Aplicação de uma Rede Neural *Feedforward* com Algoritmo de Levenberg-Marquardt para Classificação de Alterações do Segmento ST do Eletrocardiograma

Pedro Paulo da Silva Soares, Jurandir Nadal Programa de Engenharia Biomédica/COPPE/UFRJ, C.P. 68510, 21945-970 Rio de Janeiro, RJ E-mails: pedropss@peb.ufrj.br, jn@peb.ufrj.br

Abstract

A feedforward artificial neural network (ANN) trained with the Levenberg-Marquardt algorithm was employed to classify electrocardiographic ST segments into three classes: normal (N), negative (ST-) and positive ST deviations (ST+). Each segment was resampled to 100 points and reduced by principal component analysis (PCA) to five coefficients, which were the inputs of the ANN with fifteen neurons in the hidden layer and three outputs. A total of 7200 patterns were randomly selected, being 2400 of each class, and equally divided to create the training (TRE), validation (VAL) and test (TES) sets. TRE was used for PCA calculation, where the five principal components represented 98.23 % of the original data variance. TRE was used for training the ANN, and VAL for validation, where the mean square error increasing over five consecutive epochs was the criterion to stop the training. The measured performance for TES data set reached 80.42 % accuracy, 84.86 % sensitivity and 87.82 % positive predictivity, which are similar to other methods in literature. The conclusion is that the method using PCA and ANN is potentially applicable for the electrocardiographic ST changes classification.

1. Introdução

As doenças cardiovasculares constituem a principal causa de mortalidade na sociedade moderna. O eletrocardiograma ambulatorial (ECGA) ou Holter tem sido largamente utilizado para o diagnóstico da integridade cardíaca, onde alterações do segmento ST refletem a ocorrência de crises isquêmicas. Com o intuito de definir critérios para análise de sinais ECGA, que permitam a comparação entre diferentes algoritmos, foi desenvolvido o European ST-T Database (EDB) [1]. O presente trabalho explora um método de detecção automática de alterações de ST, baseado no EDB, onde a análise de componentes principais (ACP) é usada para extração de parâmetros e redução de dimensionalidade. Para classificação de padrões, utilizou-se redes neurais artificiais (RNA) do tipo feedforward, treinadas com o algoritmo de Levenberg-Marquardt [2].

2. Materiais e Métodos

Para o desenvolvimento deste trabalho, foram utilizados os sinais de ECGA de pacientes isquêmicos contidos no European ST-T Database [1]. O EDB é apresentado em CD-ROM, contendo 90 arquivos, de duas horas de duração cada, registrados em duas derivações de ECG. Estes arquivos correspondem à monitoração por Holter de 79 indivíduos, 70 homens com idade entre 30 e 84 anos, 8 mulheres com idade entre 55 e 71 anos, e um indivíduo de sexo não documentado. O EDB possui um total de 372 episódios de alteração de ST e 423 de onda T, que duram de 30 s a vários minutos, com amplitude variando entre de 100 μV e 1 mV. No presente trabalho, usou-se apenas derivações precordiais (V1, V2, V3, V4, V5 e V6), com ritmo normal e padrões de ST normal (N), infradesnivelado (ST-) e supradesnivelado (ST+), sem alterações concomitantes de onda T. Seguindo este critério, 71 sinais de 66 pacientes formaram a amostra, com alguns pacientes fornecendo dois sinais por terem os dois canais do registro em derivações precordiais.

Inicialmente o sinal de ECG passou por um filtro Butterworth passa-altas de terceira ordem, com freqüência de corte em 0,6 Hz, para minimizar as influências de flutuações da linha de base (isoelétrica).

Para a extração dos batimentos, foi aplicado um filtro passa-baixas (Butterworth, quarta ordem, freqüência de corte em 30 Hz), que elimina ruído de alta freqüência, e calculada a derivada do sinal obtido. A localização precisa da onda R (pico) é dada pela mudança de sinal desta derivada em trechos prédeterminados, em torno das anotações de batimento existente no EDB. A partir de R, a onda Q corresponde à primeira mudança de sinal da derivada à esquerda de R, com a primeira mudança de sinal à direita de R caracterizando a inflexão da onda S (Figura 1).

