13,7ms				
					f 152Hz	15,4Hz					

6. CONCLUSÃO

Neste capítulo são traçadas as conclusões decorrentes do estudo, do desenvolvimento e da aplicação de técnicas híbridas orientadas ao processamento de sinais biomédicos. Em função dessas atividades, este capítulo está organizado em três seções: a primeira abrangendo considerações sobre o estudo e sobre o desenvolvimento de técnicas híbridas; a segunda diz respeito à aplicação das técnicas híbridas propostas na identificação de potenciais tardios em sinais de ECGAR e na terceira sugerem-se investigações futuras para a continuidade deste trabalho.

6.1 Considerações Gerais

Na área médica vários diagnósticos são embasados em informações obtidas a partir de sinais biomédicos que normalmente precisam ser processados para revelar as informações requeridas. Nesse intuito, as técnicas de processamento de sinais podem ser aplicadas de forma única ou em conjunto, dependendo das informações requeridas, dos sinais que as contêm, da forma com que a informação se encontra codificada no sinal e das técnicas de processamento aplicáveis. Contudo, na maioria das aplicações faz-se uso de mais de uma técnica de processamento, ou seja, da hibridação de técnicas.

A hibridação é uma forma de se obter novas técnicas ou agregar novas características às técnicas de processamento de sinais existentes. Além disso, uma abordagem híbrida permite que diversas formas de conhecimento sejam incorporadas em um sistema de processamento (o conhecimento do especialista, o conhecimento contido em dados sobre o problema, etc.). A abordagem híbrida também facilita o entendimento dos processos associados à incorporação das informações nos sinais biomédicos e, por conseguinte, auxilia no melhor entendimento da estrutura do organismo vivo. No entanto, o processo de hibridação normalmente não é abordado, mesmo quando ele está presente nas propostas de ferramentas que englobam várias técnicas de processamento de sinais.

Por outro lado, atualmente tem-se dado mais atenção às formas de hibridação. Porém, tal atenção tem estado voltada às técnicas empregadas principalmente nas etapas finais do processamento de sinais biomédicos, ou seja, a redução de dimensionalidade e a classificação de características (etapas relativas ao reconhecimento de padrões). Em geral, as técnicas abordadas dizem respeito a

paradigmas de redes neurais artificiais, lógica difusa, algoritmos genéticos e sistemas especialistas. Cada um desses paradigmas possui limitações particulares, embora complementares. Assim, tem-se procurado sobrepujar tais limitações com a hibridação dessas técnicas.

É curioso que nos trabalhos sobre hibridação de redes neurais artificiais, lógica difusa, algoritmos genéticos e sistemas especialistas existam poucas referências à hibridação dessas técnicas com técnicas estatísticas clássicas, muito embora essas últimas possuam uma teoria consistente no que se refere ao reconhecimento de padrões. Essa observação também é pertinente ao caso da hibridação de tais técnicas com técnicas clássicas aplicadas à etapa de extração de características. Ressalta-se que as técnicas clássicas normalmente envolvem projeções lineares de fácil interpretação.

De modo geral, o processamento de sinais biomédicos é um processamento híbrido, envolvendo diversas técnicas em suas etapas de processamento. Além disso, na maioria das aplicações ocorre a interação do sistema de processamento com o especialista. Esta forma de interação entre o especialista e o sistema de processamento se dá, por exemplo, na escolha das técnicas e dos sinais a serem medidos, no posicionamento e escolha de sensores, no ajuste de parâmetros com base em heurísticas, etc. Em princípio existe, nesse caso, uma hibridação entre as técnicas matemáticas e o processamento auxiliar efetuado pelo especialista. Ademais, pode-se dizer que o grau dessa hibridação é tanto maior quanto menores forem os conhecimentos a respeito do organismo em análise.

Este trabalho deteve-se particularmente à hibridação de técnicas de processamento de sinais envolvendo as redes neurais artificiais. As RNAs são aproximadores universais de mapas funcionais, o que permite sua aplicação em todas as etapas do processamento de sinais biomédicos. Porém, a estrutura distribuída das RNAs dificulta a interpretação do processamento, bem como o projeto de uma ferramenta com características predefinidas. A hibridação das RNAs com técnicas clássicas possibilita obter técnicas onde o processamento pode ser interpretado, pelo menos em parte, com base nas características da técnica clássica e cuja capacidade de mapeamento é potencializada pela RNA. Além de facilitar a interpretação do processamento, a hibridação auxilia na inicialização dos pesos sinápticos da RNA. Isso, porque podendo interpretar o processamento da RNA (ou parte dele), o especialista pode utilizar seu conhecimento a respeito do espaço de soluções para

inicializar os pesos sinápticos. Com relação às possibilidades de hibridação foram verificadas a seqüencial, a paralela, a auxiliar e a encaστοada, que se distinguem pela forma e grau de interação.

A abordagem de hibridação mais freqüente é a seqüencial. Nessa, a interação entre as técnicas não é intensa, sendo que a interação é maior quando elas permitem alguma forma de otimização de seus parâmetros (os parâmetros da técnica precedente são otimizados de modo que ela forneça a melhor saída para a técnica precedente). Duas abordagens distintas são notadas na hibridação seqüencial. Na primeira as técnicas trabalham em cooperação para realçar parcelas distintas da informação requerida. Nesse caso, cada técnica deve realçar a informação para a qual foi destinada sem interferir (deixando passar) na informação realçada pela outra técnica. Na segunda abordagem as técnicas trabalham para reforçar a mesma informação e cooperam no sentido de atenuar informações irrelevantes diferentes.

Na hibridação paralela também não existe uma forte interação entre as técnicas componentes. Nessa forma de hibridação, cada técnica realça uma parcela da informação requerida. A otimização também é possível, contudo ocorre de forma praticamente individual. Também é nessa fase que uma técnica efetivamente interfere na forma de operação da outra, sendo que a interferência depende da quantidade de informação útil que cada técnica componente consegue extrair e da forma de combinação dessas parcelas de informação. Essa combinação normalmente é linear, entretanto combinações não lineares também são exploradas.

A hibridação auxiliar caracteriza-se por uma maior interação entre as técnicas componentes (uma técnica auxiliar e uma técnica principal). Nessa forma de hibridação, além da interação ocorrer durante o processo de otimização, a técnica auxiliar interfere no modo de operação da técnica principal durante a operação normal (fora da fase de otimização). Isso permite agregar efetivamente características de uma técnica na outra, o que não ocorre nas hibridações seqüencial e paralela. Essa incorporação de características ocorre da técnica auxiliar em sentido à técnica principal. Não obstante, a técnica principal afeta o modo de operação da técnica auxiliar durante o processo de otimização.

Entre as formas básicas de hibridação, a hibridação encaστοada é aquela que apresenta o maior grau de interação entre as técnicas componentes. Essa hibridação é aplicada fundamentalmente na implementação de uma técnica, empregando-se parte da estrutura de outra técnica (uso da estrutura de RNA para implementar certas

transformadas). Também nessa forma de hibridação ocorre a efetiva incorporação de características de uma técnica na outra, mas em contraste com a hibridação auxiliar, a incorporação de características sucede em mão dupla.

De forma geral todo o conjunto de técnicas de processamento empregadas em uma aplicação biomédica visa a implementação de um mapa funcional que estabeleça uma relação entre o espaço das variáveis de entrada e o espaço das possíveis saídas. Existem várias técnicas que podem aproximar arbitrariamente bem qualquer mapa funcional (séries de Taylor, séries *wavelet*, etc.), entre as quais as RNAs. Assim, as RNAs podem ser vistas como a hibridação encastuada de um conjunto de técnicas de processamento. Devido à estrutura de processamento distribuído das RNAs, normalmente não se consegue identificar as técnicas componentes. Não obstante, essa forma de hibridação permite que se concentre algumas técnicas na estrutura da RNA, permitindo assim, que os resultados do processamento parcial possam ser interpretados em função das técnicas utilizadas. A otimização das técnicas é possível, mas para que não fique dificultada a interpretação, o processo de otimização não deve distribuir o processamento efetuado pelas técnicas componentes. Isso é conseguido otimizando-se os parâmetros de cada técnica e não os pesos sinápticos propriamente ditos. Essa estratégia, no entanto, restringe os graus de liberdade da RNA e, portanto, restringe o campo de procura por possíveis soluções.

Adicionalmente, para que a hibridação leve a técnicas com maior potencial do que as técnicas componentes, o especialista deve conhecer não somente as características (virtudes e deficiências) das técnicas componentes, mas é fundamental que avalie o grau de interferência e cooperação entre as técnicas. Mesmo quando a otimização é empregada (nas conexões entre as técnicas bem como em seus parâmetros), é possível que algumas técnicas componentes sejam (ou tornem-se) menos sensíveis ou até insensíveis ao processo de otimização por serem mais susceptíveis a ficar presas em mínimos locais ou ainda em função de uma má inicialização dos parâmetros da técnica. Isso causa um desequilíbrio na otimização de cada técnica, que pode levar à deterioração do processamento total (a técnica parcialmente otimizada pode não permitir a melhor performance das outras técnicas envolvidas). Portanto, conclui-se que, caso não seja bem avaliada (em termos da inicialização dos parâmetros das técnicas, das interferências entre as técnicas - uma técnica pode suprimir informações úteis a outra, das características relativas a otimização, etc.), a hibridação pode levar a resultados piores do que os obtidos com as

técnicas individuais.

6.2 Considerações Específicas

Nesta seção, discutem-se os aspectos relativos à elaboração e averiguação das técnicas híbridas constituídas da combinação da ACI com a promediação e da transformada *wavelet* com RNA. Especificamente, são traçadas as conclusões da aplicação das técnicas híbridas propostas no processamento de sinais de ECGAR.

