



TESE DE DOUTORAMENTO

AGRUPAMIENTO DINÁMICO DE COMPLEJOS QRS EN TIEMPO REAL

Daniel Alfonso Castro Pereiro

**ESCOLA DE DOUTORAMENTO INTERNACIONAL DA UNIVERSIDADE DE
SANTIAGO DE COMPOSTELA**

**PROGRAMA DE DOUTORAMENTO EN INVESTIGACIÓN EN TECNOLOXÍAS DA
INFORMACIÓN**

SANTIAGO DE COMPOSTELA



2021



DECLARACIÓN DO AUTOR DA TESE AGRUPAMIENTO DINÁMICO DE COMPLEJOS QRS EN TIEMPO REAL

Don Daniel Alfonso Castro Pereiro

Presento a miña tese, seguindo o procedemento axeitado ao Regulamento, e declaro que:

- 1. A tese abarca os resultados da elaboración do meu traballo.*
- 2. De ser o caso, na tese faise referencia ás colaboracións que tivo este traballo.*
- 3. Confirmo que a tese non incorre en ningún tipo de plaxio doutros autores nin de traballos presentados por min para a obtención doutros títulos.*
- 4. A tese é a versión definitiva presentada para a súa defensa e coincide a versión impresa coa presentada en formato electrónico.*

E comprométome a presentar o Compromiso Documental de Supervisión no caso de que o orixinal non estea na Escola.

En Santiago de Compostela, 10 de novembro de 2021

Asdo. Daniel Alfonso Castro Pereiro





AUTORIZACIÓN DO DIRECTOR/TITOR DA TESE AGRUPAMIENTO DINÁMICO DE COMPLEJOS QRS EN TIEMPO REAL

Don Paulo Félix Lamas, Profesor Titular de Universidade da Área de Ciencia da
Computación e Intelixencia Artificial da Universidade de Santiago de Compostela

INFORMA:

*Que a presente tese correspóndese co traballo realizado por **Don Daniel Alfonso Castro Pereiro**, baixo a miña dirección/titorización, e autorizo a súa presentación, considerando que reúne os requisitos esixidos no Regulamento de Estudos de Doutoramento da USC, e que como director desta non incorre nas causas de abstención establecidas na Lei 40/2015.*

En Santiago de Compostela, 10 de novembro de 2021

Asdo. Paulo Félix Lamas





AUTORIZACIÓN DO DIRECTOR DA TESE AGRUPAMIENTO DINÁMICO DE COMPLEJOS QRS EN TIEMPO REAL

Don Jesús María Rodríguez Presedo, Profesor Titular de Universidade da Área de Ciencia da Computación e Intelixencia Artificial da Universidade de Santiago de Compostela

INFORMA:

*Que a presente tese correspóndese co traballo realizado por **Don Daniel Alfonso Castro Pereiro**, baixo a miña dirección, e autorizo a súa presentación, considerando que reúne os requisitos esixidos no Regulamento de Estudos de Doutoramento da USC, e que como director desta non incorre nas causas de abstención establecidas na Lei 40/2015.*

En Santiago de Compostela, 10 de novembro de 2021

Asdo. Jesús María Rodríguez Presedo



A mi familia

*Ten siempre a Itaca en tu mente.
Llegar allí es tu destino.
Mas no apresures nunca el viaje.
Mejor que dure muchos años
y atracar, viejo ya, en la isla,
enriquecido de cuanto ganaste en el camino
sin aguardar a que Itaca te enriquezca.*

Konstantinos P. Kavafis

Agradecimientos

En primer lugar, me gustaría comenzar expresando mis más sincero agradecimiento a mis directores de tesis Paulo Félix Lamas y Jesús Rodríguez Presedo por su continuo apoyo y dedicación durante esta larga travesía. Con su paciencia y consejos, siempre constructivos, me han guiado todo este tiempo y han hecho posible que esta tesis haya llegado a buen puerto.

También quiero agradecer al CiTIUS, mi segunda casa, por poner a mi disposición todos sus recursos humanos y materiales, que permitieron desarrollar mi investigación en un ambiente de trabajo inmejorable.

Por supuesto, también merecen mi agradecimiento todas aquellas instituciones y entidades que, directa o indirectamente, han apoyado la realización de esta tesis a través de la financiación de los proyectos y actividades en las que he participado a lo largo de estos años: Ministerio de Ciencia e Innovación (TIN2009-14372-C03-03), Consellería de Educación y Ordenación Universitaria (CN2011/058, CN2012/151) y Ministerio de Industria y Competitividad (2013-AD009).

Ha sido un largo camino que he compartido con innumerables compañeros y amigos. A todos ellos quisiera agradecerles su compañía y disposición para ayudarme en todo lo que necesité. A todos los veteranos del café, Diego, Félix, María, Fernando, Andrés, Juan Carlos, Martín, Roi, y a los más recientes, Manu, Elena, Patri, Raluca, Iñaki y Pili. Ni una pandemia ha sido capaz de que rompáis esa sagrada tradición de compartir un café a media mañana para desahogarse y arreglar el mundo, o al menos intentarlo.

Un agradecimiento muy especial para mis compañeros de laboratorio, Lebo, Carlos, Juan Carlos y Patri por soportar mis desvarios, quejas e indignación habituales y obsequiarme con las mejores conversaciones sobre lo divino y lo humano.

En el ámbito más personal, quiero dar las gracias a toda mi familia, por estar siempre ahí, pendientes y preocupados, a la par que confiados en que este día llegaría. Y especialmente a mi

XIV

madre, aunque ya no esté, siempre ha seguido en mis pensamientos y se que habría disfrutado este momento más que nadie.

Por último y más importante, dar las gracias a los dos grandes amores de mi vida, Luisa y Mario, por creer en mí más que yo mismo. Siempre estáis ahí para darme fuerzas para continuar, aguantando mi mal humor y frustración en los malos momentos, enseñándome a relativizar la importancia de los problemas y a seguir avanzando siempre.