A localização do final da onda T foi estimada utilizando-se as equações de Karjalainen *et al.* [3], propostas para a estimação da duração do intervalo QT em três faixas de freqüência cardíaca (FC). Para FC entre 60 e 99 bpm (batimentos por minuto), ou intervalos RR de 1000 a 600 ms, a equação é:

$$QT = 0.156 RR + 236;$$
 (1)

para FC abaixo de 60 bpm,

$$QT = 0.116 RR + 277;$$
 (2)

e para FC acima de 99 bpm,

$$QT = 0.384 RR + 99$$
, (3)

onde a duração de RR é dada em ms. A Figura 1 apresenta a localização das ondas Q, R, S e T, sendo esta última estimada segundo uma das equações acima.

O segmento ST foi definido como o trecho compreendido entre a onda S e o final da onda T. Devido à influência da FC, foram obtidos diferentes tamanhos de segmentos ST. Uma vez que, para processar a análise de componentes principais (ACP), necessita-se de vetores de mesma dimensão, cada segmento foi re-amostrado para 100 pontos (Figura 2), usando-se a função *resample* do MATLAB Versão 5.1 (MathWorks). Após a re-amostragem, as primeiras 10

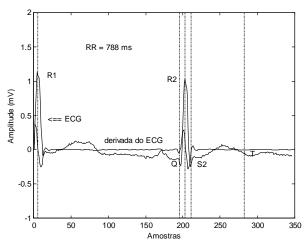


Figura 1 Traçado de ECG com a localização das ondas Q, R, S e T.

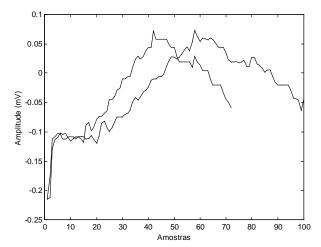


Figura 2: Segmento ST-T original com 73 pontos do paciente e0104, obtido a partir da estimação das duração do QT em função da FC e, o mesmo trecho de sinal re-amostrado para 100 pontos.

amostras foram excluídas, para evitar a influência da onda S na variância total.

Dos 71 sinais pré-processados, obteve-se um total de 409462 segmentos N, 77692 ST- e 2631 ST+. Destes, foram aleatoriamente selecionados 7200 segmentos, sendo 2400 padrões de cada classe (N, ST- e ST+), excluindo-se segmentos excessivamente ruidosos. Este total foi dividido em grupos de treinamento (TRE), validação (VAL) e teste (TES), com 800 exemplos de cada padrão compondo cada grupo.

2.1. Análise de Componentes Principais

A Análise de Componentes Principais, também conhecida como a Transformada de Karhunen-Loève (KL), constitui um método clássico de análise multivariada para redução de dimensionalidade [4]. Geometricamente, consiste em representar um vetor de parâmetros em um novo sistema de coordenadas ortogonais, cujos eixos são orientados nas direções de maior variância dos dados originais (Componentes Principais, CP). Tomando-se apenas as primeiras CP, que maximizam a representação da variância total, pode-se desprezar as demais sem perda significativa da informação contida nos parâmetros originais. Em termos de segmentos de sinais digitais (N amostras), esta transformação consiste na decomposição da matriz de covariância C (de dimensão $N \times N$), obtida de um conjunto representativo destes sinais, em termos dos autovalores e autovetores correspondentes às soluções não triviais da equação característica:

$$(\mathbf{C} - \Omega \mathbf{I}) \lambda = 0 \tag{4}$$

onde, I é a matriz identidade e Ω é matriz de autovetores (AV), associados aos respectivos autovalores λ . Cada autovalor constitui uma medida relativa da fração de variância original que está contida no respectivo autovetor. Deste modo, tomando os P maiores autovalores (P << N), obtém-se P autovetores (Componentes Principais) os quais representam fração significativa da variância original. A transformação é concluída com a projeção dos vetores originais sobre cada CP, obtendo-se então os coeficientes das CP.