Nessas aplicações dois objetivos foram perseguidos: na hibridação da ACI com a promediação, objetivou-se o aumento da relação sinal-ruído, enquanto que na hibridação da transformada *wavelet* com RNA pretendeu-se obter uma técnica que pudesse classificar os vetores magnitude (contendor ou não de potenciais tardios ventriculares), bem como extrair características relativas à estrutura espectro-temporal desses sinais.

Para averiguar a performance dessas propostas desenvolveu-se um sistema de instrumentação para registro sob forma digital do ECGAR. O sistema apresentado neste trabalho atende as especificações estabelecidas pela *American Heart Association*, *American College of Cardiology* e *European Society of Cardiology*, permitindo o registro de PTVs. Além de atender tais especificações procurou-se implementar um instrumento modular, portátil, de fácil utilização, e de baixíssima introdução de ruído nas medidas.

Durante a utilização desse sistema observaram-se várias fontes de interferência cujo efeito nos registros de ECGAR degradam a eficiência das ferramentas de análise e detecção dos PTVs. Nem sempre é possível atenuar o efeito dessas interferências durante os registros de ECGAR, sendo necessário tratá-las posteriormente. Frente a estes fatos, deve-se considerar qualquer procedimento para melhorar a relação sinal-ruído nos registros de ECGAR antes de aplicar as técnicas de extração e classificação de características.

6.2.1 Hibridação ACI – Promediação

A hibridação seqüencial da ACI com a promediação, implementada neste trabalho, teve por objetivo a cooperação entre as técnicas no sentido de atenuar parcelas diferentes de informações irrelevantes e realçar uma parcela do sinal de ECGAR (final do complexo QRS e início do segmento ST) contendor da informação requerida (presença ou não de PTV).

Individualmente a promediação e a ACI possuem limitações que prejudicam suas performances no processamento dos sinais de ECGAR. A promediação explora a repetição dos eventos cardíacos. Sua performance é otimizada (relação sinal ruído R^2 maior, onde R é o número batimentos envolvidos) quando os eventos relativos aos demais sinais (não relativos à atividade cardíaca) presentes no registro de ECGAR são descorrelacionados temporalmente de um batimento cardíaco para outro. A ACI explora a independência estatística entre os sinais presentes no registro de ECGAR. Sua performance é ótima quando a mistura desses sinais é linear e instantânea, e adicionalmente é conhecido o número de sinais componentes do ECGAR.

As condições necessárias para a performance ótima da promediação e da ACI não estão presentes no caso do ECGAR. Contudo, a hibridação dessas técnicas resulta em uma relação sinal-ruído melhor do que a obtida quando essas técnicas são aplicadas individualmente, tendo-se como ganho uma redução no tempo de registro do ECGAR necessário para o exame. Por outro lado, a técnica híbrida é mais complexa do que as individuais, e ainda exige a interferência do operador (especificamente devido a ACI), impossibilitando a sua aplicação em tempo real.

Nessa combinação a ACI foi empregada para melhorar a relação sinal ruído do sinal a ser promediado. Devido a se desconhecer o número de sinais componentes do ECGAR e frente à mistura não linear e não instantânea dessas componentes, o sinal fornecido pela ACI não é puramente o sinal cardíaco, ou seja, ainda encontra-se contaminado por sinais interferentes, contudo de amplitudes menores.

No caso do ECGAR, para que os atuais algoritmos de ACI consigam atenuar alguns dos sinais interferentes é necessário que o especialista determine o posicionamento adequado dos eletrodos de modo que os sinais registrados se aproximem do modelo de mistura linear e instantânea. A solução encontrada nesse trabalho foi a colocação dos eletrodos próximos uns aos outros (distanciados cerca de 2 cm - centro a centro) na região torácica. É importante não posicionar os eletrodos na região torácica diretamente sobre o coração, pois, devido a sua não pontualidade, os registros nessa região (com eletrodos distanciados de 2 cm) resultam em formas de onda diferentes para o sinal cardíaco (característico de transformação não linear).

Por outro lado, se o distanciamento entre os eletrodos e o coração for demasiada, o sinal cardíaco é atenuado e a relação sinal ruído é empobrecida. Nesse caso, a combinação dos sinais presentes em cada registro torna-se praticamente a mesma, implicando o mal condicionamento da matriz de separação e a conseqüente

degradação da exatidão da separação efetuada pela ACI. Além disso, existem mais fontes de sinais (outros músculos) contribuindo efetivamente nos registros de ECGAR. Isso diminui a performance da ACI, pois o número de registros é limitado (no caso desse trabalho a 8 registros simultâneos). Essa limitação relativa ao número de registros simultâneos também contribuiu para que as avaliações dos PTVs fossem efetuadas apenas em relação ao eixo ortogonal X.

Entre os sinais interferentes mais significativos no ECGAR, estão os artefatos devidos a movimentos, à respiração e à rede elétrica. Os artefatos relativos ao movimento e à respiração do paciente são responsáveis por grande parte da rejeição de batimentos cardíacos no processo de promediação. Isso, porque diminuem a correlação entre os batimentos cardíacos.

Artefatos de respiração e movimentos apresentam componentes freqüenciais que podem chegar e até passar de 1 Hz, sobrepondo-se ao espectro do sinal cardíaco. Como existem características (duração do QRS) identificadoras da presença de PTV que são influenciadas pelas componentes de baixa freqüência do sinal cardíaco, o uso de filtros convencionais para remover esses artefatos é desapropriado. Os filtros, quando empregados, não devem alterar significativamente tais características, implicando, por exemplo, o uso do filtro bidirecional para realizar a filtragem do sinal promediado. Por outro lado, a ACI não altera as características freqüenciais dos sinais componentes do ECGAR, tornando-se apropriada para atenuar tais artefatos.

No caso de registros contaminados com artefatos de respiração e movimentos, a ACI implicou uma melhora na relação sinal ruído de até 2,4 vezes (relativo à amplitude da primeira harmônica do sinal cardíaco e do artefato). Isso indica que, em parte, a mistura dos sinais presentes no ECGAR ocorre de forma linear e instantânea.

No entretanto, a respiração também modula o sinal relativo ao miocárdio (devido ao seu deslocamento na caixa torácica), o que caracteriza uma mistura não linear. Assim, pode-se dizer que a interação entre os artefatos devidos à respiração e o sinal do miocárdio ocorre em parte de forma linear (aditiva) e em parte de forma não linear. Portanto, esforços no desenvolvimento da ACI para misturas não lineares devem ser considerados neste caso.

A interferência relativa à rede elétrica também degrada a performance da promediação. Isso devido à correlação temporal entre batimentos cardíacos ser não nula para essa interferência. Mesmo com um sistema de instrumentação alimentado por baterias, a interferência da rede elétrica pode ser significativa, em especial

quando o paciente não pode ser desconectado de outros equipamentos eletromédicos.

A ACI pode atenuar a interferência causada pela rede elétrica, porém sua performance não é ótima. Como degradador da performance da ACI o fator mais evidente é a presença de operações convolutivas no processo de mistura dessa interferência com o sinal do miocárdio. Nota-se defasagem nas formas de onda dessa interferência registradas em diferentes canais de leitura do ECGAR (mesmo sendo a amostragem simultânea). Porém, embora não operando otimamente verificou-se que a ACI é capaz de atenuar grande parte desse tipo de interferência, reduzindo, em média, 62% sua amplitude (foram avaliados 20 casos). Ressalta-se que o conteúdo espectral desse tipo de artefato sobrepõe-se ao conteúdo espectral dos PTVs, desapropriando o uso de filtros convencionais para sua atenuação. Por outro lado, filtros adaptativos, tendo como referência a rede elétrica, podem ser empregados. Contudo é necessário atentar para os transitórios de adaptação, em especial após os complexos QRS, pois eles facilmente podem mascarar os PTVs.

Ao se empregar a ACI e a promediação (nessa ordem) para processar sinais de ECGAR coletados de indivíduos pós-infartados (entre 24 e 96 horas após o infarto), verificou-se um aumento da performance de processamento em relação ao uso individual da promediação. Para segmentos de 50 s de ECGAR coletados em 4 pacientes, constatou-se um aumento médio de 22,3 % no número de batimentos cardíacos aceitos no processo de promediação e de 4 db na relação sinal ruído medido no vetor magnitude (VM). Os principais artefatos atenuados pela ACI foram: 1) os artefatos de respiração e movimento, em especial os de mais baixa frequência (<0,2 Hz); 2) os artefatos relativos à rede elétrica (60, 120 e 180 Hz) e com menor ênfase 3) o ruído aleatório. Contudo, esse último é efetivamente tratado pela promediação. Por fim, constatou-se que o uso da ACI, como um pré-processamento para a promediação, não deteriora o sinal relativo aos PTVs e, por conseguinte, a viabilidade de sua detecção.

Nesta forma de hibridação o especialista tem de proceder a identificação dos sinais ou do sinal relativo à atividade do miocárdio na saída do algoritmo da ACI. Para automatizar esse processo, algoritmos de ACI que extraem uma componente independente por vez poderiam ser empregados para extrair apenas o sinal relativo ao miocárdio. Porém, para isso, é necessário um processo de inicialização eficiente dos vetores (os pesos sinápticos) da ACI, ou seja, vetores inicializados próximos à solução do sinal do miocárdio. Atualmente, o aperfeiçoamento desta técnica híbrida segue

nessa direção.

6.2.2 Hibridação RNA – Transformada *Wavelet*

Em função da capacidade de mapeamento não linear, entre as principais aplicações das RNAs encontra-se a de classificação. Tendo em vista que a performance de um classificador depende basicamente da complexidade das regiões de decisão e da sua capacidade de dividir o espaço de características, este trabalho contribui com uma técnica que visa otimizar a extração de características do sinal no sentido de simplificar o processo de classificação e, por conseguinte, o classificador.