10 de noviembre de 2021

Índice general

Resumen	1
Introducción	3
Motivación	3
Objetivos	5
Descripción de la memoria	6
1 Agrupamiento automático de latidos	9
1.1. Electrofisiología cardíaca	9
1.1.1. Origen del latido	11
1.1.2. Potencial de acción	13
1.1.3. Propagación del impulso eléctrico	15
1.1.4. Automatismo	16
1.2. Electrocardiograma	18
1.2.1. Manifestación eléctrica del latido	18
1.2.2. Sistemas de derivaciones electrocardiográficas	19
1.2.3. Fuentes de ruido	23
1.2.4. Variabilidad morfológica del latido	32
1.2.5. Escenarios de adquisición del ECG	33
1.3. Arritmias cardíacas	36
1.3.1. Clasificación de arritmias	37
1.3.2. Efectos sobre el ECG	40
1.4. Agrupamiento de latidos	45
1.4.1. Caracterización del latido	46

1.5.	Trabajos previos	49
1.5.1.	Aproximación estática	49
1.5.2.	Aproximación dinámica	55
1.6.	Una nueva propuesta para el agrupamiento en tiempo real	57
2	Método para el agrupamiento automático de complejos QRS en tiempo real	61
2.1.	Arquitectura del método	62
2.2.	Preprocesado	65
2.2.1.	Eliminación de la deriva de línea base	66
2.2.2.	Detección de latidos	76
2.3.	Caracterización del complejo QRS	78
2.3.1.	Detección de puntos relevantes	80
2.3.2.	Plantilla de latido	90
2.3.3.	Plantilla de grupo	90
2.4.	Alineamiento de complejos QRS	91
2.4.1.	Alineamiento Temporal Dinámico	94
2.4.2.	Mapeado de características	111
2.5.	Selección de grupo morfológico	113
2.5.1.	Cálculo de similitud	113
2.5.2.	Selección del grupo más similar	133
2.6.	Actualización de grupos	135
2.6.1.	Creación de un nuevo grupo	136
2.6.2.	Modificación de un grupo	137
2.6.3.	Fusión de grupos	137
2.7.	Control de proliferación de grupos	140
2.7.1.	Detección de ruido basada en latido	141
2.7.2.	Detección de ruido basada en contexto	141
3	Validación de resultados	145
3.1.	Bases de datos de ECG ambulatorio	145
3.1.1.	MIT-BIH Arrhythmia Database	145
3.1.2.	Base de datos AHA ECG	146
3.2.	Análisis del ritmo cardíaco	146
3.2.1.	Estimación del ritmo de normalidad	147

<i>Índice general</i>	xvii
3.2.2. Clasificación del ritmo de latido	152
3.3. Validación	154
3.3.1. Consideraciones sobre el tiempo real	156
3.3.2. Medidas de rendimiento	159
3.4. Discusión de los resultados	159
Conclusiones	165
A Optimización del cálculo de curvatura y región de soporte	171
Bibliografía	177
Índice de figuras	191
Índice de tablas	195

Resumen

La presente tesis se enmarca dentro del ámbito del procesamiento automático de la señal electrocardiográfica (ECG) y, en ella, se presenta un método adaptativo multicanal para el agrupamiento dinámico de latidos basado en contexto capaz de operar en tiempo real.

La señal de ECG proporciona información de gran valor sobre el estado del corazón y constituye una herramienta indispensable para el diagnóstico de arritmias cardíacas, una de las alteraciones más frecuentes en su funcionamiento y que, en ciertos casos, suponen un riesgo para la vida de quien las padece. El análisis de registros de ECG de larga duración es una tarea que supone un gran coste temporal y que puede beneficiarse del uso de herramientas de apoyo que faciliten la localización de alteraciones en el patrón de funcionamiento normal del corazón.

El objetivo principal que se persigue en esta tesis es proporcionar un método que permite separar los latidos contenidos en un registro de ECG en grupos que presentan un patrón similar de activación/propagación en el tejido cardíaco. Para ello, se aplica un enfoque basado en el paradigma del agrupamiento dinámico aplicado a secuencias temporales, que sigue un modelo de aprendizaje no supervisado. El método que se propone emula el comportamiento de los expertos en cuanto que explota el contexto temporal para asignar cada nuevo latido al grupo más apropiado. Para este fin, los grupos se adaptan continuamente a la evolución temporal de las morfologías de latido, y se pueden crear, fusionar o modificar de forma dinámica, dando lugar a un número variable de grupos. Como resultado, se proporciona un resumen de aquellas morfologías de latido presentes en un determinado periodo de tiempo, así como su evolución temporal.

El agrupamiento dinámico de latidos plantea dos importantes desafíos que ha sido necesario abordar: la variabilidad intrínseca a cualquier patrón de activación/propagación de latido, que tiene su reflejo en las variaciones de la morfología que este presenta en la señal de ECG,

y la contaminación de la señal por ruido, que provoca alteraciones en la señal que dificultan el reconocimiento de los patrones subyacentes. Ambos factores han condicionado el diseño del método, que incorpora en todas sus etapas técnicas y procedimientos orientados a mitigar los efectos del ruido sobre el resultado del agrupamiento y a reducir el riesgo de una excesiva proliferación grupos.

Se ha realizado una validación del método de agrupamiento empleando las bases de datos electrocardiográficas de referencia en el ámbito: *MIT-BIH Arrhythmia Database* y *AHA ECG Database*. Los resultados obtenidos muestran una pureza de los grupos que alcanza el 98.58 % y 99.55 %, respectivamente. Debido a la inexistencia en la bibliografía de soluciones equivalentes a la propuesta en esta tesis, se ha establecido una comparación con las principales propuestas orientadas al agrupamiento en diferido. En dicha comparación se observa que el rendimiento del método no solo es equiparable, sino que en la práctica totalidad de los casos es superior a las propuestas existentes.

