

# Um Detector de Complexos QRS Evolutivo para o Eletrocardiograma

Bruno Melo<sup>1</sup>, Roberta Lopes<sup>1</sup>, Luis Coradine<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidade Federal de Alagoas, Instituto de Computação, Programa de Pós-Graduação em Modelagem Computacional de Conhecimento,  
Maceió - AL, Brasil  
bruno.rafael@gmail.com, rvvl@hotmail.com, lccoral@gmail.com

**Resumo** — Este trabalho descreve a implementação e utilização de um algoritmo genético que possui como finalidade a detecção dos complexos QRS de um Eletrocardiograma. Os dados obtidos com a execução do algoritmo são importantes para a determinação da morfologia dos complexos QRS, além de ser possível utilizar estas informações para a obtenção de dados como a frequência cardíaca e a presença de arritmias. O desempenho do algoritmo foi avaliado através de testes realizados com amostras da base de dados MIT-BIH Arrhythmia Database e o resultado desta que atestam a viabilidade do emprego do algoritmo.

**Palavras-chave**— Eletrocardiograma, Algoritmo Genético, Detecção de ondas, Computação Evolucionária, Bioinformática.

## I. INTRODUÇÃO

As alterações no ritmo dos batimentos cardíacos, ou arritmias, são distúrbios que podem causar sérios riscos à vida do paciente. Sistemas detectores de arritmias são importantes ferramentas de auxílio aos médicos, pois oferecem, entre muitas funções, a oportunidade de diagnosticar de forma rápida a causa de sintomas graves, o que possibilita a aplicação de um tratamento mais eficiente e rapidamente, aumentando as chances de sobrevivência do paciente.

Um dos pontos principais para o problema de detecção de arritmias cardíacas está na identificação das principais ondas de um eletrocardiograma, onda P, complexo QRS e onda T. Entre os principais problemas para a detecção das ondas de um eletrocardiograma estão as oscilações encontradas no sinal, a ausência de uniformidade na morfologia das ondas e ruídos oriundos da obtenção do sinal [1]. A eficácia do detector automático de ondas irá influenciar diretamente no comportamento de um sistema de detecção de arritmias cardíacas, podendo tornar o sistema inviável caso seu desempenho seja ruim.

A análise do eletrocardiograma para a detecção de arritmias requer que algumas informações-chaves sejam obtidas sobre o sinal. Entre estas informações temos a amplitude, duração e ângulos das formas de onda [2]. A partir da análise das características das formas de onda e dos intervalos entre elas faz-se a análise deste sinal, com o intuito de auxiliar o diagnóstico de alterações estruturais e funcionais do coração.

A detecção do complexo QRS é a tarefa mais importante para a estratificação dos dados do sinal de ECG [3]. Diversos algoritmos foram propostos para resolver este problema e a maioria deles utilizam filtros e transformadas de wavelet [3] [4] [5] [6] [7], além de pré-processamentos através de análise de componentes principais [8]. Neste trabalho tratamos a busca pelas ondas de uma forma diferente, sem a utilização de filtros para o tratamento do sinal e utilizando um algoritmo genético baseado em tipos abstratos de dados [9] para fazer a varredura do sinal e determinar onde iniciam e terminam as ondas.

## II. SISTEMAS DE MONITORAMENTO E O ELETROCARDIOGRAMA

Sistemas de monitoramento médicos são tipos de sistemas utilizados para um monitoramento contínuo de informações obtidas de pacientes [10]. Eles são capazes de fazer uma análise mais detalhada dos dados e auxiliam na escolha de ações a serem tomadas para combater problemas que foram identificados. De um modo geral estes sistemas são de baixo custo, rápidos e eficientes, trazendo grandes benefícios para o tratamento de pacientes.

O ECG é um método não invasivo de análise da atividade cardíaca, seguro, reproduzível, de fácil obtenção, baixo custo e que fornece importantes apontamentos para análises e diagnósticos de anomalias cardíacas [2].

O ECG apresenta uma sucessão de ondas que correspondem aos ciclos cardíacos, sendo que o ciclo normal é uma sucessão de onda P, complexo QRS e onda T, como mostra a figura 1. As formas de onda mais importantes são a onda P e o complexo QRS, referentes respectivamente à despolarização (e conseqüente contração) do miocárdio atrial e ventricular. A onda T é causada pela repolarização ventricular.