A estrutura híbrida envolvendo RNAs e a transformada *wavelet* consiste de uma técnica capaz de extrair características relacionadas ao conteúdo espectral de um sinal (especificamente do VM associado ao ECGAR), organizá-las de forma não linear e classificá-las juntamente com outras características. Em tal estrutura a hibridação encastoadada foi empregada para implementar a transformada *wavelet* na forma de RNA e a hibridação auxiliar foi utilizada para que uma RNA (direta multicamadas ou *counter-propagation*) fornecesse os parâmetros escala, translação e frequência para a transformada *wavelet* (empregou-se a *wavelet* de Morlet com parâmetro frequência ajustável). A hibridação seqüencial foi explorada na conexão entre a transformada *wavelet* e o classificador com função de decisão linear (uma RNA com uma camada).

A hibridação auxiliar entre uma RNA direta multicamadas ou *counter-propagation* e a transformada *wavelet* atribui a capacidade de mapeamento não linear à transformada *wavelet*, permitindo a simplificação do classificador (uso de um classificador linear). No entanto, apesar do caráter não linear da transformação, é possível se interpretar o processamento em termos das componentes espectrais que são consideradas para estabelecer se o sinal pertence ou não a uma classe. Ressalta-se que essa abordagem é extensível a outras transformações lineares, isto é, a hibridação auxiliar entre transformadas lineares e RNAs não lineares possibilita uma projeção não linear dos vetores do espaço de entrada no espaço de saída, contudo preservando a interpretação dada pelos parâmetros da transformação linear.

Na proposta apresentada a RNA auxiliar pode receber como entradas, além das amostras do sinal, variáveis auxiliares (sexo, idade, etc.). Assim, essa técnica permite que a extração de características espectrais seja otimizada em função de grupos de pacientes caracterizados por tais variáveis auxiliares. Ademais, isso permite que sejam visualizadas diferenças entre as características extraídas de acordo com grupo a

que pertencem. Adicionalmente, os pesos sinápticos da camada de saída da RNA auxiliar podem ser inicializados de modo a refletirem algum conhecimento do especialista a respeito de características espectro temporais do ECGAR que diferenciam os grupos de pacientes com e sem PTVs.

Ao ser empregada a RNA direta multicamadas como RNA auxiliar obteve-se índice de acerto de 86% para o conjunto de padrões de teste (classificados erroneamente: 5% de falsos negativos e 9% de falsos positivos), inferior aos 91% (classificados erroneamente: 4% de falsos negativos e 5% de falsos positivos) obtidos quando se empregou uma RNA auxiliar do tipo *counter-propagation*. No entanto, a primeira abordagem apresentou erro médio quadrático menor em relação ao conjunto de padrões de treinamento (0,032 – RNA direta contra 0,08 – RNA *counter-propagation*), indicando a maior capacidade dessa abordagem em se especializar no conjunto de padrões de treinamento. Isso se justifica pois a RNA direta (RNA auxiliar) pode determinar valores distintos para os parâmetros escala, translação e frequência a cada padrão de entrada enquanto que esses parâmetros são característicos de cada grupo de padrões de entrada no caso da RNA *counter-propagation*. No caso da RNA *counter-propagation* têm-se menos graus de liberdade se mantidas as mesmas proporções da RNA direta multicamadas. Também observa-se essa diferença no tocante a velocidade de convergência durante a fase de treinamento dos pesos sinápticos das duas abordagens (a RNA direta multicamadas converge mais rapidamente).

A distância euclidiana média entre as características RMS_{40} , $t_{<40}$ e $QRSd$ e o coeficiente da transformada *wavelet* dos padrões com e sem PTV foi de 0,36 para a RNA auxiliar direta e 0,4 para a RNA auxiliar *counter-propagation*. A contribuição da transformada *wavelet*, para tal distância euclidiana, foi de 0,11 na abordagem com a RNA direta e 0,2 no caso da RNA *counter-propagation*. Isso mostra que a característica extraída pela transformada *wavelet* contribui para aumentar a separação entre os grupos com e sem PTVs, contudo possui menor importância do que o conjunto formado pelas características RMS_{40} , $t_{<40}$ e $QRSd$.

Tendo-se por base que se empregou um coeficiente da transformada *wavelet*, representando uma pequena parcela da informação contida no plano espectro-temporal, pode-se dizer que o coeficiente fornecido pela transformada *wavelet* representa detalhes do PTV que não são tão significativos quanto as características gerais RMS_{40} , $t_{<40}$ e $QRSd$. Por outro lado, a análise de sensibilidade mostra que a

característica extraída pela transformada *wavelet* apresenta maior importância na classificação do que a característica $t_{<40}$ (16% contra 9% com a RNA direta e 23% contra 11% com a RNA *counter-propagation*). Portanto, tem-se um indicativo de que existem informações a serem exploradas na representação espectro-temporal do VM que podem auxiliar significativamente no discernimento de ECGAR de indivíduos com e sem PTV.

Os parâmetros escala, translação e frequência, extraídos pelas RNAs auxiliares não mostraram diferenças entre os padrões obtidos de três bases de dados distintas, indicando invariância a esta variável. Entretanto, observou-se que para cada indivíduo ou grupo de indivíduos existem características espectro-temporais específicas que melhor caracterizam os PTVs objetivando a classificação (por exemplo valores médios: $a_m=5,2 \cdot 10^{-3}$, $f_m=146\text{Hz}$, e $\tau_m=106\text{ms}$, com desvios padrão de $\delta a=0,6 \cdot 10^{-3}$, $\delta f=11,6\text{Hz}$ e $\delta \tau=9,2\text{ms}$ no caso da RNA auxiliar direta). Essas observações ilustram a capacidade dessa abordagem híbrida de obter informações adicionais sobre os sinais analisados, contrastando, por exemplo, com a capacidade de fornecer informações de um classificador implementado com uma RNA direta multicamadas convencional.

Embora os resultados apresentados sejam promissores, deve-se levar em consideração que a quantidade original de padrões de treinamento e teste (80 no total) não é significativa para justificar o uso clínico dessa técnica híbrida. O número de padrões foi aumentado artificialmente para 400 mediante o deslocamento aleatório do ponto final do complexo QRS. A influência desse ato não foi quantificada, podendo representar uma fonte de erros em relação às observações efetuadas. Portanto, devem ser considerados esforços no sentido de se construir uma base de dados significativa de registros de ECGAR, objetivando o treinamento e avaliação mais detalhada das contribuições que esta abordagem pode fornecer.

6.3 Sugestões para Trabalhos Futuros

Avaliar a performance da ACI com o aumento do número de eletrodos, bem como outras configurações de medida, além de seu uso em conjunto com algoritmos de promediação mais elaborados.

Avaliar a performance de novos algoritmos de ACI para a separação de sinais. Algoritmos que consideram o modelo de mistura não linear e convolutiva, mas que procuram preservar a forma de onda do sinal cardíaco, possivelmente explorando o

conhecimento a priori sobre a forma de onda desse sinal.

Investigar a inicialização do vetor w da ACI no sentido da componente extraída convergir para o sinal relativo ao miocárdio. Para tanto, pode-se avaliar o emprego de um sinal de referência y , construído a partir da posição temporal dos complexos QRS, para determinar o vetor w inicial que minimiza o erro médio quadrático entre y e $w\mathbf{x}$ (\mathbf{x} é o vetor contendo sinais x_i de ECGAR).

Construir uma base de dados de registros de ECGAR objetivando uma avaliação mais detalhada das potencialidades e limitações das técnicas híbridas desenvolvidas, bem como a avaliação das mesmas em uso clínico.

Investigar a contribuição de outras características indicativas da presença de PTVs, como por exemplo a variabilidade da frequência cardíaca. Verificar a possibilidade de se implementar a extração dessas informações com estruturas híbridas otimizáveis.

Investigar novas possibilidades de hibridação entre RNAs e técnicas clássicas, em especial na forma auxiliar e encastrada, pois facilitam a inicialização e interpretação do processamento efetuado pela RNA.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] BRONZINO, J. D. Introduction. In: BRONZINO, J. D. (Ed.). *The Biomedical Engineering Handbook*. Boca Raton: CRC Press, 1995. p.3-7.
- [2] CROMWELL, L.; WEIBELL, F. J.; PFEIFFER, E. A. et al. *Biomedical Instrumentation and Measurements*. Englewood Cliffs: Printice-Hall, 1973. 446p.
- [3] ONARAL, B. Biomedical Signal Analysis. In: BRONZINO, J. D. (Ed.). *The Biomedical Engineering HandBook*. Boca Raton: CRC Press, 1995. p.802-945.
- [4] COHEN, A. *Biomedical Signal Processing - Compression and Automatic Recognition*. Boca Raton: CRC Press, 1986. 2v.
- [5] COHEN, A. Biomedical Signals: Origin and Dynamic Characteristics; Frequency Domain Analysis. In: BRONZINO, J. D. (Ed.). *The Biomedical Engineering Handbook*. Boca Raton: CRC Press, 1995. p.805-865.
- [6] GOONATILAKE, S.; KHEBBAL, S. *Intelligent Hybrid Systems*. West Sussex: John Wiley & Sons, 1995. 340p.
- [7] BARRETO, J. M. *Conexinismo e a Resolução de Problemas*. Florianópolis, 1996. Tese (Concurso para Professor Titular) - Departamento de Informática e Estatística, Universidade Federal de Santa Catarina.
- [8] BONISSONE, P. P.; CHEN, Y.-T.; GOEBEL, K. et al. Hybrid Soft Computing Systems: Industrial and Commercial Applications. *Proceedings of the IEEE*, v.87, n.9, p.1641-1667, Sep. 1999.
- [9] KANDEL, A.; LANGHOLZ, G. *Hybrid Architectures for Intelligent Systems*. Boca Raton: CRC Press, 1992. 448p.
- [10] RUAN, D. *Intelligent Hybrid Systems - Fuzzy Logic, Neural Networks and Genetic Algorithms*. Boston: Kluwer Academic Publisher, 1997. 376p.