Introducción

Motivación

En la actualidad, el electrocardiograma de superficie (ECG) está reconocido como una herramienta de valor incalculable para el seguimiento del estado del corazón, dado que su análisis proporciona información decisiva que puede revelar desviaciones críticas del comportamiento cardíaco normal. Recientes desarrollos en sensores y computación móviles han habilitado nuevos escenarios para la monitorización continua del ECG como una herramienta de bajo coste para la detección temprana de algunos eventos cardíacos[92], especialmente en aquellos casos donde los síntomas aparecen de forma intermitente.

A medida que el periodo de monitorización se incrementa, la tarea de interpretación se vuelve más costosa y se requieren herramientas de soporte que ayuden a los cardiólogos a reducir el tiempo empleado en ella. En caso de realizar un seguimiento continuado, estas herramientas se vuelven imprescindibles y su principal objetivo es proporcionar al cardiólogo un resumen de todas las señales adquiridas que facilite una localización rápida de las anomalías detectadas.

Entre los diferentes hallazgos que pueden detectarse en el ECG, el más relevante son las arritmias cardíacas. Podemos identificar dos fuentes principales de arritmias: un trastorno en el automatismo, es decir, un conjunto de alteraciones en el punto de activación del latido debido a cambios en su localización o frecuencia de activación; o un trastorno de conducción, es decir, una propagación anormal del frente de onda del latido a través del tejido cardíaco. Ambos tienen un efecto sobre el ECG, afectando a la morfología y/o al ritmo del latido. Para ayudar a su identificación debería proporcionarse un método que permita la separación de los latidos en función de su punto de activación y su patrón de propagación.

En la bibliografía existen múltiples propuestas con planteamientos que buscan abordar este objetivo desde dos perspectivas alternativas: la primera se encuadra dentro del ámbito de la clasificación automática de latidos, que tiene por objetivo asignar a cada latido de un ECG una de las etiquetas de un conjunto preestablecido por los estándares médicos, que identifica su naturaleza fisiológica. La segunda se encuadra dentro del ámbito del agrupamiento de latidos, que pretende dividir un registro de ECG en un conjunto de grupos de latidos, donde a cada grupo se le asignan aquellos que poseen cierta similitud en sus propiedades, con la intención de identificar aquellos que comparten una misma zona de activación y un mismo patrón de propagación a través del tejido cardíaco. Esta información facilita la detección de arritmias, ya sea de forma automática o de forma manual mediante su análisis por parte de personal especializado.

En el ámbito de la clasificación de latidos las propuestas existentes son muy numerosas. En ellas se han aplicado técnicas de aprendizaje automático supervisado, con especial atención, en los últimos años, al uso de técnicas de aprendizaje profundo (*deep-learning*). El principal inconveniente de estas propuestas está asociado al propio paradigma de aprendizaje supervisado: la fuerte dependencia con la diversidad de su conjunto de entrenamiento. Ofrecen unos resultados excelentes cuando son validadas sobre el mismo conjunto de registros a los que pertenecen los datos empleados para su entrenamiento (clasificador adaptado), pero cuando se emplean sobre nuevos conjuntos de señales (clasificador global), su rendimiento se reduce de forma significativa. La causa de esta disminución radica en la gran variabilidad que presenta la morfología del latido entre diferentes sujetos (variabilidad inter-paciente), a la que afectan diversos factores como edad, sexo, raza, constitución física (altura, peso), estado de forma física o posición cardíaca [58]. Además, las etiquetas de clase empleadas sólo proporcionan información genérica sobre la región de origen de los latidos en el tejido cardíaco, perdiendo toda la información sobre su ruta de conducción (salvo en casos en casos concretos que mantienen cierta información parcial, como la presencia de un bloqueo en la ruta de conducción normal). Por lo tanto, esta aproximación no diferencia las múltiples familias morfológicas asociadas a una determinada clase, como ocurre en las arritmias multifocales (aquellas que presentan múltiples focos de activación alternativos).

Las propuestas en el ámbito del agrupamiento de latidos se presentan como una alternativa que no sufre los inconvenientes de la clasificación. En ellas se emplean técnicas de aprendizaje no supervisado que obtienen del propio registro de ECG los patrones que vinculan los latidos de cada grupo, en lugar de hacerlo a partir de un conjunto de entrenamiento. De este modo

su rendimiento no se ve afectado por la variabilidad inter-paciente. Además, el tipo y número de grupos no está impuesto de forma predeterminada, por lo que es posible que el método se adapte a las características de cada registro.

Las morfologías asociadas a los patrones de propagación cardíaca presentes en la señal de ECG de una persona se caracterizan por presentar una gran variabilidad (variabilidad intra-paciente), y suelen sufrir una evolución temporal que puede ser incluso cíclica, como en el caso de los cambios asociados al ciclo respiratorio o al ciclo circadiano. Además, aunque el número de patrones diferentes que suelen presentarse durante un determinado intervalo de tiempo suele ser limitado, pueden variar de forma impredecible en el caso de existir algún tipo de arritmia (especialmente en el caso de las arritmias intermitentes), pudiendo ser crucial en esa situación que el resultado del agrupamiento esté disponible en tiempo real ya que permitiría no demorar la detección de eventos críticos, facilitando que se proporcione la atención necesaria a tiempo.

En la bibliografía pueden encontrarse múltiples propuestas que abordan este problema haciendo uso de diferentes técnicas de agrupamiento, pero todas ellas se enfocan en un procesamiento en diferido del ECG, empleando casi en su totalidad un número de grupos pre-establecido y omitiendo tanto la imprevisibilidad de la aparición de nuevas morfologías como el carácter evolutivo de las mismas. Por todo ello, consideramos que no existe una solución satisfactoria al problema del agrupamiento de latidos en tiempo real y que dicha solución debería permitir la generación de un conjunto dinámico de grupos con carácter adaptativo que tenga en cuenta el contexto temporal de cada latido para realizar su agrupamiento.

