UMA SOLUÇÃO LEVE PARA FILTRAGEM DE ECG E LOCALIZAÇÃO DE COMPLEXOS QRS

Gabriel de Souza Pereira Gomes^{*}, Luís H. C. Ferreira^{*}

* Universidade Federal de Itajubá Instituto de Engenharia de Sistemas e Tecnologia da Informação 37500-903 Itajubá, Minas Gerais, Brasil.

Emails: gabrielgomes@unifei.edu.br, luis@unifei.edu.br

Abstract— This paper proposes a lightweight wavelet solution based on threshold analysis for ECG signal filtering and QRS complexes detection in an electrocardiograph monitoring system. The developed algorithm requires less computational hardware resources (e.g. no floating point unity), and even so maintains high level of accuracy (99,3%) and high reliability when compared with similar solutions. The method was firstly evaluated against the standard MIT BIH (Massachussets Institute of Technology, Beth Israel Hospital) Arrhythmia database and after that implemented on Black Heart Board (Arduino Leonardo[©] Microcontroller with electrode interface), developed by the Microelectronics Group of the Federal University of Itajubá. Our approach has been validated and compared with three other algorithms.

Keywords— ECG, QRS localization, Algorithm, Wavelets, Embedded

Resumo— Este artigo propõe uma solução leve fundamentada em wavelet e análise de limiar para filtragem de sinais ECG e detecção de complexos QRS em um sistema de monitoramento de sinais eletrocardiográficos. O algoritmo desenvolvido requer menos recursos computacionais (por exemplo, não requer unidade de ponto flutuante) e mesmo assim mantém um alto nível de exatidão (99,3%) e alta robustez quando comparado com soluções similares. O método foi avaliado primeiramente utilizando a base de dados padrão de arritmia do MIT BIH (Instituto de Tecnologia de Massachussets Hospital Beth Israel) e após isso implementado na placa *Black Heart* (placa baseada em um microcontrolador arduino leonardo[©], contando também com uma interface de eletrodo), desenvolvida pelo grupo de microeletrônica da Universidade Federal de Itajubá. Nosso método foi validado e comparado a três outros algoritmos.

Palavras-chave— ECG, localização QRS, Wavelets, Algoritmo, Embarcado

1 Introdução

O eletrocardiograma (ECG) é a representação gráfica dos campos elétricos resultantes das atividades dos músculos cardíacos e contém muita informação sobre o estado do coração (Maglaveras et al., 1998). Um típico ciclo de um eletrocardiograma pode ser visto na Figura 1. Ele é composto, em geral, por cinco ondas (P, Q, R, S, T). As três centrais são chamadas de complexo QRS. O complexo QRS é o resultado da ativação ventrícular e mede o tempo de despolarização ventricular (Makrevis, 1989).

Localizar complexos QRS é uma tarefa importante em análises de ECG. Por exemplo, dois complexos QRS consecutivos podem ser usados para calcular a taxa de batimento do coração. Ainda mais, a forma e a frequência das ondas que constituem o complexo QRS estão diretamente relacionadas a alguns tipos de doenças cardíacas (Carneiro, 1989).

Considerando o problema de localizar tais ondas QRS, muitos algoritmos foram desenvolvidos ao longo dos anos usando diferentes métodos de procedimento e cálculo, como o famoso método de Pan-Tompkins (Pan and Tompkins, 1985), o método DOM (Método do Operador de Diferenças) (Yeh and Wang, 2008), e alguns mais recentes utilizando wavelets (Haddadi et al., 2014)(Jaswal et al., 2012)(Pachauri and Bhuyan, 2009). O mé-



Figura 1: Complexo QRS (*The Basics of ECG*, n.d.)

todo de Pan-Tompkins tem uma boa exatidão (99,3%) mas com o problema de muitas etapas de filtragem e análises. Além disso, apresenta consigo uma diretiva de projeto complicada. O método DOM requer uma quantidade de recursos de hardware grande, e por isso é mais caro do ponto de vista de custo de projeto e não tão efetivo quanto Pan-Tompkins.