No presente estudo, os 2400 segmentos do TRE, após normalização e remoção do segmento médio, compuseram a base de dados para o cálculo da matriz C. Somente componentes que contribuíram com no mínimo 1% da variância total foram consideradas, com cinco CP satisfazendo este critério, as quais contribuíram com 98,23% da variância original e formaram a matriz de transformação KL5 ($KL5 \supset \Omega$). As contribuições individual (linha contínua) e acumulada (linha tracejada) das componentes principais são apresentadas na Figura 3 e os autovetores

correspondentes, assim como o vetor médio da amostra, são apresentados na Figura 4.

Os coeficientes das CP foram obtidos pela combinação linear da KL5 com os vetores de dados originais \boldsymbol{x} , após normalização a remoção da média, conforme a expressão:

$$y = KL5 x. (5)$$

Os grupos VAL e TES foram, da mesma forma, projetados sobre o sub-espaço *KL5*, e seus respectivos coeficientes *y* serviram como entradas do classificador baseado em RNA *feedforward*. O ajuste de pesos foi realizado pelo algoritmo de Levenberg-Marquardt, sendo testadas seis diferentes topologias de rede, conforme descrito a seguir.

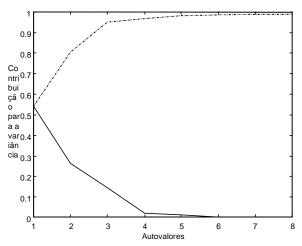


Figura 3: Representação da variância original dos dados: contribuições de cada componente principal (linha contínua) e acumulada (linha descontínua). Foram consideradas as cinco primeiras CP, que representam 98,23% da variância total da amostra.

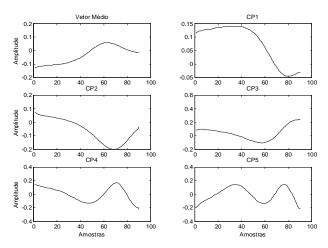


Figura 4: Média dos sinais e os cinco primeiros autovetores (componentes principais) que compõem a Base de Karhunen-Loève (*KL5*), usada como a matriz de transformação para o novo espaço das variáveis.

2.2. O Algoritmo de Levenberg-Marquardt

Enquanto o *back-propagation* padrão utiliza a descida de gradiente como método de aproximação do mínimo da função erro, o algoritmo de Levenberg-Marquardt (LM) utiliza uma aproximação pelo método de Newton [2]. Esta aproximação é obtida a partir da modificação do método de Gauss-Newton introduzindo-se o parâmetro u, conforme a equação:

$$\Delta x = [J^{T}(x)J(x) + \mu I]^{-1}J^{T}(x)e(x)$$
 (6)

onde I é a matriz identidade, e(x) é o erro e J é a matriz Jacobiana. O parâmetro μ é multiplicado por um fator (β) toda vez que um passo resultar num aumento na função erro, que se deseja minimizar. Quando um passo resultar na diminuição da função genérica V(x), μ é dividido pelo fator β . Isto significa dizer que, se houver uma convergência para o mínimo da função, μ é pequeno e o algoritmo se aproxima do método de Newton (passo $1/\mu$); no caso de não haver convergência, o método se aproxima da descida de gradiente. O parâmetro μ funciona como um fator de estabilização do treinamento, ajustando a aproximação de forma a utilizar a rápida convergência do método de Newton e evitando passos muito grandes que possam levar a um erro de convergência [2].