Objetivos

El objetivo principal de esta tesis es el desarrollo de un método que facilite la separación de los latidos presentes en un registro electrocardiográfico en función de su ritmo y patrón de activación/propagación en el tejido cardíaco. A partir de este objetivo general, se plantean los siguientes objetivos específicos:

- Desarrollar una nueva propuesta de representación de latidos que mejore las capacidades de las existentes para capturar las características morfológicas propias de las señales de ECG, teniendo en cuenta las condiciones de los diferentes contextos de adquisición de la señal, especialmente aquellos de larga duración.

- Diseñar un nuevo método que permita agrupar en tiempo real la secuencia de latidos presentes en una señal de ECG, generando un conjunto de grupos cuyo número deberá adaptarse de forma dinámica a las morfologías que aparezcan a lo largo del tiempo. Dicho método deberá emplear una representación adaptativa de cada grupo de latidos con el objetivo de capturar la evolución temporal de su morfología de tal forma que el contexto temporal tenga un mayor peso en el proceso de agrupamiento.
- Desarrollar una implementación de referencia del método que permita verificar la viabilidad de su ejecución tanto en equipos de sobremesa como en dispositivos móviles. Sobre dicha implementación se deberá comprobar el cumplimiento de las restricciones de tiempos necesarias para garantizar su ejecución en tiempo real.
- Validar los resultados del método a través de la implementación de referencia desarrollada, aplicando los procedimientos y empleando las fuentes de datos recomendadas en los estándares internacionales, garantizando de este modo la reproducibilidad y comparabilidad de los mismos.

Descripción de la memoria

En esta memoria se presenta una descripción detallada del trabajo realizado durante el desarrollo de la tesis, así como los resultados obtenidos. A continuación detallamos la estructura de su contenido:

- En el capítulo 1, se realiza una introducción al ámbito del agrupamiento automático de latidos, para lo cuál se comienza con una breve introducción a los conceptos básicos de electrofisiología cardíaca en los que se basa el funcionamiento del corazón. A continuación, se describe el origen de la señal electrocardiográfica y su relación con la actividad cardíaca, detallando su proceso de adquisición y los factores que influyen en la calidad de la señal obtenida. Tras ello, se introduce el concepto de arritmia cardíaca y su efecto sobre el ECG. El capítulo continúa con una descripción de los fundamentos del agrupamiento de latidos y su papel como herramienta de apoyo a la detección de arritmias. Para concluir, se realiza un análisis detallado de las propuestas existentes en el ámbito que finaliza con la descripción de los términos en que se plantea la propuesta desarrollada en esta tesis.

- En el capítulo 2, se describe de forma detallada el método de agrupamiento que constituye la principal aportación de esta tesis. Comienza con la presentación de la arquitectura del método, incluyendo una descripción de cada una de las etapas que lo componen. El resto del capítulo se centra en describir el procedimiento seguido en cada una de estas etapas hasta alcanzar el conjunto de grupos resultante. En primer lugar, se aborda el problema del preprocesado de la señal de ECG, realizando un análisis de las ventajas e inconvenientes que presentan las soluciones existentes para el acondicionamiento de la señal, centrándose especialmente en su adecuación al ámbito de aplicación que se plantea en esta tesis, para seleccionar una de ellas. En segundo lugar, se describe una nueva propuesta de caracterización del latido a partir de su complejo QRS basada en la detección de puntos dominantes y diseñada para representar la información morfológica relevante incluso en señales con presencia de ruido moderado. A continuación, se presenta un nuevo método de agrupamiento morfológico de secuencias de latidos que emplea una representación de grupos basada en plantillas y que aplica un procedimiento de alineamiento basado en la técnica de alineamiento temporal dinámico (*Dynamic Time Warping*) para compensar la variabilidad morfológica de los latidos que comparten un mismo patrón de activación/propagación. El capítulo concluye con la descripción del mecanismo diseñado para abordar el problema del aumento incontrolado del número de grupos al que se enfrenta cualquier algoritmo de agrupamiento dinámico. En este caso se presenta un mecanismo de control de proliferación de grupos basado en la detección de ruido tanto a nivel de latido como de su contexto.
- En el capítulo 3 se detalla el procedimiento seguido para realizar una validación de los resultados generados por la implementación de referencia del método propuesto. Comienza con una breve descripción de las bases de datos de referencia *MIT-BIH Arrhythmia Database* y *AHA ECG Database* empleadas para la ejecución de las pruebas de validación. A continuación, se describe un método de clasificación del ritmo de los latidos basado en un modelo de estimación del ritmo de normalidad, cuyo objetivo es facilitar la diferenciación de ciertos tipos de latidos para los que resulta imprescindible la información aportada por el ritmo cardíaco y por otras regiones del latido diferentes al complejo QRS, que no se tienen en cuenta durante el agrupamiento morfológico descrito en el capítulo anterior. Tras ello, se procede a establecer el marco de validación empleado, que incluye un procedimiento de fusión de grupos para permitir la comparación bajo condiciones equivalentes con otras propuestas que aplican restricciones al número de

grupos generado. Por último, se presentan los resultados obtenidos por el método para ambas bases de datos, incluyendo las medidas de rendimiento de la implementación de referencia, se realiza un análisis de los mismos y se establece una comparación con las propuestas más relevantes de la bibliografía.

- En el último apartado se presenta un resumen de los principales resultados obtenidos en esta tesis así como las conclusiones que se han alcanzado. Para finalizar se presentan algunas propuestas de trabajo futuro.