Os métodos utilizando wavelet podem ser im-

plementados apenas usando um microprocessador e devido a isso são menos caros que o método DOM, e não requerem, em geral, tantas diretivas de projeto quanto Pan-Tompkins. Ainda mais, tais métodos possibilitam a análise dos sinais em diferentes bandas de frequência, que é uma grande alternativa quando o objetivo é identificar anormalidades do sinal adquirido. Nos ultimos anos, os métodos utilizando wavelet se tornaram uma boa alternativa para filtragem de ECG e localização de complexos QRS devido a sua boa localização de altas frequências no tempo (Li et al., 1995). Os ponto mais fracos desses métodos são o alto custo de processamento, necessidade de unidade de ponto flutuante para operar de maneira simples os cálculos matemáticos e uma exatidão geralmente baixa, que são fatores críticos quando consideramos implementação em sistemas embarcados e análises que necessitam de alta exatidão.

Baseado em todos esses problemas, o objetivo deste artigo é propor um método wavelet simples, com poucas diretivas de projeto, para identificar complexos QRS em dados ECG obtidos com hardware embarcado, baixo custo de processamento e alta exatidão. A solução proposta nesse trabalho usa a wavelet de Haar (Haar, 1910), a mais simples de todas, como a wavelet mãe, para isolar os picos R e para operar a filtragem do sinal.

As seções que seguem provêm detalhes do método introduzido. Na seção 2, uma breve visão geral sobre a teoria de wavelets é apresentada. Na Seção 3, os detalhes sobre a escolha da wavelet e o desenvolvimento de um algoritmo genérico são descritos. Na seção 4 uma versão embarcada do algoritmo genérico é proposta. A seção 5 apresenta os resultados experimentais obtidos. A ultima seção conclui o nosso estudo e discute as possibilidades de trabalhos futuros.

2 Uma visão geral sobre wavelets

A análise wavelet é baseada na decomposição de um sinal em bases ortonormais, assim como a Análise de Fourier, mas com a diferença de que o núcleo da transformação não é apenas senos e cossenos, mas funções wavelet e escala (Daubechies, 1992), como pode ser visto na Figura 2. Além disso, a abordagem por wavelet tem componentes tanto no tempo (chamado agora de translação) como na frequência (chamada agora de escala) em contraste com a transformada de Fourier tradicional que só tem componentes na frequência. Existem duas condições para uma onda h ser uma wavelet (Percival and Walden, 2006):

$$\int_{-\infty}^{\infty} h(u)du = 0 \tag{1}$$

Que significa média zero, uma vez que a soma dos valores superiores e inferiores ao eixo horizontal resultam em zero.

$$\int_{-\infty}^{\infty} h(u)^2 du < \infty \tag{2}$$

Que significa energia finita. Duas funções wavelet e escala podem ser vistas na Figura 2. A transformada wavelet contínua é definida pela seguinte equação:

$$W_{\Psi}(s,\tau) = \int_{-\infty}^{\infty} x(t) \Psi_{s,\tau}^{*}(t) dt \qquad (3)$$

Onde:

$$\Psi_{s,\tau}(t) = \frac{1}{\sqrt{s}} \Psi\left(\frac{t-\tau}{s}\right) \tag{4}$$

são chamadas de escala e translação, $W_{\Psi}(s,\tau)$ são os coeficientes da transformada e $\Psi(t)$ é a wavelet mãe. As wavelets "filhas" são versões escaladas e transladadas da wavelet mãe. Como pode ser visto na em (4), os parâmetros s e τ são contínuos e devido a isso requerem muita capacidade de processamento e memória para serem calculados. Baseado nesse problema, existe uma forma de realizar a divisão em bandas de frequência por potências de dois através da utilização de wavelets. Esse método é chamado Transformada Wavelet Discreta (TWD), apresentada na Equação (5).

$$\Psi_{s,\tau}(t) = \frac{1}{\sqrt{2^j}} \Psi\left(\frac{t-k2^j}{2^j}\right) \tag{5}$$

Mallat (Mallat, 1989) desenvolveu um algoritmo simples para implementar a TWD. Em sua implementação, a transformação wavelet é realizada atraves de um algoritmo pirâmidal utilizando filtros wavelet e escala. Assim, a partir de um nível anterior é possível calcular o nível posterior de decomposição. Então é possível implementar a TWD dividindo os sinais em bandas de frequência utilizando um conjunto de filtros, que é basicamente constituído de um par de filtros ortogonais