- [11] TZAFESTAS, S. G.; BLEKAS, K. D. *Hybrid Soft Computing Systems: A Critical Survey with Engineering Applications*. Technical Report, Athenas: Department of Electrical and Computer Engineering, National Technical University of Athenas. 1998.
- [12] CIACCIO, E. J.; DUNN, S. M.; AKAY, M. Biosignal Pattern Recognition and Interpretation Systems - Part 1 of 4: Fundamental Concepts. *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, v.12, n.3, p.89-95, Sep. 1993.
- [13] CIACCIO, E. J.; DUNN, S. M.; AKAY, M. Biosignal Pattern Recognition and Interpretation Systems - Part 4 of 4: Review of Applications. *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, v.13, n.2, p.269-283, Apr. 1994.
- [14] COHEN, A. *Biomedical Signal Processing - Time and Frequency Domains Analysis*. Boca Raton: CRC Press, 1986. 2v.
- [15] BISHOP, C. M. *Neural Networks for Pattern Recognition*. New York: Oxford University Press, 1996.
- [16] ENGLEHART, K. *Signal Representation for Classification of the Transient Myoelectric Signal*. Fredericton, 1998. Thesis - Department of Electrical and Computer Engineering, University of New Brunswick.
- [17] FRANKS, L. E. *Signal Theory*. Englewood Cliffs: Prentice-Hall, 1969. 317p.
- [18] CIACCIO, E. J.; DUNN, S. M.; AKAY, M. Biosignal Pattern Recognition and Interpretation Systems - Part 3 of 4: Methods of Classification. *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, v.13, n.1, p.129-135, Feb. 1994.
- [19] SARLE, W. S. Neural Networks and Statistical Models. In: ANNUAL SAS USERS GROUP INTERNATIONAL CONFERENCE (19. Apr. 1994 : Cary). *Proceedings*. Cary, 1994. p.1538-1550.
- [20] PROAKIS, J. G.; MANOLAKIS, D. G. *Introduction to Digital Signal Processing*. New York: Macmillan Publishing Company, 1988.

- [21] MORUCCI, J. P.; VALENTINUZZI, M. E.; RIGAUD, B. et al. Bioelectrical Impedance Technique in Medicine. *Critical Reviews in Biomedical Engineering*, New York, v.24, n.4-6, p.209-681, 1996.
- [22] ERNE, S. N.; ROMANI, G. L. *Advances in Biomagnetism Functional Localization: A Challenge for Biomagnetism*. Singapore: World Scientific Co. Pthe. Ltd., 1989.
- [23] SONG, X. M. *Radial Basis Function Networks for Empirical Modeling of Chemical Process*. Helsinki, 1996. Dissertation - Department of Computer Science, University of Helsinki.
- [24] ANDERSON, D.; MCNEILL, G. *Artificial Neural Networks Technology*. Technical Report A011, New York: Kaman Sciences Corporation. 1992.
- [25] SIMPSON, P. K. *Artificial Neural Systems: Foundations, Paradigms, Applications and Implementations*. New York: Pergamon Press, 1990. 209p.
- [26] AZEVEDO, F. M. *Contribution to the Study of Neural Networks in Dynamical Expert Systems*. Namur, 1993. PhD Thesis - Facultés Universitaires Notre-Dame de la Paix.
- [27] MCCOLLOCH, W. S.; PITTS, W. H. A Logical Calculus of the ideas Immanent in Nervous Activity. *Bulletin of Mathematical Biophysics*, v.5, p.115-133, 1943.
- [28] ANTHONY, D. M. *The Use of Artificial Neural Networks in Medicine*. Technical Report, Warwick: University of Warwick. 1991.
- [29] SABBATINI, R. M. E. Applications of Connectionist Systems in Biomedicine. In: WORLD CONGRESS ON MEDICAL INFORMATICS (7. Sept. 1992 : Geneva, Switzerland). *Proceedings*. Amsterdam: North-Holland, 1992. p.418-425.
- [30] TZANAKOU, E. M. Neural Networks in Biomedical Signal Processing. In: BRONZINO, J. D. (Ed.). *The Biomedical Engineering Handbook*. Boca Raton: CRC Press, 1995. p.917-944.

- [31] DORFFNER, G.; LEITGEB, E.; KOLLER, H. Toward Improving Exercise ECG for Detecting Ischemic Heart Disease with Recurrent and FeedForward Neural Nets. In: VLONTZOS, J. e. a. (Ed.). *Neural Networks for Signal Processing*. 4.ed. New York: Institute of Electrical and Electronics Engineers, 1994. p.499-508.
- [32] DORFFNER, G.; PORENTA, G. On Using Feedforward Neural Networks for Clinical Diagnostic Tasks, Artificial Intelligence in Medicine. *Special Issue on Neurocomputing in Medicine*, v.5, n.6, p.417-435, 1994.
- [33] DORFFNER, G.; PREM, E.; MACKINGER, M. et al. Experiences with Neural Networks as a Diagnostic Tool in Medical Image Processing. In: MICHAELIS, J. e. al. (Ed.). *Europaeische Perspektiven der Medizinischen Informatik: Biometrie und Epidemiologie*. Muenchen: MMV, 1993. p.407-411.
- [34] ZAHNER, D. A.; TZANAKOU, E. M. Artificial Neural Networks: Definitions, Methods, Applications. In: BRONZINO, J. D. (Ed.). *The Biomedical Engineering Handbook*. Boca Raton: CRC Press, 1995. p.2699-2715.
- [35] DORFFNER, G. Neural Networks for Time Series Processing. *Neural Network World*, v.6, n.4, p.447-468, 1996.
- [36] NARENDRA, K. S.; PARTHASARATHY, K. Identification and Control of Dynamical System Using Neural Networks. *IEEE Transactions on Neural Networks*, v.1, n.1, p.4-27, Mar. 1990.
- [37] KRÖSE, B. J. A.; SMAGT, P. v. d. *An Introduction to Neural Networks*. 5.ed. Amsterdam: University of Amsterdam, 1994. 130p.
- [38] BIENNIER, F. *Connexionnisme: Principes et Elements Theoriques*. Lyon: Institut National Des Sciences Appliquees de Lyon, 1994. 226p.
- [39] HAMEY, L. G. C. The Structure of Neural Network Error Surfaces. In: AUSTRALIAN CONFERENCE ON NEURAL NETWORKS (6. Feb. 1995 : Sydney, Australia). *Proceedings*. Sydney, 1995. p.197-200.
- [40] GIBB, J. *Back-Propagation Family Album*. Technical Report C/TR96-05, Australy: Department of Computing, Macquarie University. 1996.

- [41] WERBOS, P. J. *Beyond Regression: New Tools for Prediction and Analysis in the Behavioral Sciences*. Cambridge, 1974. PhD Thesis - Department of Applied Mathematics, Harvard University.
- [42] RUMELHART, D. E.; HINTON, G. E.; WILLIAMS, R. J. Learning Internal Representations by Error Propagation. In: RUMELHART, D. E.; MCCLELLAND, J. L. (Eds.). *Parallel Distributed Processing: Explorations in the Microstructure of Cognition*. Cambridge: MIT Press, 1986. p.318-362.
- [43] FRASCONI, P.; GORI, M.; TESI, A. Successes and Failures of Backpropagation: A Theoretical Investigation. In: OMIDVAR, O.; WILSON, C. (Eds.). *Progress in Neural Networks*. Norwood: Ablex Publishing, 1997. p.205-242.
- [44] TEPEDELENLIOGLU, N.; REZGUI, A.; SCALERO, R. et al. Fast Algorithms for Training Multilayer Perceptrons. In: SOUCEK, B. (Ed.). *Neural and Intelligent Systems Integration*. New York: John Wiley & Sons, 1991.
- [45] DAM, J. W. M.; KRÖSE, B. J. A.; GROEN, F. C. A. Optimizing Local Hebbian Learning: use the Δ -rule. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON ARTIFICIAL NEURAL NETWORKS (1994 : Sorrento, Italy). *Proceedings*. Sorrento: Springer-Verlag, 1994. p.631-634.
- [46] CICHOCKI, A.; UNBENHAUEN, R. *Neural Networks for Optimization and Signal Processing*. 2.ed. New York: John Wiley, 1994.
- [47] FAHLMAN, S. E. The Cascade-Correlation Learning Architecture. In: IEEE NEURAL INFORMATION PROCESSING SYSTEM (2. 1989 : Denver, USA). *Proceedings*. San Mateo: Morgan Kaufmann Publishers, 1990. p.524-532.
- [48] SCHIFFMANN, W. H.; JOOST, M.; WERNER, R. *Optimization of Backpropagation Algorithm for Training Multilayer Perceptrons*. Technical Report TR 16/1992, Koblenz: University of Koblenz. 1992.
- [49] RIEDMILLER, M. Advance Supervised Learning in Multi-layer Perceptrons - From Backpropagation to Adaptative Algorithms. *Journal of Computer Standards and Interfaces*, v.16, p.113, 1994.