CAPÍTULO 1

AGRUPAMIENTO AUTOMÁTICO DE LATIDOS

Este capítulo tiene por objetivo realizar una introducción al ámbito del análisis automático de señales electrocardiográficas y su aplicación a la detección de anomalías en el funcionamiento normal del corazón. Para ello resulta necesario conocer cuál es el origen y significado de la señal electrocardiográfica, que a su vez requiere una introducción a la estructura y funcionamiento del corazón. Por ello, comenzaremos presentando las bases fisiológicas del funcionamiento cardíaco desde un punto de vista mecánico y eléctrico para, a continuación, pasar a describir las diferentes manifestaciones del ciclo cardíaco en la señal electrocardiográfica, analizando su relación con los procesos fisiológicos subyacentes. Una vez establecidos los fundamentos del electrocardiograma (ECG), presentaremos el concepto de arritmia cardíaca, que representa la alteración más frecuente en el funcionamiento normal del corazón, y analizaremos su manifestación en la señal electrocardiográfica. A continuación expondremos los enfoques vigentes para el análisis automático del ECG orientado a la detección de arritmias y, seguidamente, nos centraremos en el agrupamiento de latidos, enfoque en el que se encuadra el trabajo desarrollado en la presente tesis. Analizaremos las principales propuestas existentes en la bibliografía y, para concluir, presentaremos un nuevo método de agrupamiento automático de latidos en tiempo real.

1.1. Electrofisiología cardíaca

En este apartado realizaremos una descripción estructural y funcional del corazón centrándonos en los fenómenos eléctricos que se producen durante su funcionamiento. Está basado en [34] y [58], a los que remitimos a quien desee profundizar en su contenido.

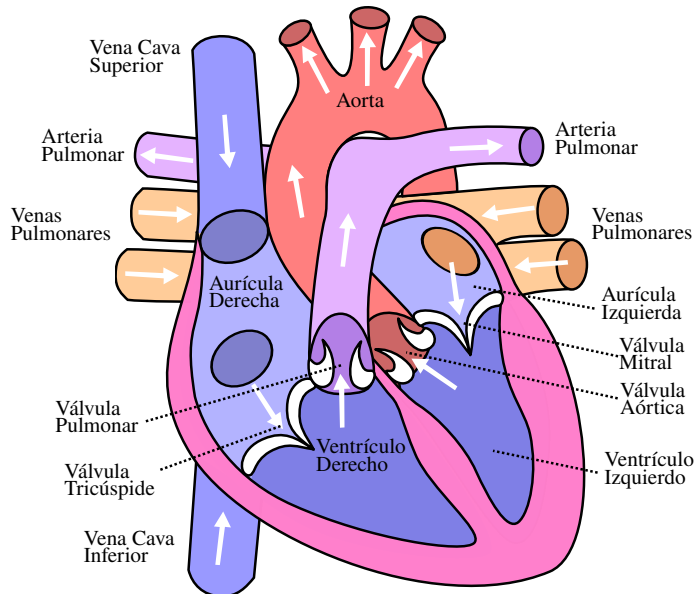


Figura 1.1: Representación esquemática de las principales estructuras cardíacas. Fuente: Derivada de Wnauta (Commons), Wikimedia Commons, CC-BY-SA-3.0.

Desde el punto de vista anatómico, el corazón es un órgano muscular compuesto por cuatro cámaras (dos aurículas y dos ventrículos) cuya función es bombear sangre a través de los vasos sanguíneos que conforman el sistema circulatorio (ver figura 1.1). Desde el punto de vista funcional, el corazón está organizado en dos mitades, que pueden denominarse corazón derecho e izquierdo. Su objetivo es bombear sangre, el derecho, hacia los pulmones a través de la arteria pulmonar y, el izquierdo, hacia los órganos periféricos a través de la aorta. Cada mitad constituye una bomba pulsátil formada por una aurícula y un ventrículo que opera en dos fases: en la primera, la aurícula impulsa la sangre al ventrículo; y en la segunda, el ventrículo la impulsa hacia el sistema circulatorio. En el caso del ventrículo derecho, hacia el sistema de circulación pulmonar, y en el caso del izquierdo, hacia el periférico. Existen cuatro válvulas encargadas de forzar el sentido del flujo sanguíneo que se encuentran, como se muestra en la figura 1.1, entre las aurículas y los ventrículos y entre los ventrículos y las arterias.

La función de bombeo en un corazón sano se logra mediante contracciones periódicas del tejido muscular, que deben seguir un determinado patrón temporal para lograr un flujo sanguíneo eficiente. En primer lugar debe contraerse el tejido auricular para impulsar la sangre

de las aurículas a los ventrículos y, posteriormente, el tejido ventricular, logrando de este modo impulsar la sangre a través del sistema circulatorio.

1.1.1. Origen del latido

El mecanismo que permite la contracción del tejido muscular cardíaco, al igual que en cualquier otro tipo de tejido muscular, está basado en las variaciones del equilibrio iónico existente entre ambos lados de la membrana de sus células. Cuando una célula se encuentra en situación de reposo, existe una diferencia de concentración de iones entre ambos lados de su membrana (siendo Na^+ , K^+ , Ca^{+} y Cl^{-} los más relevantes) que genera una diferencia de potencial eléctrico denominado *potencial de reposo*. Ciertos tipos de células, denominadas excitables, como las de músculo liso y cardíaco, disponen de un conjunto de mecanismos que permiten regular el flujo de iones que atraviesa su membrana y, en consecuencia, variar su potencial. Dichos mecanismos se basan en la modificación de proteínas insertas en la membrana para permitir el flujo iónico selectivo a través de ésta, bien creando canales para la libre circulación de ciertos iones (canales iónicos), o bien actuando de intermediarias que intercambian de forma controlada grupos de iones entre ambos lados de la membrana (bomba de iones). En el primer caso, el flujo de iones está causado por el gradiente de concentración existente entre el interior y el exterior de la célula, mientras que en el segundo se produce un transporte activo contra gradiente que requiere consumo de energía. Dichos mecanismos responden ante determinados estímulos activándose o desactivándose, desencadenando una variación brusca en el potencial que, tras un breve intervalo de tiempo, finaliza con una vuelta a la situación de reposo inicial. Esta variación del potencial de membrana se denomina *potencial de acción*, y es el responsable de la contracción y posterior relajación del tejido muscular.