Figura 2: Db4 e Haar Wavelet e Escala

entre si, sendo um passa-baixas e um passa-altas (Mallat, 1989), que dividem o espectro de frequência em duas regiões $0 \le f_{max}/2 \le Alta$, onde f_{max} é a máxima frequência de análise que está diretamente ligada a metade da frequência de amostragem, e *Alta* é a metade superior do espectro de frequência do sinal. Os dois filtros são chamados de escala (passa-baixas) e wavelet (passa-altas) e cada um é a versão espelhada do outro conforme a equação abaixo:

$$g(n) = (-1)^{1-n}h(1-n)$$
(6)

A implementação de uma decomposição wavelet utilizando o algoritmo piramidal até o segundo nível pode ser vista na Figura 3, onde G é o filtro passa-baixas, H é o filtro passa-altas, $\downarrow 2$ é o símbolo que representa a subamostragem por 2, cD é a matriz de coeficientes de detalhe, cA é o vetor de coeficientes de aproximação.

O processo ilustrado pela Figura 3 é bem direto. Primeiramente, é preciso passar o sinal (convoluir) através dos filtros e então subamostra-los por dois. O processo de subamostragem consiste em manter os índices pares do vetor de convolução (Oppenheim, 1999). O processo de subamostragem é necessário porque ele é equivalente a um alargamento no tempo por 2, o que nos permite realizar todos os níveis de decomposição utilizando a mesma forma de filtro. O resultado da filtragem com o filtro passa-altas (wavelet) é chamado de coeficientes de detalhes, porque contém informação de alta frequência. O resultado da filtragem passa-baixas (escala) é chamado de coeficientes de aproximação, porque eles possuem a metade inferior do espectro de frequência do sinal, além disso os mesmos coeficientes serão utilizados como entrada para os próximos níveis de decomposição. O processo é repetido até que o nível de interesse ou o máximo nível permitido de decomposição seja atingido, tal nível máximo está relacionado ao comprimento do sinal e ao comprimento do filtro, conforme pode ser visto na equação abaixo (Mallat, 1989):

$$N = floor(log_2(S + L - 1)) \tag{7}$$

Onde N representa o máximo nível de decomposição, S representa o comprimento do sinal, L representa o comprimento do filtro e *floor* representa o arredondamento em direção a menos infinito. Se nós quisermos ir diretamente a um nível específico



Figura 3: Decomposição wavelet até o nível 2

de decomposição sem ter que passar pelos outros níveis, é possível seguir o algoritmo mostrado na Figura 4 (Percival and Walden, 2006). Onde j é o nível de decomposição de interesse, $H_j \in G_j$ são versões sobreamostradas dos filtros $H \in G$ convoluídas com os filtros escala dos níveis anteriores. Sobreamostrar um filtro consiste de inserir zeros entre suas amostras. Os filtros são sobreamostrados conforme a regra abaixo:

$$N_z = 2^{j-1} - 1 \tag{8}$$

Onde N_z é o número de zeros que deve ser colocado entre as amostras de cada filtro. O ato de superamostrar um filtro é equivalente a uma compressão temporal do filtro, que é equivalente a um alargamento na frequência. O operador $\downarrow 2^{j-1}$, onde j = (1, 2, 3...) é o nível de decomposição, também é equivalente a subamostrar por 2^{j-1} , que consiste em manter os índices pares ou ímpares do vetor de convolução multiplos de 2^{j-1} (Percival and Walden, 2006).

A capacidade de dar à altas frequências boa localização temporal e à baixas frequências boa localização na frequência é a grande capacidade da análise wavelet. Em geral, quando temos um evento transiente, que geralmente consiste de uma frequência mais alta em relação as demais frequências do sinal, não queremos saber a frequência do mesmo em sí mas sim sua localização no tempo.

3 Escolha da wavelet e o desenvolvimento do algoritmo genérico

A escolha da wavelet foi realizada considerando os requisitos explicados na primeira seção, que foram a não necessidade de uma unidade de ponto flutuante para realização dos cálculos de maneira simples, um baixo consumo de processamento e uma alta exatidão. Alguns pesquisas na teoria de wavelets aplicadas a ECG mostraram que a wavelet mãe db4 possui uma grande similaridade ao sinal de ECG (Haddadi et al., 2014), sendo então uma boa wavelet para análise de decomposição. Todavia, o objetivo desse artigo não é analisar o nível de decomposição em sí, mas realizar a localização de complexos QRS e operar a filtragem do sinal. Considerando esses objetivos principais, dois filtros wavelet foram colocados em comparação. Esses filtros são filtros de decomposição no nível de interesse. Como pode ser visto na Figura 2, a função de Haar é muito mais simples