Foram treinadas seis topologias de redes neurais artificiais do tipo feedforward, com cinco entradas (coeficientes das CP), três neurônios na camada de saída (N, ST- e ST+) e 6, 10, 15, 20, 25 ou 30 neurônios na camada escondida, usando-se como função de ativação $f(x) = 1/(1+e^{-x})$. Cada topologia de rede foi treinada 10 vezes, com pesos iniciais aleatoriamente. Como selecionados critério classificação na saída da rede, optou-se por classificar o segmento em função do neurônio que apresentasse maior valor de saída (winner takes all). O treinamento era interrompido quando o erro médio quadrático do grupo VAL aumentasse por cinco épocas seguidas em relação ao erro do TRE. O desempenho de classificação foi medido por três índices: acurácia (ACUR), sensibilidade (STse) e valor preditivo positivo (STpp). Define-se por acurácia, o número total de acertos de todas as classes dividido pelo total de segmentos. STse e STpp são definidos de acordo as equações abaixo:

$$STse = \frac{STP}{STP + FN} \tag{7}$$

$$STpp = \frac{STP}{STP + FP} \tag{8}$$

onde STP é o número de verdadeiros positivos, FN os falsos negativos e FP os falsos positivos.

O desempenho médio da RNA com 15 neurônios na camada escondida (RNA15) foi semelhante ao das redes com maior número de neurônios. Assim, a RNA15 de melhor desempenho foi usada para classificar todos os 489.785 segmentos ST (N, ST- e ST+), pertencentes aos 71 sinais incluídos neste estudo. Nesta avaliação, não foi calculado o *STpp*, pois os arquivos com segmentos N, ST- e ST+ foram avaliados separadamente.

3. Resultados

A Figura 5 apresenta o comportamento do EMQ para os três grupos durante uma sessão de treinamento de uma RNA com 15 neurônios na camada escondida. Note-se que as curvas se confundem para os grupos VAL e TES. A RNA15, que apresentou melhores resultados globais para o TES, necessitou de 27 épocas para atingir um EMQ de 0,073, *ACUR* de 80,42, *STse* de 84,86 e *STpp* de 87,82 %.

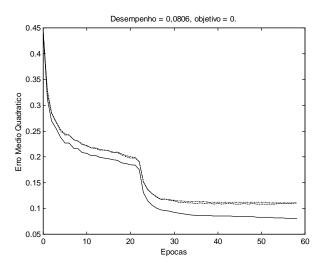


Figura 5: Comportamento do EMQ dos grupos TRE (linha contínua), VAL (tracejada) e TES (traçoponto) em função do número de épocas durante o treinamento de uma rede com 15 neurônios na camada escondida.

Na avaliação com todos os 2631 segmentos ST+, 2337 foram classificados corretamente, sendo que 184 foram classificados erroneamente como normais e 110 como ST-. A acurácia global obtida foi de 88,83% e a *STse* de 93,01%. Dentre os 13 arquivos com ST+, de 12 pacientes diferentes, quatro arquivos apresentaram resultados de *ACUR* e *STse* abaixo de 60%.

Dentre as 77692 alterações de ST-, houveram 60565 classificações corretas, sendo 1807 segmentos classificados como ST+ e 15320 classificados como normais. A *ACUR* global foi de 77,96% e a *STse* de 80,28%. Participaram deste grupo 61 arquivos de 59

pacientes, sendo que, destes, 17 arquivos apresentaram resultados de *ACUR* e *STse* abaixo de 60%.

Na classificação dos 409.462 segmentos normais, 313.222 foram classificados corretamente, sendo 73.508 classificados como ST- e 22.732 como ST+. A *ACUR* obtida foi de 76,50% e os sinais de 11 pacientes forneceram resultados abaixo de 60%.

4. Discussão

O presente trabalho não utiliza os parâmetros clássicos empregados na maioria dos métodos automáticos de classificação de segmentos ST isquêmicos, tais como a inclinação do ST e a amplitude de um determinado ponto deste segmento [5-7]. A metodologia adotada é semelhante às de SILIPO *et al.* [8] e MAGLAVERAS *et al.* [9], tendo-se optado por uma abordagem mais simples, uma vez que não foi necessário definir pontos de referência que em geral são de difícil detecção, requerendo algoritmos sofisticados.