El corazón posee un sistema autónomo formado por células autoexcitables responsable de desencadenar un potencial de acción de forma periódica sin necesidad de estímulos externos. Una vez iniciado, el potencial de acción debe propagarse por todo el tejido cardíaco siguiendo un patrón temporal predeterminado y para ello, el corazón cuenta con una serie de estructuras, que en conjunto constituyen el sistema de conducción mostrado en la figura 1.2. En el corazón existen cinco tipos de tejido cardíaco funcional y anatómicamente separados: el nodo sinusal o sinoauricular (NS), el nodo auriculoventricular (A-V), el haz de His-Purkinje, el músculo auricular y el músculo ventricular. Bajo condiciones normales, solamente los tres primeros forman parte del sistema de conducción y poseen la capacidad de iniciar el potencial de acción, denominada automatismo.

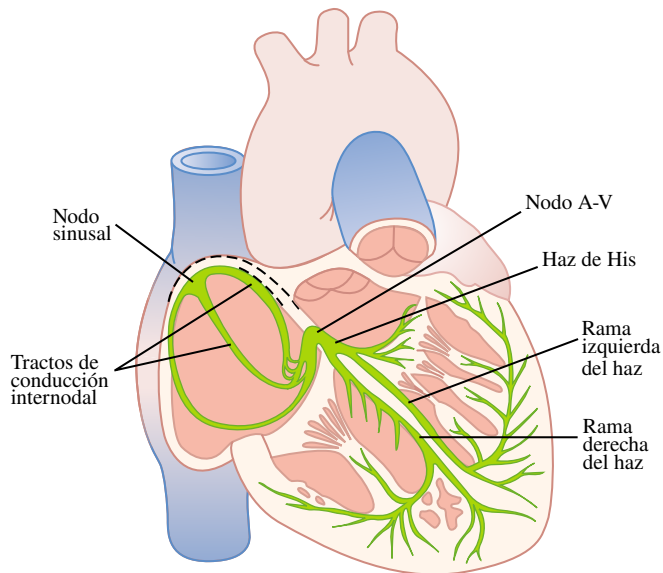


Figura 1.2: Representación del sistema de conducción del potencial de acción del corazón. Fuente: Adaptado de [34] (figura 10-1).

Las células del sistema de conducción no poseen capacidad contráctil y se caracterizan por poseer un potencial de reposo que varía con el tiempo, de tal forma que una vez transcurrido un determinado intervalo en situación de reposo, se desencadena de forma espontánea un potencial de acción. Dicha variación es debida a la presencia de una corriente de iones neta hacia el interior de la célula causada por la inactivación de los canales iónicos de K^+ cuando la célula se encuentra en situación de reposo. Los mecanismos de transporte de iones que se encuentran activos (principalmente canales de Na^+) generan una corriente de iones hacia el interior de la célula que modifica el potencial de membrana hasta que alcanza un valor denominado *umbral de activación*, a partir del cual se desencadena el potencial de acción. Inicialmente, durante las primeras etapas de desarrollo del corazón, todas las células cardíacas poseen esta capacidad de automatismo; posteriormente, al diferenciarse, los canales iónicos de K^+ se activan en aquellas células que pertenecen al tejido muscular auricular y ventricular, estabilizando el potencial de reposo. La especialización de las células inactiva su capacidad de automatismo.

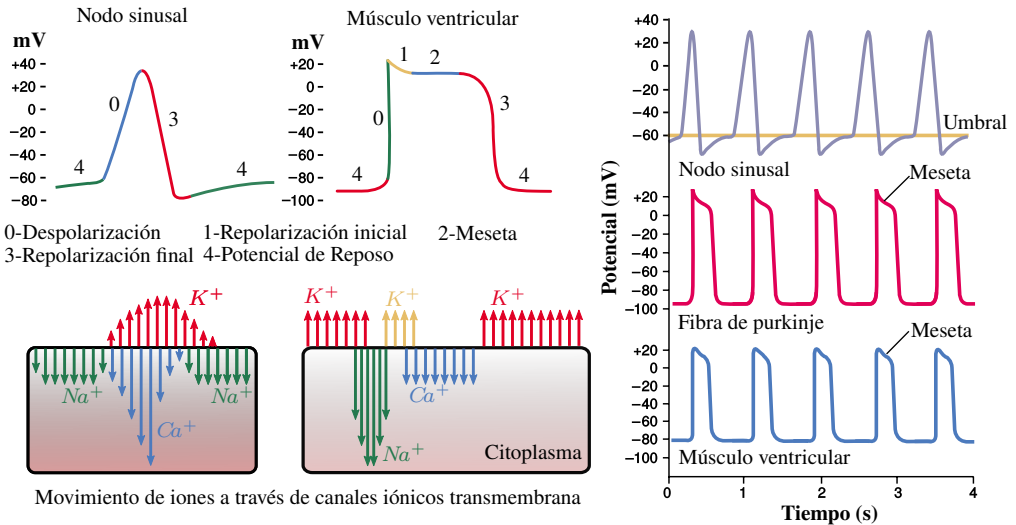


Figura 1.3: Representación de las diferentes fases y corrientes iónicas identificadas en los potenciales de acción de las células del nodo sinusal y del músculo ventricular con su evolución al largo del tiempo (representado en el eje horizontal). En la parte derecha se muestran secuencias de potenciales de acción típicos que presentan células del nodo sinusal, fibras de Purkinje y músculo ventricular.

1.1.2. Potencial de acción

El perfil que presenta el potencial de acción depende del tipo de célula. En la figura 1.3 se muestra el perfil del potencial de acción de una célula del nodo sinusal y otra del músculo ventricular. Puede apreciarse cómo las corrientes iónicas subyacentes varían entre ellas, tanto en sus tipos, como en su distribución temporal (representada en el eje horizontal). El potencial de acción puede dividirse en fases, que se corresponden con los diferentes procesos de despolarización o repolarización que tienen lugar en la membrana celular:

- Potencial de reposo (fase 4): las células se encuentran en estado de reposo y el valor de su potencial de membrana está por debajo del umbral de activación. Durante esta fase, las células con automatismo presentan una corriente neta de entrada de iones Na^+ que hace disminuir lentamente su potencial de membrana. En el caso de las células musculares, la corriente de salida de iones K^+ permite mantener estable el potencial de membrana hasta que se produzca una variación del potencial propagada desde el sistema de conducción.