Figura 4: Decomposição wavelet até o nível de interesse

que a db4. Os filtros escala e *wavelet* de Haar possuem apenas dois coeficientes em contraste com os 8 apresentados por db4. Ainda mais, os filtros de Haar sobreamostrados no segundo nível possuem a propriedade mostrada abaixo:

$$cD_2 = \frac{((x*g)\downarrow *h)\downarrow}{2} \tag{9}$$

Onde $* \acute{e}$ o operador de convolução, \downarrow significa subamostragem por 2, que garante que para o segundo nível de decomposição, o denominador será sempre 2, implicando em uma divisão de baixo custo que pode ser realizada utilizando deslocamentos de *bits*. O resultado de filtragem de um sinal ECG utilizando ambas wavelets pode ser visto na Figura 5. Como pode ser visto, o filtro de Haar realizou uma melhor indicação das ondas R. Na Figura 6 é apresentado o resultado da filtragem escala. É possível ver que o filtro escala de Haar realizou um nível de filtragem muito próximo ao de db4, porém ele preservou melhor a forma do sinal, enquano db4 causou algumas deformações no mesmo. Baseado em todos esses resultados, baixo custo computacional e melhor resposta de filtragem tanto escala quanto wavelet, a wavelet de Haar foi escolhida como wavelet mãe para aplicação em todo o algoritmo. A Equação (9) pode ser simplificada de acordo com a Figura 4. Partindo dos filtros de Haar mostrados abaixo, é possível realizar apenas uma filtragem utilizando uma versão direta dos filtros para o segundo nível:

$$h_{haar} = \frac{\left[-1 \quad 1\right]}{\sqrt{2}} \tag{10}$$

$$g_{haar} = \frac{\begin{bmatrix} 1 & 1 \end{bmatrix}}{\sqrt{2}} \tag{11}$$

Esses filtos tem a forma:

$$h_{2haar} = \frac{\begin{bmatrix} -1 & -1 & 1 & 1 \end{bmatrix}}{2} \tag{12}$$

$$g_{2haar} = \frac{\begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 \end{bmatrix}}{2} \tag{13}$$



Figura 5: Coeficientes de detalhe utilizando os filtros de Haar e db4 (Amplitude normalizada *versus* segundos). a)Sinal. b)Coeficientes de detalhe Haar. c)Coeficientes de detalhe db4



Figura 6: Coeficientes escala utilizando os filtros de db4 e Haar (Amplitude normalizada *versus* segundos). a)Sinal. b)Coeficientes escala Haar. c)Coeficientes escala db4.

Como pode ser visto, os filtros $h \in g$ apresentados acima são versões espelhadas umas das outras, de acordo com (6). A escolha do segundo nível de filtragem foi feita considerando a Figura 7.



Figura 7: Coeficientes de detalhe para decomposição com Haar (amplitude normalizada *versus* amostras). a)Sinal. b)Coeficientes de detalhe 1. c)Coeficiente de detalhes 2. d)Coeficiente de detalhes 3

É possível ver que após o segundo nível de filtragem, à medida que o filtro cresce no número de coeficientes, não há grandes melhorias na relação do pico/ruído "R". Com base nessa análise, a filtragem será realizada até o 2° nível.

3.1 O algoritmo genérico

O algoritmo genérico desenvolvido é uma forma clássica de análise de limiar, mas utilizando um método adaptativo. O objetivo do desenvolvimento de um algoritmo genérico é validar o método wavelet apresentado contra o banco de dados MIT BIH, para utilização em conjuntos de dados estacionários e com grande volume (gravações de horas de atividade cardíaca) e para ser utilizado como base do algoritmo embarcado.

As etapas do algoritmo são:



Figura 8: Algoritmo genérico para localização de complexos QRS

- Execute a filtragem wavelet usando filtros de Haar do 2º nível de decomposição.
- 2. Obtenha os coeficientes de aproximação do segundo nível sem a subamostragem como o sinal filtrado, obtenha também os coeficientes de detalhe do segundo nível, também sem subamostrar os mesmos.
- 3. Encontre o maior valor dentro do vetor de detalhes da wavelet.
- 4. Multiplique o valor maior pelo limite (0,25 foi utilizado neste documento para o algoritmo genérico) e, em seguida, localize o índice dos valores que são iguais ou maiores do que isso. Depois de encontrar um valor, salte $60f_s/400$ índices e repita este processo até que todo o vetor tenha sido analisado.
- 5. Se o número de complexos QRS localizados no vetor for menor que o mínimo permitido e a bandeira não sofreu overflow, abaixe o limiar e execute o algoritmo a partir do 4º passo até que esta condição tenha sido atendida. Se o número for maior e a bandeira não sofreu overflow, aumente o valor limiar e execute o algoritmo novamente a partir do 4º passo até que essa condição tenha sido atendida.
- 6. Para o cálculo da frequência cardíaca HR (*heart rate*), subtrair as duas posições consecutivas dos complexos QRS localizados e dividi-lo pela taxa de amostragem e multiplicar por 60.

O ato de saltar uma série de valores dentro do vetor de detalhes é permitido pelo fato de que **a freqüência cardíaca geralmente varia de 40 bpm a 200 bpm** (*Target Heart Rates*, n.d.). Com base nessas informações, é possível definir o número máximo e mínimo de complexos QRS dentro de um segundo de sinal, que são 4 e 0, respectivamente. Analisando esses limites, é possível fazer uma relação entre eles e o número de amostras, que é 0 para o limite inferior e:

$$\frac{60f_s}{200} \tag{14}$$

para o limite superior, onde f_s é a frequência de amostragem do sinal. Considerando este limite superior, é razoável pensar em saltar esse número de amostras depois de encontrar um complexo QRS, porque nenhum complexo QRS pode existir nesse intervalo (Haddadi et al., 2014). Essa consideração é verdadeira em outras abordagens, não em wavelets. Isso ocorre porque, se não houver um complexo QRS em um dado de sinal de um segundo, o algoritmo provavelmente encontrará 4 complexos QRS por segundo de sinal, porque a filtragem wavelet não evidenciará os picos R em relação aos outros e, portanto, a análise do limite "verá" muitos picos falsos. Com base nesta consideração, saltar a metade do limite superior nas amostras é uma boa opção porque, se nenhum complexo QRS existir em um conjunto de dados, o algoritmo encontrará mais de 4 complexos QRS e então teremos um parâmetro para descartar esses dados e dizer que nenhum complexo QRS realmente existe nele ou para aumentar o valor limiar. O limiar inicial é definido pela quantidade de ruído nos coeficientes. Em geral, o valor de 0,25 é bem conservador para sistemas eletrocardiográficos mais robustos, como é o caso de boa parte dos sistemas comerciais. Porém, para sistemas mais simples e mais susceptíveis a ruídos, esse valor deve ser aumentado, uma vez que os ruídos irão aparecer nos coeficientes mais notoriamente, ou seja, com mais amplitude.

Outro ponto interessante neste algoritmo é o limiar adaptativo simples baseado no limite superior e inferior. O modo de operação é realmente simples, se nenhum complexo QRS for encontrado em um conjunto de dados, diminua o valor de limitar até encontrar uma condição válida para o número dos complexos QRS. Se depois de quatro tentativas de encontrar números válidos de QRS, nenhum número válido for obtido, o algoritmo assume que nenhum complexo QRS existe nesse conjunto de dados e então prossegue para a próxima janela. O indicador de seguir para a próxima janela quando nenhum complexo QRS existe na janela atual é o estouro da bandeira ou *flag overflow*.



Figura 9: Algoritmo Embarcado

4 Algoritmo embarcado e implementação na placa Black Heart

A maior diferença do algoritmo embarcado em comparação com o algoritmo genérico é o fato de que o algoritmo embarcado está mais focado na implementação em microprocessadores simples e na aplicação em tempo real. Além disso, como a janela para uma aplicação em tempo real é menor quando comparada com uma análise de dados estacionária, o limiar adaptativo não é mais necessário. O fluxograma do algoritmo embarcado pode ser visto na Figura 9.

As etapas de execução do algoritmo podem ser vistas abaixo:

- 1. Execute a filtragem do sinal usando filtros de decomposição Haar do 2º Nível, e faça a divisão por dois usando deslocamento de bits.
- Use os coeficientes de aproximação sem a subamostragem como o sinal filtrado de referência.
- 3. Encontre o valor máximo dentro do vetor de detalhes resultante da etapa 1.
- 4. Encontre os valores acima do valor máximo vezes o limiar (0,5 em decorrência do ruído da medição foi usado neste documento para o algoritmo embarcado) e anote seus índices vetoriais.
- 5. Se o número de complexos localizados for maior do que o máximo permitido, verifique se k é maior do que o tempo máximo permitido sem um complexo QRS em uma base de tempo selecionada, caso não, adicione um a ke execute o algoritmo desde o início.