A ACP permitiu uma redução significativa de dimensionalidade, passando-se de um espaço de parâmetros 90 (tamanho dos segmentos ST-T) para uma dimensão 5 (componentes principais). Esta redução permitiu uma diminuição concomitante no esforço computacional, reduzindo o número total de sinapses necessárias, uma vez que apenas os coeficientes das CP constituíram entradas das RNA, sem contudo haver perda significativa de informação: as cinco primeiras CP representaram 98,23 % da variância total. Estes resultados estão de acordo com os de SILIPO et al [8], que utilizaram a mesma abordagem de análise do ST, optando pelo estudo da morfologia do sinal através de ACP. Com quatro CP, estes autores obtiveram representação da variância total acima de 90 %. MAGLAVERAS et al. [9] optaram por uma redução de dimensionalidade baseada na subamostragem do ST para 20 pontos, não realizando nenhuma transformação.

Os resultados encontrados neste trabalho são compatíveis com os desses sistemas automáticos semelhantes apresentados na literatura [8,9] e mesmo com os resultados apresentados por médicos especialistas durante o desenvolvimento do EDB [1] Além disso, procurou-se avaliar, além de resultados globais para o grupo de teste, os resultados globais para os 66 pacientes estudados. Os resultados da classificação dos segmentos do grupo de teste e os obtidos com todos os ST dos 66 pacientes são semelhantes, o que indica uma relativa capacidade de generalização do classificador.

Dentre os três grupos (TRE, VAL e TES) utilizados no treinamento, um destaque deve ser dado ao TRE. Foi a partir deste grupo de segmentos que foram calculadas a matriz de covariância e a base de transformação (*KL5*). Logo, espera-se que esta seja

representativa do universo de padrões. A seleção aleatória dos segmentos incluídos em todos os grupos procurou garantir imparcialidade na escolha e diversidade na representação. No entanto, não se pode afirmar que esta é a melhor opção na formação dos grupos, sendo necessários futuros estudos nesse sentido.

Foram preservadas as mesmas quantidades de segmentos das três classes em todos os grupos, com 800 padrões em cada, embora esta proporção não corresponda à frequência de ocorrência de cada classe. O número total de segmentos ST+ definiu o tamanho da amostra analisada, uma vez que os 800 segmentos correspondem a aproximadamente um terço do total de ST+. A opção por preservar a mesma proporção (1:1:1), baseou-se na busca do equilíbrio na contribuição de cada grupo para a ACP. A suposição é de que, desta forma, a representação do grupo minoritário fica preservada. Esta abordagem é diferente da de MAGLAVERAS et al. [9], que utilizaram uma relação percentual de 50:25:25, para N, ST- e ST+, respectivamente, um pouco mais próxima da distribuição encontrada no EDB, obtendo resultados semelhantes (STse de 85 % e STpp de 68,69 %).

Em estudo anterior [10], utilizou-se uma RNA feedforward com seis entradas (coeficientes das CP), 30 neurônios na camada escondida e três saídas (N, ST- e ST+), treinada com o algoritmo backpropagation, com duas taxas de aprendizado constantes, 0,01 por 58000 épocas e 10 por 10000 épocas, resultando num tempo total de treinamento que superou 24 horas para atingir um EMQ de 0,059 (utilizando-se o MATLAB versão 5.1 em uma estação de trabalho SUN Enterprise). Aplicando o algoritmo de Levenberg-Marquardt, no presente estudo, os tempos de treinamento foram reduzidos a aproximadamente 20 minutos, mesmo para as redes com 30 neurônios na camada escondida, no mesmo ambiente computacional. Assim, a aplicação do algoritmo de LM mostrou-se mais eficiente, fornecendo um classificador com desempenho semelhante em um tempo total de treinamento muito menor.

Esta diminuição do tempo de processamento devese, aparentemente. às características do método de Levenberg-Marquardt. Embora este demande um tempo de processamento mais elevado que o *backpropagation* tradicional, para cada época de treinamento, a sua maior convergência diminuiu sensivelmente o número total de épocas necessárias ao treinamento.

Como era de se esperar, a inicialização dos pesos e bias influenciou o treinamento. Durante alguns dos testes realizados com RNA de mesma arquitetura, algumas redes obtiveram melhores resultados que outras, e em algumas redes simplesmente não treinouse um ou outro neurônio. O fato de cada arquitetura de rede ter sido treinada 10 vezes permitiu a escolha adequada daquela com melhores resultados, sendo descartadas aquelas em que a inicialização dos pesos não favoreceu uma convergência satisfatória durante o treinamento.