- [50] SMAGT, P. P. v. d. Minimization Methods for Training Feed-Forward Networks. *Neural Networks*, v. 7, n.1, p.1-11, 1994.
- [51] SPERDUTI, A.; STARITA, A. Speed Up Learning and Network Optimization With Extended Back Propagation. *Neural Networks*, v.6, n.3, p.365, 1993.
- [52] THIMM, G.; MOERLAND, P.; FIESLER, E. The Interchangeability of Learning Rate and Gain in Backpropagation Neural Networks. *Neural Computation*, v. 8, n.2, p.451-460, Feb. 1996.
- [53] MOLLER, M. F. A Scaled Conjugate Gradient Algorithm for Fast Supervised Learning. *Neural Networks*, v.6, n.4, p.525, 1993.
- [54] KARAYIANNIS, N. B.; VENETSANOPOULOS, A. N. Fast Learning Algorithms for Neural Networks. *IEEE Transactions on Circuits and Systems-II: Analog and Digital Signal Processing*, v.39, n.7, p.453-474, 1992.
- [55] SCHRAM, G.; KRÖSE, B. J. A.; BABUSKA, R. et al. Neurocontrol by Reinforcement Learning. *Journal on Automatic Control - Special Issue on Neurocontrol*, v.3, n.37, p.59-64, 1996.
- [56] BOSMAN, S. *Locally Weighted Approximations: Yet Another Type of Neural Network*. Amsterdam, 1996. MSc. Dissertation - Department of Computer Science, University of Amsterdam.
- [57] SHANG, Y.; WAH, B. W. Global Optimization for Neural Network Training. *IEEE Computer*, v.29, n.3, p.45-54, 1996.
- [58] ORSIER, B. *Another Hybrid Algorithm for Finding a Global Minimum of MLP Error Functions*. Geneva: Centre Universitaire d'Informatique: University of Geneva, 2000.
- [59] SCHIFFMANN, W. H.; MECKLENBURG, K. Genetic Generation of Backpropagation Trained Neural Networks. In: PARALLEL PROCESSING IN NEURAL SYSTEMS AND COMPUTERS (Mar. 1990 : Düsseldorf, Germany). *Proceedings*. Amsterdam: Elsevier, 1990. p.205-208.

- [60] SCHIFFMANN, W. H.; JOOST, M.; WERNER, R. *Synthesis and Performance Analysis of Multilayer Neural Network Architectures*. Technical Report TR 15/1992, Koblenz: University of Koblenz. 1992.
- [61] MICHEL, O.; JOELLE, B. From the Chromosome to the Neural Network. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON ARTIFICIAL NEURAL NETWORKS AND GENETIC ALGORITHMS (Apr. 1995 : Ales, France). *Proceedings*. Ales, 1995.
- [62] NOLFI, S.; PARISI, D. *Growing Neural Networks*. Technical Report PCIA-91-15, Rome: Institute of Psychology, National Research Council. 1992.
- [63] HAYKIN, S. *Neural Networks: A Comprehensive Foundation*. 2.ed. Englewood Cliffs: Printice Hall, 1998.
- [64] SVARER, C. *Neural Networks for Signal Processing*. Lyngby, 1994. Thesis – Electronics Institute, Technical University of Denmark.
- [65] YU, Y.-H.; SIMMONS, R.F. *Descending Epsilon in Back-Propagation: A Technique for Better Generalization*. Technical Report, Austin: Department of Computer Sciences, University of Texas. 1990.
- [66] ELMAN, J. L. *Incremental Learning, the Importance of Starting Small*. Technical Report 9101, San Diego: Center for Research in Language, University of California at San Diego. 1991.
- [67] KROGH, A.; HERTZ, J. A. A simple Weight Decay Can Improve Generalization. In: IEEE NEURAL INFORMATION PROCESSING SYSTEM (7. 1994 : Denver, USA). *Proceedings*. Cambridge: MIT Press, 1995. p.950-957.
- [68] PLUTOWSKI, M.; WHITE, H. *Active Selection of Training Examples for Network Learning in Noiseless Environment*. Technical Report TR 90-011, San Diego: Computer Science and Engineering Department, University of California at San Diego. 1991.

- [69] RÖBEL, A. Dynamic Pattern Selection: Effectively Training Backpropagation Neural Networks. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON ARTIFICIAL NEURAL NETWORKS (1994 : Sorrento, Italy). *Proceedings*. Sorrento: Springer-Verlag, 1994.
- [70] VYSNIAUSKAS, V.; GROEN, F. C. A.; KRÖSE, B. J. A. Orthogonal Incremental Learning of a Feedforward Network. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON ARTIFICIAL NEURAL NETWORKS (1995 : Paris, France). *Proceedings*. Paris, 1995.
- [71] VYSNIAUSKAS, V.; GROEN, F. C. A.; KRÖSE, B. J. A. A Method for Finding the Optimal Number of Learning Samples and Hidden Units for Function Approximation With a Feed Forward Network. *Artificial Neural Networks*, p.550-553, Sep. 1993.
- [72] LAWRENCE, S.; GILES, L.; TSOI, A. C. *Wath Size Neural Networks gives Optimal Generalization? Convergence Properties of Backpropagation*. Technical Report CS-TR-3617, Institute for Advanced Computer Studies, University of Maryland. 1996.
- [73] WOLPERT, D. H. *On Overfitting Avoidance as Bias*. Technical Report SFI TR 92-03-5001, Santa Fe: The Santa Fe Institute. 1993.
- [74] OJEDA, R. G. *Técnicas de Inteligência Artificial Aplicadas ao Apoio à Decisão Médica na Especialidade de Anestesiologia*. Florianópolis, 1992. Tese - Departamento de Engenharia Elétrica, Universidade Federal de Santa Catarina.
- [75] LINDSEY, C. S.; LINDBLAD, T. Review of Hardware Neural Networks: A User's Perspective. In: WORKSHOP ON NEURAL NETWORKS FROM BIOLOGY TO HIGH ENERGY PHYSICS (3. Sept. 1994 : Elba, Italy). *Proceedings*. Elba, 1994.
- [76] GASCUEL, J.-D.; WEINFELD, M.; CHAKROUN, S. A digital CMOS Fully Connected Neural Network with in-circuit Learning Capability and Automatic Identification of Spurious Attractors. In: IEEE CONFERENCE ON EURO ASIC (1991 : Paris, France). *Proceedings*. Paris, 1991.

- [77] MORIE, T.; AMEMIYA, Y. An All-Analog Expandable Neural Network VLSI with On-Chip Backpropagation Learning. *IEEE Journal of Solid State Circuits*, v.29, n.9, p.1086-1093, 1994.
- [78] CARD, H. C.; SCHNEIDER, C. R.; MOORE, W. R. Hebbian Plasticity in MOS Synapses. *IEE Proceedings-F*, v.138, n.1, p.13-16, Feb. 1991.
- [79] OOSSE, J. M. C.; WITHAGEN, H. C. A. M.; HEGT, J. A. Analog VLSI Implementation of a Feed-Forward Neural Network. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON ELECTRONIC CIRCUITS AND SYSTEMS (1994 : Cairo, Egypt). *Proceedings*. Cairo, 1994.
- [80] CARLSTRÖM, J. Minimization of Quantization Errors in Digital Implementations of Multi Layer Perceptrons. In: SWEDISH CONFERENCE ON CONNECTIONISM (1995 : Lawrence Erlbaum, Sweden). *Proceedings*. Lawrence Erlbaum, 1995. p.191-202.
- [81] FARHAT, N. H. Optoelectronic Neural Networks and Learning Machines. In: SÁNCHEZ-SINENCIO, E.; LAU, C. (Eds.). *Artificial Neural Networks: Paradigms, Applications, and Hardware Implementation*. Piscataway: IEEE Press, 1992. p.320-329.
- [82] HSU, K.; BRADY, D.; PSALTIS, D. Experimental Demonstrations of Optical Neural Computers. In: IEEE NEURAL INFORMATION PROCESSING SYSTEM (1. 1988 : Denver, USA). *Proceedings*. São Mateo: Morgan Kaufmann Publishers, 1989. p.377-386.
- [83] HEGT, J. A. Hardware Implementations of Neural Networks. In: HOUKES, Z.; REGTIEN, P. P. L.; HEERENS, W. C. et al. (Eds.). *Measurement and Artificial Neural Networks*. Utrecht: Stichting Meet- en Besturingstechnologie, 1993.
- [84] KEULEN, E. V.; COLAK, S.; WITHAGEN, H. C. A. M. et al. Neural Network Hardware Performance Criteria. In: IEEE INTERNATIONAL CONFERENCE ON NEURAL NETWORKS (1994 : Orlando, USA). *Proceedings*. Orlando, 1994. p.1885-1888.
- [85] JAWERTH, B.; SWELDENS, W. An Overview of Wavelet Based Multiresolution Analyses. *SIAM Rev.*, v.36, n.3, p.377-412, 1994.

- [86] GRAPS, A. An Introduction to Wavelets. *IEEE Computational Sciences and Engineering*, v.2, n.2, p.50-61, 1995.
- [87] THAKOR, N. V.; SHERMAN, D. Wavelet Analysis in Biomedical Signal Processing. In: BRONZINO, J. D. (Ed.). *Biomedical Engineering Handbook*. Boca Raton: CRC Press, 1995. p.886-906.
- [88] SHENG, Y. Wavelet Transform. In: POUPARIKAS, A. D. (Ed.). *The Transforms and Applications Handbook*. Boca Raton: CRC Press, 1996. p.747-828.
- [89] WICKERHAUSES, M. V. *Adapted Wavelet Analysis from Theory to Software*. Piscataway: IEEE Press, 1994.
- [90] SWELDENS, W.; SCHRÖDER, P. Building Your Own Wavelets at Home. In: *Wavelets in Computer Graphics*. Peasadena: ACM SIGGRAPH, 1996. p.15-87.
- [91] CHAPA, J. O.; RAO, R. M. *Algorithms for Designing Wavelets to Match a Specified Signal*. Technical Report TR-CHAPARAO-98-1, Rochester: Electrical Engineering Department, Rochester Institute of Technology. 1998.
- [92] WILLIAMS, W. J. Recent Advances in Time-Frequency Representations: Some Theoretical Foundations. In: AKAY, M. (Ed.). *Time Frequency and Wavelets in Biomedical Signal Processing*. Piscataway: IEEE Press, 1998. p.3-43.
- [93] DELYON, B.; JUDITSKY, A.; BENVENISTE, A. Accuracy Analysis for Wavelet Approximations. *IEEE Transactions on Neural Networks*, v.6, n.2, p.332-348, Mar. 1995.
- [94] LEE, T.-W.; BELL, A. J.; LAMBERT, R. Blind Separation of Delayed and Convolved Sources. In: IEEE NEURAL INFORMATION PROCESSING SYSTEM (9. 1996 : Denver, USA). *Proceedings*. Cambridge: MIT Press, 1997. p.758-764.
- [95] LEE, T.-W.; KOEHLER, B. U.; ORGLMEISTER, R. Blind Source Separation of Nonlinear Mixing Models. In: IEEE INTERNATIONAL WORKSHOP ON NEURAL NETWORKS FOR SIGNAL PROCESSING (Sept. 1997 : Amelia Island, USA). *Proceedings*. Florida, 1997. p.406-415.