 Se o número de complexos localizados for inferior ao máximo permitido, calcule a frequência cardíaca.

No passo 1, a convolução pode ser realizada usando um período de aquisição de um segundo. Para evitar cálculos desnecessários e efeitos de borda, o processo de convolução começa a partir do comprimento do filtro e para antes do comprimento do vetor de convolução menos o comprimento do filtro. A variável k apresentada no passo 5 é usada para correção do índice QRS após cada ciclo. Se a base do tempo for de um segundo, o tempo máximo permitido sem um complexo QRS é de 1/0,3333 de acordo com a Seção III, que é igual a "3" unidades. Se a base for meio segundo, o tempo máximo normalizado permitido será de 6 unidades. Para a implementação no Black Heart Board, o sinal foi amostrado em 192 Hz. A filtragem foi realizada após cada segundo de aquisição.

O resultado da implementação na Black Heart Board pode ser visto nas Figuras 10, 11, 12. O algoritmo genérico proposto para a primeira avaliação do método foi avaliado com o MIT BIH como fonte de dados de ECG. O banco de dados MIT BIH contém dados de ECG de *Holters* que foram obtidos pelo Laboratório de Arritmia Hospitalar Beth Israel entre 1975 e 1979. A arritmia é uma das situações de ECG mais difíceis para a descoberta dos complexos QRS. O algoritmo embarcado proposto para avaliação final do método foi avaliado com 4 sujeitos (3 homens e 1 mulher) como fonte de dados de ECG. Os resultados são apresentados nesta seção. A métrica de análise usada para validação foi a exatidão, que é definida como:

$$Exatidao = 100 - FD \tag{15}$$

Onde FD é a porcentagem de detecção falha, que representa as localizações falsas de complexos QRS. Na tabela I é apresentada uma comparação



Figura 10: Sinal sem filtragem extraído da placa Black Heart $^{\textcircled{0}}$



Figura 11: Sinal filtrado (coeficientes de escala) extraído da placa Black Heart $^{\textcircled{C}}$

entre este trabalho, (Pan and Tompkins, 1985) e (Haddadi et al., 2014) considerando suas falhas percentuais de detecção (FD) para alguns registros do banco de dados MIT BIH. "TB" representa o total de complexos QRS, e "ET" representa este trabalho.

Tabela 1: Resultados utilizando a base de dados do MIT BIH como entrada

Registro	TB	FD(E.T)%	FD%(Pan and Tompkins, 1985)	FD%(Haddadi et al., 2014)
100	2273	0	0	-
105	2572	1,56	3,46	-
106	2027	0,99	0,05	2,97
108	1763	0,85	12,54	-
115	1953	0	0	-
117	1535	0,78	0,13	0
119	1987	0	0,05	0,26
124	1619	0,49	0	-
203	2980	0,81	2,78	3,66
208	2955	0,89	0,60	-
210	2650	1,23	0,38	2,61
Total	24314	0,7	1,70	1,9

Nota-se que o método apresentado tem uma melhor taxa de detecção do que (Pan and Tompkins, 1985)(Haddadi et al., 2014) considerando os registros analisados. Outro ponto interessante é o valor de exatidão de 99,3%, que supera as referências (Haddadi et al., 2014) (98,1%), (Jaswal et al., 2012) (95,74%), (Pachauri and Bhuyan, 2009) (96,65%), porém continua inferior a (Yeh and Wang, 2008) (99,75%) e (Li et al., 1995) (99,85%). Além disso, os valores obtidos a partir desta análise provaram a alta confiabilidade e exatidão do método, principalmente levando em conta sua simplicidade. Para o teste do algoritmo embarcado, foram analisados 30 batimentos car-



Figura 12: a) Coeficientes de detalhe extraído do indivíduo 1. b) Batimentos por minuto calculados

diácos de 4 indivíduos. A implementação na Black Heart Board, que é uma placa baseada em Arduino Leonardo, mostrou a alta exatidão (100%) e a leveza do método. A frequência de amostragem de 192 Hz força a filtragem a ser operada em um intervalo de tempo menor que 5,2 ms. Considerando o bom funcionamento do método no sistema embarcado, é possível afirmar que toda a decomposição e a identificação gastaram menos tempo do que 5,2 ms, comprovando o baixo custo de processamento do método. Esse baixo tempo era esperado, devido ao fato da decomposição ser realizada utilizando apenas coeficientes inteiros. O programa implementado usou 22% de memória dinâmica do microprocessador de um total de 2,5 kB disponíveis, e apenas 18% de memória de programa de um total de 28 kB disponíveis, provando seu baixo custo de memória.