- Despolarización (fase 0): una vez se alcanza el umbral de activación, comienzan a abrirse los canales de Ca^{+} , que provocan la despolarización de la membrana. En el caso de las células con automatismo, esta despolarización se produce en paralelo a la activación de los canales de K^{+} , por lo que sus efectos se ven parcialmente compensados. En las células musculares, la despolarización es mucho más rápida debido a la activación de los canales de Na^{+} de respuesta rápida.
- Repolarización inicial (fase 1): esta fase no está presente en las células con automatismo, ya que en ellas no se activan ninguno de los canales de respuesta rápida asociados a esta fase. En las células musculares, tras la despolarización provocada por la entrada de iones Na^{+} , se activan los canales de K^{+} de respuesta rápida, que generan una corriente de salida que disminuye el potencial de membrana.
- Meseta (fase 2): Al igual que la fase anterior, solo se presenta en las células musculares y se corresponde con el periodo en el que se contraen. Los canales de Ca^{+} se activan con cierto retardo respecto a los de respuesta rápida, por lo que esta fase se inicia cuando entran en funcionamiento, compensando la corriente de repolarización inicial y generando un periodo en el que el potencial de membrana se mantiene estable.
- Repolarización final (fase 3): la desactivación de los canales de Ca^{+} marca el inicio de la fase de repolarización; se mantienen activos los canales de K^{+} de forma que el potencial de membrana se reduce hasta alcanzar el potencial de reposo. En el caso de las células con automatismo, la desactivación es gradual y los canales de K^{+} se mantienen activos, aunque reduciendo su actividad también de forma gradual a medida que el potencial de membrana se aproxima la situación de reposo, momento en el que se reactivan los canales de Na^{+} .

Una característica importante de las células cardíacas relacionada con el potencial de acción es que debe transcurrir un periodo de tiempo desde que éste se ha iniciado hasta que pueda desencadenarse un nuevo potencial de acción. Este periodo se conoce como *periodo refractario* y evita que la misma célula pueda activarse más de una vez durante un único latido. Dentro del periodo refractario pueden distinguirse dos intervalos: un periodo inicial, denominado *refractario absoluto* y que abarca desde la fase 0 hasta parte de la fase 3, durante el cual ningún estímulo permite desencadenar un nuevo potencial de acción en la célula; y un segundo periodo, denominado *refractario relativo*, en el que sí sería posible, pero mediante un

estímulo de intensidad superior a la normal. La duración total del periodo refractario depende del tipo de célula: en torno a 150 ms en las células del músculo auricular frente a 250-300 ms en el músculo ventricular. Pero, en todo caso, es ligeramente inferior a la duración del potencial de acción.

1.1.3. Propagación del impulso eléctrico

El potencial de acción generado en una célula provoca un impulso eléctrico, pero es necesario que se propague de forma coordinada al resto del corazón para que la contracción muscular produzca el efecto de bombeo esperado. En un corazón sano, el origen del impulso se ubica en las células del nodo sinusal y se propaga a las células circundantes en forma similar a una onda. Las diferentes estructuras del corazón constituyen un medio de propagación inhomogéneo, por lo que la velocidad de propagación del impulso será diferente en cada estructura.

Las células del nodo sinusal poseen un automatismo intrínseco con una frecuencia similar, por lo que el impulso eléctrico no tiene su origen en una única célula, sino en un conjunto de células próximas que se activan de forma casi simultánea. Una vez activada toda la región sinusal, el impulso se propaga de forma progresiva a través del tejido muscular de las aurículas, provocando su contracción.

El tejido muscular de cada aurícula y ventrículo se encuentra conectado por discos formando sincitios funcionales. Un sincitio es un célula multinucleada resultante de la fusión de múltiples células, en la que los núcleos comparten un único citoplasma. Un sincitio funcional hace referencia a un conjunto de células que, sin llegar a fusionarse, forman una estructura que les permite actuar como una entidad única. En el caso del tejido muscular cardíaco, los discos permiten la libre circulación iónica entre el interior de las células que conectan como si se tratase de un único espacio intracelular y, de este modo, se facilita la propagación del impulso eléctrico a través de la difusión de las corrientes iónicas hacia las células adyacentes.

En las aurículas existen algunas regiones de tejido muscular especializado, denominadas tractos de conducción internodal, caracterizadas por una velocidad de propagación del impulso eléctrico muy superior al resto de tejido muscular. A través de ellas, el impulso alcanza el nodo A-V en 30 ms aproximadamente, mientras todavía no se ha completado la propagación por las aurículas. El nodo A-V es el responsable de transmitir el impulso eléctrico hacia los ventrículos. La velocidad de propagación en este nodo es relativamente lenta, en comparación con el resto de tejido, introduciendo un retardo de aproximadamente 130 ms que permite

completar la activación de las aurículas y vaciar la sangre que contienen hacia los ventrículos antes de que comience la contracción de éstos. Es importante destacar que, en un estado normal, este nodo no permite la propagación de un impulso en sentido inverso, es decir, un impulso generado en un ventrículo no podría alcanzar las aurículas.

El nodo A-V conecta con el haz de His-Purkinje, situado dentro de los ventrículos, siendo éste el único punto de conexión entre las aurículas y los ventrículos para la transmisión del impulso eléctrico. El haz de His-Purkinje está dividido en dos ramas, denominadas izquierda y derecha, que recorren, respectivamente, el ventrículo izquierdo y derecho. La rama izquierda se subdivide a su vez en una rama posterior y otra anterior. Como puede observarse en la figura 1.4, cada rama posee terminaciones, denominadas fibras de Purkinje, que se distribuyen por toda la masa muscular ventricular. Estas fibras permiten propagar el impulso eléctrico a una velocidad 6 veces más rápida que el músculo ventricular; el impulso tarda aproximadamente 30 ms en alcanzar el extremo de las fibras desde su entrada en el haz de His. Esto permite que el impulso inicie su propagación de forma casi inmediata a toda la masa muscular ventricular, y tarda otros 30 ms en completar la propagación.