- [96] SMARAGDIS, P. Blind Separation of Convolved Mixtures in the Frequency Domain. In: INTERNATIONAL WORKSHOP ON INDEPENDENCE & ARTIFICIAL NEURAL NETWORKS (Feb. 1998 : Tenerife, Spain). *Proceedings*. Tenerife, 1998.
- [97] PAJUNEN, P.; HYVÄRINEN, A.; KARHUNEN, J. Nonlinear Blind Source Separation by Self-Organizing Maps. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON NEURAL INFORMATION PROCESSING (3. Sept. 1996 : Hong Kong, China). *Proceedings*. Sigapore: Springer-Verlag, 1996. p.1207-1210.
- [98] TORKKOLA, K. Blind Separation of Delayed Sources Based on Information Maximization. In: IEEE INTERNATIONAL CONFERENCE ON ACUSTICS, SPEECH AND SIGNAL PROCESSING (Sept. 1996 : Atlanta, USA). *Proceedings*. Atlanta, 1996. p.1403-1409.
- [99] YANG, H. H.; AMARI, S.; CICHOCKI, A. Information-Theoretic Approach to Blind Separation of Sources in Non-linear Mixture. *Signal Processing*, v.64, n.3, p.291-300, 1998.
- [100] KARHUNEN, J.; MALAROIU, S. Local Independent Component Analysis Using Clustering. In: INTERNATIONAL WORKSHOP ON INDEPENDENT COMPONENT ANALYSIS AND BLIND SIGNAL SEPARATION (1. Jan. 1999 : Aussois, France). *Proceedings*. Aussois, 1999. p.43-48.
- [101] LAPPALAINEN, H.; GIANNKOPOULOS, X.; HONKELA, A. et al. Nonlinear Independent Component Analysis Using Ensemble Learning: Experiments and Discussion. In: INTERNATIONAL WORKSHOP ON INDEPENDENT COMPONENT ANALYSIS AND BLIND SIGNAL SEPARATION (2. June 2000 : Helsinki, Finland). *Proceedings*. Helsinki, 2000. p.351-356.
- [102] HYVÄRINEN, A.; PAJUNEN, P. Nonlinear Independent Component Analysis: Existence and Uniqueness Results. *Neural Networks*, v.12, n.3, p.429-439, 1999.

- [103] BACK, A. D.; CICHOCKI, A. Input Variable Selection Using Independent Component Analysis and Higher Order Statistics. In: INTERNATIONAL WORKSHOP ON INDEPENDENT COMPONENT ANALYSIS AND BLIND SIGNAL SEPARATION (1. Jan. 1999 : Aussois, France). *Proceedings*. Aussois, 1999. p.203-208.
- [104] VIGÁRIO, R. Extraction of Ocular Artifacts from EEG Using Independent Component Analysis. *Electroenceph. Clin. Neurophysiol.*, v.103, p.395-404, 1997.
- [105] JUNG, T.-P.; HUMPHRIES, C.; LEE, T.-W. et al. Extended ICA Removes Artifacts from Electroencephalographic Recordings. In: IEEE NEURAL INFORMATION PROCESSING SYSTEM (10. Dec. 1997 : Denver, USA). *Proceedings*. Cambridge: MIT Press, 1998. p.894-900.
- [106] VIGÁRIO, R.; JOUSMÄKI, V.; HÄMÄLÄINEN, M. et al. Independent Component Analysis for Identification of Artifacts in Magnetoencephalographic recordings. In: IEEE NEURAL INFORMATION PROCESSING SYSTEM (10. Dec. 1997 : Denver, USA). *Proceedings*. Cambridge: MIT Press, 1998.
- [107] WISBECK, J. O.; OJEDA, R. G. Aplicações de Redes Neurais no Tratamento de Interferências em Sinais de ECG. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ENGENHARIA BIOMÉDICA (15. Out. 1996 : São Carlos). *Anais*. São Carlos, 1996. p.525-526.
- [108] WISBECK, J. O.; OJEDA, R. G. Redução de Interferências em Sinais de ECG Utilizando Redes Neurais. In: SIMPÓSIO LATINOAMERICANO DE INGENIERÍA BIOMÉDICA (7. Out. 1996 : Bucaramanga, Colômbia). *Anales*. Bucaramanga, 1996. p.23-25.
- [109] BARROS, A. K.; MANSOUR, A.; OHNISHI, N. Adaptive Blind Elimination of Artifacts in ECG Signals. In: INTERNATIONAL WORKSHOP ON INDEPENDENCE & ARTIFICIAL NEURAL NETWORKS (Feb. 1998 : Tenerife, Spain). *Proceedings*. Tenerife, 1998. p.1380-1386.
- [110] BARROS, A. K.; MANSOUR, A.; OHNISHI, N. Removing Artifacts from ECG Signals Using Independent Component Analysis. *Neurocomputing*, v.22, p.173-186, 1998.

- [111] BARROS, A. K.; OHNISHI, N. Pre-filtering Non-stationary Signals to Improve Blind Source Separation. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON DIGITAL SIGNAL PROCESSING (July 1997 : Santorini, Greece). *Proceedings*. Santorini, 1997.
- [112] VETTER, R.; VESIN, J.-M.; CELKA, P. et al. Observer of the Human Cardiac Sympathetic Nerve Activity Using Noncausal Blind Source Separation. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, v.46, n.3, p.322-330, Mar. 1999.
- [113] HYVÄRINEN, A. Survey on Independent Component Analysis. *Neural Computing Surveys*, n.2, p.94-128, 1999.
- [114] JUTTEN, C.; HÉRAULT, J. Blind Separation of Sources, Part I: An Adaptive Algorithm Based on Neuromimetic Architecture. *Signal Processing*, v.24, p.1-10, 1991.
- [115] COMON, P. Independent Component Analysis - A New Concept? *Signal Processing*, v.36, p.287-314, 1994.
- [116] ZHU, J.; CAO, X.-R. Blind Source Separation Based on Output Independence -- Theory and Implementation. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON NONLINEAR THEORY AND ITS APPLICATIONS (Dec. 1995 : Las Vegas, USA). *Proceedings*. Las Vegas, 1995. p.97-102.
- [117] PUNTONET, C. G.; RODRIGUEZ, M.; PRIETO, A. A geometric Method for Blind Separation of Sources. In: THE IASTED INTERNATIONAL CONFERENCE ON ARTIFICIAL INTELLIGENCE AND SOFT COMPUTING (July 1997 : Banf, Canada). *Proceedings*. Banf, 1997. p.372-375.
- [118] BARROS, A. K.; VIGÁRIO, R.; JOUSMÄKI, V. et al. Extraction of Event-Related Signals from Multichannel Bioelectrical Measurements. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, v.47, n.5, p.583-588, May. 2000.
- [119] BARROS, A. K.; OHNISHI, N. Removal of Quasi-Periodic Sources from Physiological Measurements. In: INTERNATIONAL WORKSHOP ON INDEPENDENT COMPONENT ANALYSIS AND BLIND SIGNAL SEPARATION (1. Jan. 1999 : Aussois, France). *Proceedings*. Aussois, 1999. p.185-190.

- [120] PHAM, D. T.; GARRAT, P.; JUTTEN, C. Separation of a Mixture of Independent Sources Through a Maximum Likelihood Approach. In: EUROPEAN SIGNAL PROCESSING CONFERENCE (Aug. 1992 : Brussels, Belgium). *Proceedings*. Brussels, 1992. p.771-774.
- [121] BELL, A. J.; SEJNOWSKI, T. J. An Information Maximisation Approach to Blind Separation and Blind Deconvolution. *Neural Computation*, v.7, n.6, p.1129-1159, 1995.
- [122] AMARI, S.; CICHOCKI, A.; YANG, H. H. A New Learning Algorithm for Blind Signal Separation. In: IEEE NEURAL INFORMATION PROCESSING SYSTEM (8. Nov. 1995 : Denver, USA). *Proceedings*. Cambridge: MIT Press, 1996. p.757-763.
- [123] HYVÄRINEN, A. New Approximations of Differential Entropy for Independent Component Analysis and Projection Pursuit. In: IEEE NEURAL INFORMATION PROCESSING SYSTEM (10. Dec. 1997 : Denver, USA). *Proceedings*. Cambridge: MIT Press, 1998. p.273-279.
- [124] DELFOSSE, N.; LOUBATON, P. Adaptive Blind Separation of Independent Sources: A Deflation Approach. *Signal Processing*, v.45, p.59-83, 1995.
- [125] HYVÄRINEN, A. One-Unit Contrast Functions for Independent Component Analysis: A Statistical Analysis. In: IEEE INTERNATIONAL WORKSHOP ON NEURAL NETWORKS FOR SIGNAL PROCESSING (Sept. 1997 : Amelia Island, USA). *Proceedings*. Florida, 1997. p.388-397.
- [126] HYVÄRINEN, A. One-Unit Learning Rules for Independent Component Analysis. In: IEEE NEURAL INFORMATION PROCESSING SYSTEM (9. 1996 : Denver, USA). *Proceedings*. Cambridge: MIT Press, 1997. p.480-486.
- [127] CICHOCKI, A.; BARROS, A. K. Robust Batch Algorithm for Sequential Blind Extraction of Noisy Biomedical Signals. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON SIGNAL PROCESSING AND ITS APPLICATIONS (Aug. 1999 : Brisbane, Australia). *Proceedings*. Brisbane, 1999. p.363-366.
- [128] PRIETO, A.; PUNTONET, C. G. Geometric Approach for Blind Separation of Signals. *Electronics Letters*, v.33, n.10, p.835-836, May. 1997.