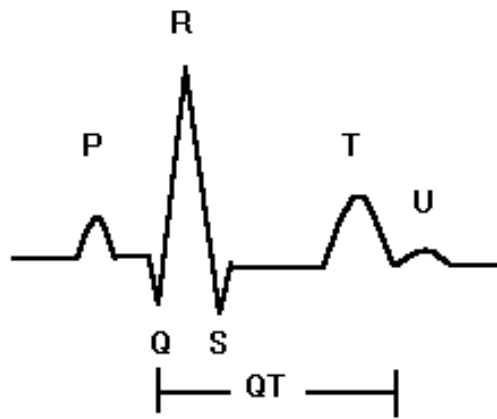


Figura 1. Ondas de um ECG

É importante constatar que o coração, durante sua atividade, age como um gerador de correntes elétricas e que estas correntes, espalhando-se no meio condutor que é o coração, geram potenciais elétricos cuja evolução no tempo e no espaço podem ser aproximadamente previstas. Assim funciona o eletrocardiograma que nada mais é do que o registro das variações do potencial elétrico do meio extracelular decorrentes da atividade cardíaca.

Sistemas de monitoramento de ECG são responsáveis pela identificação das ondas do sinal e pelo diagnóstico das arritmias. Muitos também fornecem sugestões de tratamentos e medicamentos de acordo com os problemas identificados no monitoramento e pelo estado do paciente.

Para que o sistema funcione corretamente é fundamental que o detector de ondas seja eficaz, pois caso o resultados da identificação das ondas apresente falsos positivos e falsos negativos e/ou a determinação errônea dos pontos chave das ondas, a identificação e análise das arritmias, e conseqüentemente, o diagnóstico do paciente serão afetados de modo negativo. Este trabalho aborda a implementação e especificação de um detector de ondas que possui um algoritmo genético para a identificação das ondas. Também serão apresentados resultados obtidos com a utilização deste detector com amostras de sinais de eletrocardiograma do MIT-BIH Arrhythmia Database.

### III. ESPECIFICAÇÃO DO ELETROCARDIograma NO ALGORITMO GENÉTICO

A base  $B$  é o alfabeto que contém as estruturas primitivas para a construção dos genes, os quais fazem os cromossomos do GAADT funcionar.  $B$  é definida como a união entre os conjuntos de pares ordenados  $X = (x, y)$  tal que  $X \in \mathbb{N} \times \mathbb{R}$ , o nome da onda que pertence ao conjunto  $Nome = \{P, QRS, T\}$  e a base inócua " $b_\lambda$ ". Os pares ordenados da amostra do eletrocardiograma são extraídos com um intervalo de distância  $t = 0.0083$  s.

**Def.3.1** Base é o conjunto  $B = X \cup Nome \cup b_\lambda$ .

O gene é uma seqüência de bases que representam as subidas e descidas de uma onda de ECG e que atendem a uma "lei de formação" que indica como as bases devem ser agrupadas para formar uma dada característica. No GAADT, a "lei de formação" das características será representada pelo Axioma de Formação de Genes (AFG). Os genes são agrupados quando a diferença entre dois pontos apresenta uma diferença no eixo  $y$  superior a um limiar, o que representará intervalos de subidas ou descidas. O valor do limiar utilizado foi definido como 45mV.

**Def.3.2** Gene é uma  $n$ -úpla  $g = \langle (x_0, y_0), (x_m, y_m), (x_f, y_f), nome \rangle$ , que satisfaz aos seguintes axiomas:

$$afg_1 \equiv \forall g \in G(\{(x_0, y_0), (x_m, y_m), (x_f, y_f)\} \subset B);$$

$$afg_2 \equiv \forall g \in G (nome \in Nome);$$

$$AFG = \quad afg_3 \equiv \forall g \in G(x_0 < x_f);$$

$$afg_4 \equiv \forall i \in [x_0, x_0 + t, x_0 + 2t, \dots, x_m] (y_i \leq (y_{i+1} \pm \text{limiar}));$$

$$afg_5 \equiv \forall i \in [x_m, x_m + t, x_m + 2t, \dots, x_f] (y_i \geq (y_{i+1} \pm \text{limiar}));$$

Os genes são agrupados para formar os cromossomos, os quais também são unidos para formar a população do GAADT. Cada conjunto de genes é descrito como  $\{g_1, g_2, \dots, g_n\}$  e especifica apenas um cromossomo da população. A identidade dos cromossomos é utilizada para prevenir múltiplas cópias de um cromossomo na mesma população e também evitar que um cromossomo que já tenha sido extinto reapareça. Os conjuntos de genes que representam os cromossomos para o problema são aqueles que satisfazem as restrições do Axioma de Formação dos Cromossomos.