5 Conclusão

Um algoritmo genérico e um embarcado utilizando a filtragem wavelet foram desenvolvidos. O método/algoritmo demonstrou uma alta exatidão (99,3% e 100%), leveza (considerando a implementação em um Arduino Leonardo e sua despesa de memória) e baixo custo de processamento, considerando a alta velocidade de processamento (menos de 5,2 ms) em um microprocessador sem unidade de ponto flutuante. Além disso, a filtragem do sinal foi realizada ao mesmo tempo que a identificação dos complexos QRS, provando que a solução atingiu seus objetivos. Como trabalho futuro, será realizada uma melhora no algoritmo, a fim de melhorar ainda mais sua precisão. Será também realizado um estudo de variabilidade da frequência de batimentos cardíacos baseada na distância de picos R(Malik, 1996). Outro objetivo é realizar a análise wavelet para identificação de pessoas, com base no reconhecimento de padrões cardíacos.

Agradecimentos

Este trabalho foi subsidiado em parte pela CNPQ sob concessão 303041/2015-3

Referências

- Carneiro, E. F. (1989). *O eletrocardiograma: 10 anos depois*, Liv. Ed. Eneas Ferreira Carneiro.
- Daubechies, I. (1992). Ten lectures on wavelets, Vol. 61, Siam.
- Haar, A. (1910). Zur theorie der orthogonalen funktionensysteme, Mathematische Annalen 69(3): 331–371.
- Haddadi, R., Abdelmounim, E., El Hanine, M. and Belaguid, A. (2014). Discrete wavelet

transform based algorithm for recognition of qrs complexes., World of Computer Science & Information Technology Journal 4(9).

- Jaswal, G., Parmar, R. and Kaul, A. (2012). Qrs detection using wavelet transform, *Interna*tional Journal of Engineering and Advanced Technology (IJEAT) 1(6).
- Li, C., Zheng, C. and Tai, C. (1995). Detection of ecg characteristic points using wavelet transforms, *IEEE Transactions on biomedical En*gineering 42(1): 21–28.
- Maglaveras, N., Stamkopoulos, T., Diamantaras, K., Pappas, C. and Strintzis, M. (1998). Ecg pattern recognition and classification using non-linear transformations and neural networks: a review, *International journal of medical informatics* 52(1-3): 191–208.
- Makrevis, C. S. (1989). The only ekg book you'll ever need, *RN* **52**(1): 81–82.
- Malik, M. (1996). Heart rate variability: standards of measurement, physiological interpretation, and clinical use: task force of the european society of cardiology and the north american society for pacing and electrophysiology, Annals of Noninvasive Electrocardiology 1(2): 151–181.
- Mallat, S. G. (1989). A theory for multiresolution signal decomposition: the wavelet representation, *IEEE transactions on pattern analy*sis and machine intelligence **11**(7): 674–693.
- Oppenheim, A. V. (1999). Discrete-time signal processing, Pearson Education India.
- Pachauri, A. and Bhuyan, M. (2009). Robust detection of r-wave using wavelet technique.
- Pan, J. and Tompkins, W. J. (1985). A real-time qrs detection algorithm, *IEEE Trans. Bio*med. Eng **32**(3): 230–236.
- Percival, D. B. and Walden, A. T. (2006). Wavelet methods for time series analysis, Vol. 4, Cambridge university press.
- Target Heart Rates (n.d.). http://www.heart.org/HEARTORG/HealthyLi ving/PhysicalActivity/Target-Heart-Rates-UCM-434341-Article.jsp. Accessed: 2018-01-01.
- The Basics of ECG (n.d.). https://www.aclsmedicaltraining.com/basicsof-ecg/. Accessed: 2018-01-27.
- Yeh, Y.-C. and Wang, W.-J. (2008). Qrs complexes detection for ecg signal: The difference operation method, *Computer methods* and programs in biomedicine **91**(3): 245–254.