- [129] PUNTONET, C. G.; PRIETO, A. An Adaptive Geometrical Procedure for Blind Separation of Sources. *Neural Processing Letters*, v.2, n.5, p.23-27, Sep. 1995.
- [130] PUNTONET, C. G.; PRIETO, A.; ORTEGA, J. New Geometrical Approach for Blind Separation of Sources Mapped to a Neural Network. In: INTERNATIONAL WORKSHOP ON NEURAL NETWORKS FOR IDENTIFICATION, CONTROL, ROBOTICS AND SIGNAL IMAGE PROCESSING (Sept. 1996 : Venice, Italy). *Proceedings*. Venice, 1996.
- [131] AMARI, S.; CICHOCKI, A.; YANG, H. H. Recurrent Neural Networks for Blind Separation of Sources. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON SIGNAL PROCESSING AND ITS APPLICATIONS (1995 : Tokyo, Japan). *Proceedings*. Tokyo: NTA Research Society of IEICE, 1995. p.37-42.
- [132] CICHOCKI, A.; KASPRZAK, W.; AMARI, S. Neural Network Approach to Blind Separation and Enhancement of Images. In: EUROPEAN SIGNAL PROCESSING CONFERENCE (Sept. 1996 : Trieste). *Proceedings*. Trieste: EURASIP/LINT Publisher, 1996. p.579-582.
- [133] KARHUNEN, J.; OJA, E.; WANG, L. et al. A Class of Neural Networks for Independent Component Analysis. *IEEE Transactions on Neural Networks*, v.8, n.3, p.486-504, May. 1997.
- [134] HYVÄRINEN, A.; OJA, E. Simple Neuron Models for Independent Component Analysis. *International Journal of Neural Systems*, v.7, n.6, p.671-687, 1996.
- [135] CICHOCKI, A.; UNBENHAUEN, R. Robust Neural Networks with On-Line Learning for Blind Identification and Blind Separation of Sources. *IEEE Transactions on Circuits and Systems - I: Fundamental Theory and Applications*, v.43, p.894-906, 1996.
- [136] YANG, H. H.; AMARI, S. Adaptive On-Line Learning Algorithms for Blind Separation --- Maximum Entropy and Minimum Mutual Information. *Neural Computation*, v.9, n.7, p.1457-1482, Oct. 1997.
- [137] GIANNAKOPOULOS, X.; KARHUNEN, J.; OJA, E. An Experimental Comparison of Neural ICA Algorithms. *International Journal of Neural Systems*, v.9, n.2, p.99-114, Apr. 1999.

- [138] HYVÄRINEN, A.; OJA, E. A Fast Fixed-Point Algorithm for Independent Component Analysis. *Neural Computation*, v.9, n.7, p.1483-1492, 1997.
- [139] MARQUES, J. L. B. *High Resolution Electrocardiogram Analysis*. Sheffield, 1994. PhD. Thesis - University of Sheffield.
- [140] DICKHAUS, H.; HEINRICH, H. Classifying Biosignals with Wavelet Networks. *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, v.15, n.5, p.103-111, Oct. 1996.
- [141] LARSEN, J. *Desing of Neural Networks Filters*. Lyngby, 1996. Thesis - Department of Mathematical Modelling, Technical University of Denmark.
- [142] VAZ, F.; PRÍNCIPE, J. C. Neural Networks for EEG Signal Decomposition and Classification. In: IEEE ENGINEERING IN MEDICINE & BIOLOGY (17. Sept. 1995 : Montreal, Canada). *Proceedings*. Montreal, 1995. p.793-794.
- [143] BACK, A. D.; CHEN, T.-P. Approximation of Hybrid Systems by Neural Networks. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON NEURAL INFORMATION PROCESSING (4. Nov. 1997 : Dunedin, New Zealand). *Proceedings*. Singapore: Springer-Verlag, 1997. p.326-329.
- [144] SZU, H.; TELFER, B.; GARCIA, J. Wavelet Transforms and Neural Networks for Compression and Recognition. *Neural Networks*, v.9, n.4, p.695-708, Jun. 1996.
- [145] SZU, H.; YANG, X. Y.; TELFER, B. et al. Neural-Network and Wavelet Transform for Scale-Invariant Data Classification. *Physical Review*, v.48, n.2, p.1497-1501, Aug. 1993.
- [146] TUMER, K.; GHOSH, J. A Framework for Estimating Performance Improvements in Hybrid Pattern Classifiers. In: WORLD CONGRESS ON NEURAL NETWORKS (June 1994 : San Diego, USA). *Proceedings*. San Diego, 1994. p.220-225.
- [147] XUE, Q.; REDDY, B. R. S. Late Potential Recognition by Artificial Neural Networks. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, v.44, n.2, Feb. 1997.

- [148] WISBECK, J. O.; COUTINHO, M.; OJEDA, R. G. Análise de Componentes Independentes Aplicada à Remoção de Artefatos na Detecção de Potenciais Tardios Cardíacos. In: CONGRESO ARGENTINO DE BIOINGENIERÍA (12. Jun. 1999 : Buenos Aires, Argentina). *Anales*. Buenos Aires, 1999.
- [149] KASABOV, N. Evolving connectionist and fuzzy connectionist systems for on-line adaptive decision making and control. In: ROY, R.; FURUHASHI, T.; CHAUDHRY, P. K. (Eds.). *Advances in Soft Computing - Engineering Design and Manufacturing*. Heidelberg: Springer-Verlag, 1999. p.13-20.
- [150] CHEN, C.-T.; LIN, W.-L.; KUO, T.-S. et al. Adaptive Control of Arterial Blood Pressure with a Learning Controller Bases on Multilayer Networks. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, v.44, n.7, p.601-609, Jul. 1997.
- [151] SVEINSSON, J. R.; BENEDIKTSSON, J. A.; STEFANSSON, S.B. Classification of Event-Related Potential Waveforms with Parallel Principal Component Neural Networks. In: IEEE ENGINEERING IN MEDICINE & BIOLOGY (17. Sept. 1995 : Montreal, Canada). *Proceedings*. Montreal, 1995. p.799-800.
- [152] HASHEM, S. Optimal Linear Combinations of Neural Networks. *IEEE Transactions on Neural Networks*, v.10, n.4, p.599-614, 1997.
- [153] DIAS, J. S. *Sensibilidade Paramétrica como Guia para o Treinamento Híbrido de Redes Neurais*. Florianópolis, 1999. Tese - Departamento de Engenharia Elétrica, Universidade Federal de Santa Catarina.
- [154] JACOBS, R. A.; JORDAN, M. I.; NOWLAN, S. J. et al. Adaptive Mixture of Local Experts. *Neural Computation*, v.3, n.1, p.79-87, 1991.
- [155] WISBECK, J. O.; OJEDA, R. G. Inicialização dos pesos sinápticos de redes neurais artificiais diretas 1-N-1. In: CONGRESO LATINOAMERICANO DE INGENIERÍA BIOMÉDICA (1. Nov. 1998 : Mazatlán, México). *Anales*. Mazatlán, 1998. p.547-551.
- [156] YU, K.; ZHANG, Y. S.; JIANG, D. S. The Application of Wavelet Neural Network in Spectral Data Compression and Classification. *Journal of Infrared and Millimeter Waves*, v.17, n.3, p.215-220, Jun. 1998.

- [157] CHIANG, J. H. A Hybrid Neural Network Model in Handwritten Word Recognition. *Neural Networks*, v.11, n.2, p.337-346, Mar. 1998.
- [158] LIM, C. P.; HARRISON, R. F.; KENNEDY, R. L. Application of Autonomous Neural Network Systems to Medical Pattern Classification Tasks. *Artificial Intelligence in Medicine*, v.11, n.3, p.215-239, Nov. 1997.
- [159] LU, T. W.; LERNER, J. Spectroscopy and Hybrid Neural Network Analysis. *Proceedings of the IEEE*, v.84, n.6, p.895-905, Jun. 1996.
- [160] SZU, H.; TELFER, B.; KADAMBE, S. Neural Network Adaptive Wavelets for Signal Representation and Classification. *Optical Engineering*, v.9, n.31, p.1907-1916, Sep. 1992.
- [161] BACK, A. D.; TSOI, A. C. A Cascade Neural Network Model with Nonlinear Poles and Zeros. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON NEURAL INFORMATION PROCESSING (3. Sept. 1996 : Hong-Kong, China). *Proceedings*. Singapore: Springer-Verlag, 1996. p.486-491.
- [162] BANNOUR, S.; AZIMI-SADJADI, M. R. Principal Component Extraction Using Recursive Least Squares Learning. *IEEE Transactions on Neural Networks*, v.6, n.2, p.457-469,
- [163] WISBECK, J. O.; OJEDA, R. G. Application of Neural Networks to Separate Interferences and ECG Signals. In: IEEE INTERNATIONAL CARACAS CONFERENCE ON DEVICES, CIRCUITS AND SYSTEMS (2. Mar. 1998 : Margarita Island, Venezuela). *Proceedings*. Caracas, 1998.
- [164] WISBECK, J. O.; OJEDA, R. G. Using Neural Networks to Separate Interference from Electrocardiogram (ECG) Signals. In: WORLD CONGRESS ON MEDICAL PHYSICS AND BIOMEDICAL ENGINEERING (Sept. 1997 : Nice, France). *Proceedings*. Nice, 1997. p.526-526.
- [165] WISBECK, J. O.; BARROS, A. K.; OJEDA, R. G. Application of ICA in the Separation of Breathing Artifacts in ECG Signals. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON NEURAL INFORMATION PROCESSING (5. Oct. 1998 : Kitakyushu, Japan). *Proceedings*.: Kitakyushu, 1998. p.211-214.