**Def.3.2** Cromossomo é um conjunto  $c = \{g_1, g_2, \dots, g_m\}$  que pertence a  $C$  e atende ao seguinte axioma:

$$\mathbf{AFC} = \left\{ \begin{array}{l} \text{afg}_1 \equiv \forall c_1, c_2 \in C (x_0^1 \neq x_0^2); \\ \text{afg}_3 \equiv \exists_1 g_i \in C \forall g \in C - \{g_i\} (x_0^i < x_0); \\ \text{afg}_4 \equiv \exists_1 g_f \in C \forall g \in C - \{g_f\} (x_f^f < x_f); \\ \text{afg}_5 \equiv \forall g_1 \in C - \{g_i, g_f\} \exists g_2 \in C (x_f^2 \leq x_0^1); \end{array} \right\}$$

Onde  $c_i = \{g_1^{c_i}, g_2^{c_i}, \dots, g_m^{c_i}\}$  com  $g_j^{c_i} = \langle (x_0^{g_j, c_i}, y_0^{g_j, c_i}), (x_m^{g_j, c_i}, y_m^{g_j, c_i}), (x_f^{g_j, c_i}, y_f^{g_j, c_i}), \text{nome}^{g_j, c_i} \rangle$  para  $j \in \{1, 2\}$  e  $i \in \{1, 2, \dots, m\}$ .

**Def.3.3.** O grau de adaptação do gene  $g$  é uma função *adapt* que retorna o valor 0 caso o comprimento da onda ( $x_f - x_0$ ) e a amplitude da onda ( $\max(y) - \min(y)$ ) não correspondam ao tipo da onda contida no nome do gene, 1 um caso contrário.

**Def.3.4.** O grau de adaptação do cromossomo  $c = \{g_0, g_1, \dots, g_n\}$  é uma função *adapt* que retorna o somatório dos graus de adaptação dos genes.

**Def.3.5.** A operação de *cruzamento* recebe dois cromossomos diferentes, mas que possuem genes que representam intervalos iguais, e gera como descendente o cromossomo com a maior adaptação entre todas as combinações possíveis entre os genes de ambos os cromossomos-pais. Esta operação possui a seguinte definição formal:

Sendo

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

onde *domi()* é uma função que faz uma comparação entre dois genes e retorna aquele que possui um maior grau de adaptação. Então temos que

$$\text{cruzamento}(c_1, c_2) = \{c | c \subseteq fec(c_1, c_2)\}$$

**Def.3.6.** A operação de *mutação* faz uma varredura nos genes de um cromossomo e, atendendo a probabilidade de mutação, efetua a troca do nome de um gene para outro de forma aleatória. No final da operação é feita uma verificação para saber se o cromossomo resultante possui um grau de adaptação superior ao cromossomo-pai, e em caso positivo, insere-o na população.

#### IV. O DETECTOR

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

O algoritmo proposto inicia realizando a divisão do ECG em pequenos intervalos com largura pré-fixada. Cada intervalo é então submetido à uma análise que verifica se os limites do intervalo sofrem variação significativa na voltagem, onde, em caso positivo, o trecho pode estar indicando que uma onda está iniciando ou finalizando.

Com posse de todos os intervalos relevantes, começamos a formar as ondas fazendo a junção dos trechos que possuem a distância menor ou igual ao comprimento de dois intervalos. No decorrer destas junções, fazemos a eliminação de todos os intervalos que ficam órfãos ou que apresentam a variação em um único sentido, ou seja, apenas aumentando ou apenas diminuindo a voltagem. Após este processo verificamos que as ondas resultantes constituem-se basicamente de complexos QRS, mas para garantir que apenas teremos complexos QRS fazemos uma análise verificando a amplitude das ondas, que para o caso é a diferença entre o valor máximo e o mínimo, e mantemos apenas aquelas que possuem um valor que condiz ao de uma onda de um complexo QRS.