O algoritmo LM foi superior aos algoritmos mais comumente empregados na literatura, em relação ao número de épocas necessárias ao treinamento. Silipo *et al.*[8], utilizando a mesma metodologia do presente trabalho (ACP e RNA), necessitaram de 2000 épocas, usando o *backpropagation* com momento, para considerarem o treinamento satisfatório. No presente estudo, menos de 50 épocas, em média, foram necessárias até que o treinamento fosse interrompido.

4.1 Limitações

Uma abordagem mais robusta para o desenvolvimento do sistema de classificação deve levar em consideração a possibilidade de se usar pacientes diferentes durante o treinamento e o teste da rede neural. Em adição, a análise em dois canais, e não somente em um canal, pode ser mais abrangente.

A classificação de um determinado segmento ST não teve nenhum critério que levasse em consideração uma tendência de comportamento ou uma dependência temporal entre eventos. Ou seja, o segmento era classificado de forma isolada, não sendo considerado o segmento anterior ou posterior, ou mesmo uma série de segmentos que pudesse caracterizar um episódio. Sob estes aspectos, os trabalhos de SILIPO et al. [8] e MAGLAVERAS et al.[9] apresentam critérios mais próximos de uma abordagem heurística empregada pelo especialista, que é a de verificar uma tendência de comportamento, uma vez que um episódio isquêmico manifesta-se no ECG como uma següência de batimentos com ST alterados. Por outro lado, os resultados apresentados no presente trabalho são pouco inferiores, porém muito próximos a estas abordagens mais sofisticadas, o que demonstra a potencial aplicabilidade do método de classificação apresentado.

Para os padrões de ST+, existe a limitação referente ao pequeno número de segmentos nos arquivos que apresentaram baixa acurácia, não sendo possível qualquer inferência quanto às possíveis causas de erro de classificação. A opção por analisar alterações exclusivamente de ST+, descartando eventuais alterações concomitantes de onda T, acarretou num menor número de segmentos deste padrão, disponível para análise. Os resultados para esta classe de segmentos devem ser considerados com reserva. Provavelmente, este menor número de padrões foi determinante no melhor desempenho de classificação obtida pela RNA para os segmentos ST+.

Outro aspecto relevante quanto à utilização do grupo ST+ consiste no fato de que praticamente todos os segmentos deste grupo participaram das fases de treinamento, validação ou teste. Portanto, a classificação por paciente pouco ou nada acrescenta à interpretação dos resultados. Neste caso, apenas o resultado obtido com o grupo TES pode ser considerado

não-tendencioso para avaliação do classificador para este tipo de alteração do segmento ST.

Apenas a definição do número ideal de neurônios na camada escondida foi explorada, não sendo testada a combinação entre número de CP e topologias de RNA.

O trabalho foi desenvolvido com um banco de dados que acredita-se ser representativo do universo de alterações isquêmicas no ECG. No entanto, não é possível, pelo presente estudo, extrapolar os resultados para outros bancos de dados. Idealmente, o sistema de classificação de alterações do segmento ST deve ser aplicável a outros registros de ECGA, porém esta possibilidade depende de futura validação do método em outras populações de pacientes.

Finalmente, foram desconsiderados os episódios em que ocorreram alterações de onda T, concomitantes ou não com alterações de segmento ST. Também foram desconsiderados os registros em derivações que não fossem as precordiais. Neste sentido, uma proposta de trabalho futuro consiste em extrapolar o presente estudo para a análise de alterações de onda T e de alterações em outras derivações, tornando-o mais abrangente e de maior valor para o apoio ao diagnóstico em eletrocardiografia ambulatorial.

5. Conclusões

A ACP possibilitou uma significativa redução de dimensionalidade sem perda de informação, sendo que a análise da morfologia do segmento ST dispensou a localização do ponto J e a quantificação da amplitude do desnível do segmento ST em relação à linha de base.