- [166] KNUTH, K. H. Difficulties Applying Recent Blind Source Separation Techniques to EEG and MEG. In: MAXIMUM ENTROPY AND BAYESIAN METHODS (Aug. 1997 : Boise, USA). *Proceedings*. Dordrecht: Kluwer, 1998. p.209-222.
- [167] TORKKOLA, K. Blind Separation of Colvolved Sources Based on Information Maximization. In: IEEE INTERNATIONAL WORKSHOP ON NEURAL NETWORKS FOR SIGNAL PROCESSING (Sept. 1996 : Kyoto, Japan). *Proceedings*. Kyoto, 1996.
- [168] LAPPALAINEN, H.; GIANNKOPOULOS, X. Multi-Layer Perceptrons as Nonlinear Generative Models for Unsupervised Learning: a Bayesian Treatment. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON ARTIFICIAL NEURAL NETWORKS (9. Sept. 1999 : Edinburgh, Scotland). *Proceedings*. Edinburgh, 1999. p.19-24.
- [169] JULIAN, D. G. Toward Preventing Coronary Death from Ventricular Fibrillation. *Circulation*, v. 54, n.3, p.360-364, 1976.
- [170] COUTINHO, M. *Proposta de Projeto de Pesquisa de Potenciais Tardios*. Reporte Técnico, Florianópolis: Hospital Universitário, Grupo de Pesquisas em Engenharia Biomédica, UFSC. 1992.
- [171] CASTRO, H. A.; TAM, S. M.; HOLLER, M. A. Implementation and Performance of an Analog Nonvolatile Neural Network. *Analog Integrated Circuits and Signal Processing*, v.4, n.2, p.97-113, 1993.
- [172] SURAWICZ, B. *Electrophysiologic Basis of ECG and Cardiac Arrhythmias*. Malvern: Willians & Wilkins, 1995.
- [173] DALMO, A. R. *Arritmias Cardíacas*. São Paulo: Artes Médicas, 1995.
- [174] PERROT, B. B.; HOURIEZ, P. Signal-Averaged ECG Prognostic Significance in Patients with Myocardial Infarction and Bundle Branch Block. *HeartWeb*, v.4, n.2, 1998.
- [175] SHEN, W. K.; HAMMILL, S. C. Survivors of Acute Myocardial Infarction: Who is at Risk for Sudden Cardiac Death? *Mayo Clin Proc*, v.66, p.950-962, Sep. 1991.

- [176] HAMMILL, S. C. Signal-Averaged ECG: A critical Appraisal of the Technique and Recomendations for Clinical Use. *HeartWeb*, v.4, n.1, 1998.
- [177] MALTESE, H.; MALTESE, C. *Grande Dicionário de Medicina*. São Paulo: Maltese, 1994.
- [178] GUYTON, A. C. *Tratado de Fisiologia Médica*. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 1992.
- [179] SCHWARZMAIER, H.-J. Relation Between Ventricular Late Endocardial Activity During Intraoperativity Endocardial Mapping and LowAmplitude Signals withing the Terminal QRS Complex on the Signal Averaged Surface Electrocardiogram. *The American Journal Cardiology*, v.66, p.308-314, 1990.
- [180] BREITHARDT, G.; CAIN, M. E.; EL-SHERIF, N. et al. Standards for Analysis of Ventricular Late Potentials Using High-Resolution or Signal-Averaged Electrocardiography - A Statement by a Task Force Committee of the European Society of Cardiology, the American Heart Association, and the American College of Cardiology. *Circulation*, v.83, n.4, p.1481-1488, 1991.
- [181] LANDER, P.; BERBARI, E. J.; RAJAGOPALAN, C. V. et al. Critical Analysis of the Signal-Averaged Electrocardiogram - Improved Identification of Late Potentials. *Circulation*, v.87, n.1, p.105-117, 1993.
- [182] OEFF, M.; LEITNER, E. R.; STHAPIT, R. et al. Methods for Non-invasive Detection of Ventricular Late Potentials - A Comparative Multicenter Study. *European Heart Journal*, v.7, n.1, p.25-33, Jan. 1986.
- [183] BERBARI, E. J. Principles of Electrocardiography. In: BRONZINO, J. D. (Ed.). *The Biomedical Engineering Handbook*. Boca Raton: CRC Press, 1995. p.181-190.
- [184] RIJN, A. C. M. V.; PEPPER, A.; GRIMBERGEN, C. A. High-Quality Recording of Bioelectric Events - Interference Reduction, Theory and Practice. *Medical & Biological Engineering & Computing*, n.28, p.389-397, Sep. 1990.

- [185] BURKE, M. J.; GLEESON, D. T. A Micropower Dry-Electrode ECG Preamplifier. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, v.47, n.2, p.155-162, Feb. 2000.
- [186] WINTER, B. B.; WEBSTER, J. G. Reduction of Interference Due to Common Mode Voltage in Biopotential Amplifiers. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, v.BME-30, n.1, p.58-66, Jan. 1983.
- [187] UNIVERSIDAD SIMÓN BOLIVAR, UNIVERSITY OF OKLAHOMA, UNIVERSIDAD CENTRAL DE VENEZUELA. Base de Datos de Registros de ECG de Alta Resolución, ver. Beta 1, Feb.1997, *Proyecto SEARCH - Señales Electrocardiográficas de Alta Resolución en Chagas*. Caracas, Venezuela: Universidad Simón Bolívar, Grupo de Bioingeniería y Biofísica Aplicada, 1996.
- [188] SIMSON, M. B. Use of Signals in the Terminal QRS Complex to Identify Patients with Ventricular Tachycardia After Myocardial Infarction. *Circulation*, v.64, n.2, p.235-241, Aug. 1981.
- [189] LANDER, P.; BERBARI, E. J.; LAZZARA, R. Optimal Filtering and Quality Control of the Signal-Averaged ECG - High-Fidelity 1 - Minute Recordings. *Circulation*, v.91, n.5, p.1495-1505, 1995.
- [190] STEINBERG, J. S.; BIGGER, J. T. Importance of the Endpoint of Noise Reduction in Analysis of the Signal-Averaged Electrocardiogram. *The American Journal of Cardiology*, v.63, p.556-560, Mar. 1989.
- [191] ATARIUS, R.; SÖRNMO, L. Cardiac Late Potentials and Signal-to-Noise Ratio Enhancement by Ensemble Correlation. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, v.BME-42, p.1132-1137, 1995.
- [192] ATARIUS, R.; SÖRNMO, L. Detection of Late Potentials in Nonstationary Noise. *Medical Engineering & Physics*, v.19, p.291-298, 1997.
- [193] ATARIUS, R.; SÖRNMO, L. *Signal Estimation Based on Higher Order Statistics with Application to Late Potential Analysis*. Technical Report, Lund: Department of Telecommunication Theory, Lund University. 1995.

- [194] WISBECK, J. O.; COUTINHO, M.; OJEDA, R. G. Extended Use of Independent Component Analysis (ICA): An Application for ECG Signals. In: CONGRESO CHILENO DE INGENIERÍA ELECTRICA (13. Nov. 1999 : Santiago, Chile). *Anales*. Santiago, 1999. p.626-630.
- [195] BUCKINGHAM, T. A.; THESEN, C. M.; HERTWECK, D. et al. Signal-Averaged Electrocardiography in the Time and Frequency Domain. *The American Journal of Cardiology*, v.63, p.820-823, Apr. 1989.
- [196] KELEN, G. J.; HENKIN, R.; FONTAINE, J. M. et al. Effects of Analyzed Signal Duration and Phase on the Results of Fast Fourier Transform Analysis of the Surface Electrocardiogram in Subjects With and Without Late Potentials. *The American Journal of Cardiology*, v.60, Dec. 1987.
- [197] ENGEL, T. R. Spectrotemporal Analysis of the Electrocardiograms. *Circulation*, v.83, n.6, p.1827-1829, 1991.
- [198] HABERL, R.; SCHELS, H. F.; STEINBIGLER, P. et al. Top-Resolution Frequency Analysis of Electrocardiogram With Adaptive Frequency Determination - Identification of Late Potentials in Patients With Coronary Artery Disease. *Circulation*, v.82, n.4, p.1183-1192, 1990.
- [199] SCHELS, H. F.; HABERL, R.; JILGE, G. et al. Frequency Analysis of the Electrocardiogram with Maximum Entropy Method for Identification of Patients with Sustained Ventricular Tachycardia. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, v.38, n.9, Sep. 1991.
- [200] SPEIRS, C. A.; SORAGHAN, J. J.; STEWART, R. W. et al. Ventricular Late Potential Detection from Bispectral Analysis of ST-Segments. In: EUROPEAN SIGNAL PROCESSING CONFERENCE (Sept. 1994 : Edinburgh). *Proceedings*. Edinburgh, 1994. p.1129-1132.
- [201] MESTE, O.; RIX, H.; CAMINAL, P. et al. Ventricular Late Potentials Characterization in Time-Frequency Domain by Means of a Wavelet Transform. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, v.41, n.7, p.625-634, 1994.