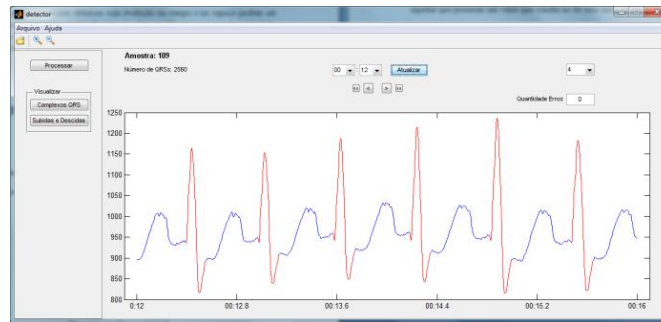


Figura 2. Complexos QRSs que foram detectados

## V. RESULTADOS

Os resultados dos processamentos das amostras foram analisados para verificar a taxa de erro do detector. As amostras que apresentam sinais com um maior grau de instabilidade foram as que apresentaram maiores taxas de erro.

Os dados analisados nas primeiras amostras sugeriram correções no detector devido a altas taxas de falsos positivo em alguns sinais. Entre os ajustes feitos estão a implantação de um limpador de serrilhamentos e a limpeza de intervalos de subidas ou descidas isolados. A limpeza dos trechos serrilhados foi feita com a divisão de grandes trechos de intervalos em grupos com intervalos menores e cada um deste grupo foi submetido a uma busca por trechos serrilhados no seu início e término.

A última análise dos resultados do detector apresentou taxas de erros melhores (ver Tabela 1), porém algumas amostras ainda apresentaram taxas de erros que podem ser consideradas elevadas.

Tabela 1. Análises de erros na detecção de complexos QRS

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

## VI. CONCLUSÃO

O algoritmo desenvolvido mostrou um desempenho aceitável, com taxas de erro consideradas baixas para a maioria das amostras utilizadas. As amostras que apresentaram as maiores taxas de erro podem ser submetidas a um filtro passa baixa que limpe os ruídos e normalize o sinal para facilitar a detecção das ondas pelo algoritmo aqui proposto. A utilização de filtros antes da execução do algoritmo detector de ondas deverá ser tratada em trabalhos futuros.

## Referências

- [1] Y. Sun, K. Chan, S. Krishnan, "Characteristic Wave Detection In ECG Signal Using Morphological Transform," in BMC cardiovascular disorders, 2005.
- [2] E. Volpato, "Processamento Digital De Eletrocardiograma: Estudo e Implementação De Um Detector De Arritmias Cardíacas," Universidade Federal de Santa Maria, 2005.
- [3] A. Kozakevicius, C. Rodrigues, R. Nunes, R. Guerra Filho, "Adaptive ECG Filtering And Qrs Detection Using Orthogonal Wavelet Transform," Biomedical Engineering, 2005.
- [4] C. Li, C. Zheng, C. Tai, "Detection Of ECG Characteristic Points Using Wavelet Transforms," IEEE Transactions on Biomedical Engineering, vol. 42 issue 1, pages 21-28, 1995.
- [5] J. Madeiro, P. Cortez, F. Oliveira, R. Siqueira, "Algoritmo Para Detecção Do Complexo QRS e Reconhecimento De Contração Ventricular Prematura Em Eletrocardiograma," in: IX congresso brasileiro de informática em saúde, 2004.

- [6] Neto, J. E., Seisdedos, C. R. V., Miranda Jr, M. O. & Oliveira, R. C. L.: Análise Do Desempenho Dos Principais Métodos De Detecção Do Final Da Onda T Em Presença De Ruído. In: 21º Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica, pages 1707-1710, (2008)
- [7] M. Rudnicki, P. Strumiłło, "A Real-Time Adaptive Wavelet Transform-Based QRS Complex Detector," Adaptive and Natural Computing Algorithms, 2007.
- [8] A.Maciel, P. Coutinho, L. Coradine, R. Lopes, "Data Mining Techniques Based on the Self-Organizing Map and Principal Component Analysis for Classification of Cardiac Arrhythmia," in Huntsville Simulation Conference - HSC 2008, Huntsville, Alabama, EUA. Anais of Huntsville Simulation Conference - HSC 2008, 2008, v. 1.
- [9] R. Lopes, "Um Algoritmo Genético Baseado Em Tipos Abstratos De Dados e Sua Especificação Em Z," Centro de Informática, Universidade Federal de Pernambuco, Thesis, 2003.
- [10] C. Souza, R. Andreão, M. Segatto, "Processamento De Sinais De ECG Para Geração Automática De Alarmes," in Workshop de Informática Médica – WIM, 2006.