As RNA demonstraram capacidade de gerar funções de separação de classes nos sinais estudados. A topologia *feedforward* com algoritmo *backpropagation*, de duas camadas ativas e 15 neurônios na camada escondida, permitiu uma classificação satisfatória dos segmentos ST a partir dos coeficientes das CP. O algoritmo de Levenberg-Marquardt mostrou-se mais eficiente que o *backpropagation* padrão, pois para obtenção de um erro médio quadrático semelhante necessitou de menos épocas, reduzindo sensivelmente o tempo de processamento.

Os resultados globais, quando a rede neural foi aplicada a todos os pacientes, foram um pouco inferiores aos resultados do grupo de teste, porém satisfatórios. Os resultados foram semelhantes aos de sistemas mais sofisticados encontrados na literatura, que empregaram metodologia semelhante.

Agradecimentos

O presente estudo contou com auxílio financeiro do Ministério de Ciência e Tecnologia (Brasil), através do PRONEX e do CNPq. O primeiro autor contou ainda com bolsa de estudos da CAPES (Ministério da Educação).

Referências

- [1] A. Taddei, G. Distante, M. Emdin, P. Pisani, G. B. Moody, C. Zeelenberg and C. Marchesi. "The European ST-T database: standard for evaluating systems for the analysis of ST-T changes in ambulatory electrocardiography". European Heart Journal, 13: 1164-1172, 1992.
- [2] M. T. Hagan and M. B. Menhaj. "Training feedforward networks with the Marquardt algorithm". *IEEE Transactions on Neural Networks*, 5 (6): 989-993, 1994.
- [3] J. Karjalainen, M. Viitasalo, M. Mänttäri and V. Manninen. "Relation between QT intervals and heart rates from 40 to 120 beats/min in rest electrocardiograms of men and a simple method to adjust QT interval values". *Journal of the American College of Cardiology*, 23: 1547-1553, 1994.
- [4] D. F. Morrison. Multivariate Statistical Methods, Second Edition [International Student Edition]. McGraw Hill International, Auckland, 1976.
- [5] P. M. Okin and P. Kligfield. "Heart rate adjustments of ST segment depression and perfomance of the exercise electrocardiogram: A critical evaluation". *The Journal of* the American College of Cardiology, 25: 1726-1735, 1995.
- [5] P. M. Cruz. Emprego do Índice de Variação de ST-Freqüência Cardíaca na Predição do Número de Vasos Coronarianos Lesados. Tese de Mestrado, Faculdade de Ciências Médicas, Universidade do Estado do Rio de Janeiro – UERJ, Rio de Janeiro, RJ, Brasil, 1985.
- [6] A. Taddei, M. Varanini, A. Macerata, M. Baratto, A. Biagini, M. G. Bongiorni, C. Contini, M. G. Mazzei, G. F. Mazzoca and C. Marchesi. "Performance evaluation of algorithms for the QRS morphology classification and for the detection of the ST changes in ambulatory monitoring". In: Computers in Cardiology 1984, IEEE Computer Society, pages 277-280, 1984.
- [7] R. Silipo, P. Laguna, C. Marchesi and R. G. Mark. "ST-T segment recognition using artificial neural networks and principal component analysis". In: *Computers in Cardiology* 1995, IEEE Computer Society, pages 213-216, 1995.
- [8] N. Maglaveras, T. Stamkopoulos, C. Pappas and M. G. Strintzis. "An adaptive backpropagation neural network for real-time ischemia episodes detection: development and performance analysis using the European ST-T Database". *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 45 (7): 805-813, 1998.
- [9] P. P. S. Soares, F. C. Jandre, D. Frenkel, R. L. S. Nogueira e J. Nadal. "Classificação de Alterações do Segmento ST do Eletrocardiograma Através de Análise de Componentes Principais e Redes Neurais Artificiais". Anais do IV Fórum Nacional de Ciência e Tecnologia em Saúde, XVI Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica, Curitiba, páginas 455-456, 1998.