1.1.4. Automatismo

Las células del sistema de conducción poseen capacidad de automatismo, pero dicha capacidad presenta características propias en cada una de sus estructuras. El perfil del potencial de acción que presentan las células en las diferentes estructuras puede observarse en la figura 1.4. Dicho perfil determina la característica principal del automatismo: su frecuencia de activación.

El nodo sinusal es una región situada en la aurícula derecha que forma parte del sistema de conducción y actúa como marcapasos natural o primario. El motivo por el que es el origen del impulso eléctrico que da origen al latido reside en su frecuencia de activación, la más alta dentro del sistema de conducción. Las células del nodo sinusal poseen un ritmo intrínseco de activación de entre 70 y 80 veces por minuto, mientras que en las células del nodo A-V se reduce a entre 40 y 60. Por último, las células de las fibras de Purkinje, poseen una frecuencia de activación de entre 15 y 40 veces por minuto. Esta distribución de frecuencias permite disponer de un mecanismo de respaldo para la activación del latido en caso de que falle el nodo sinusal; son los denominados marcapasos subsidiarios o latentes. En dicha situación, el corazón presenta latidos con origen nodal (nodo A-V) o ventricular denominados de escape.

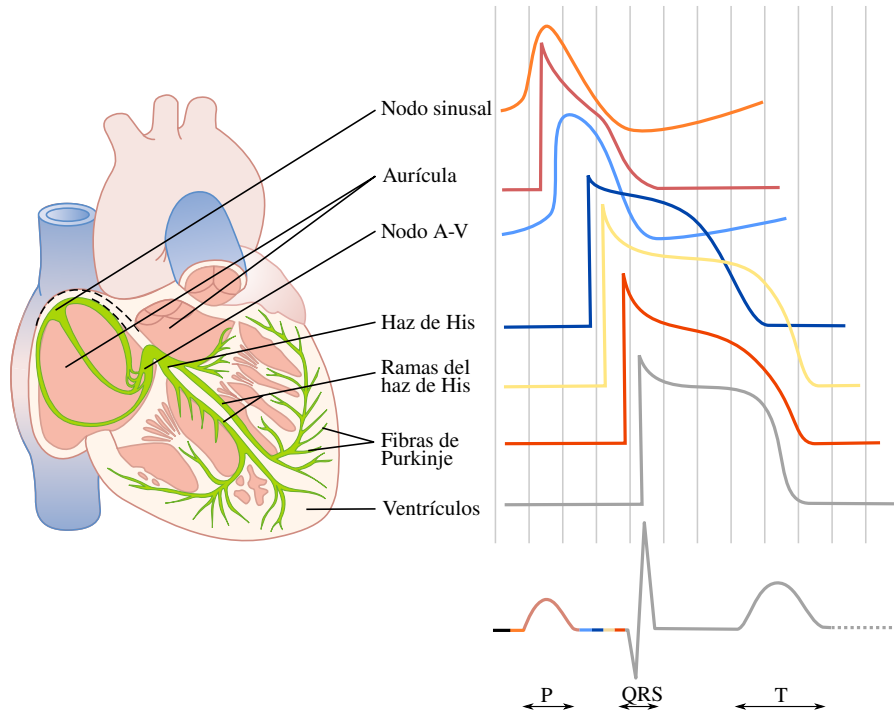


Figura 1.4: Representación de los potenciales de acción que presentan los diferentes tipos de células cardíacas.

Regulación de la frecuencia cardíaca

La frecuencia del automatismo está regulada por el sistema nervioso autónomo a través del sistema simpático y parasimpático en combinación con el sistema hormonal renina-angiotensina. La estimulación del corazón por parte de ambos sistemas permite adaptar tanto la frecuencia como la fuerza de bombeo a las necesidades del organismo. Los estímulos recibidos desde ambos sistemas influyen en la respuesta de los canales de sodio, potasio y calcio de las células cardíacas y, como consecuencia, altera el perfil de sus potenciales de acción, afectando a su duración y amplitud. Estos cambios modifican el patrón temporal de propagación y la duración del latido.

1.2. Electrocardiograma

Las corrientes generadas por los potenciales de acción y su propagación a lo largo del tejido cardíaco generan campos eléctricos que se propagan a través de los tejidos corporales y alcanzan su superficie. Los potenciales generados a lo largo del tiempo por dichos campos eléctricos pueden registrarse mediante el uso de electrodos situados sobre la piel, dando lugar a lo que se denomina electrocardiograma de superficie (ECG).

1.2.1. Manifestación eléctrica del latido

El ECG proporciona señales de voltaje, denominadas derivaciones, que varían a lo largo del tiempo, y que para cada instante capturan el efecto conjunto de los potenciales de acción de todas células que se encuentran activadas en dicho instante. El potencial generado a lo largo del tiempo depende de la velocidad de propagación y el perfil de activación de las diferentes células. En la figura 1.4 se muestra una representación de los potenciales de acción de los diferentes tipos de células a medida que el impulso eléctrico se propaga. En la parte inferior puede observarse una representación esquemática del patrón correspondiente al ciclo cardíaco que se registra en una derivación.

El patrón que muestra el latido en una derivación presenta un conjunto de deflexiones que guardan relación con el proceso de propagación del impulso eléctrico en el corazón. La primera deflexión, denominada onda P, se corresponde con la fase de despolarización del tejido de las aurículas. La siguiente deflexión, denominada complejo QRS, corresponde con la fase de despolarización del tejido ventricular que, al ser mucho más voluminoso, genera una señal de mayor amplitud. Por último, se aprecia una última deflexión, denominada onda T, que corresponde con la fase de repolarización de los ventrículos. La fase de repolarización de las aurículas pasa desapercibida en el complejo QRS ya que se produce de forma simultánea a la despolarización ventricular, que presenta una mayor magnitud. La despolarización del tejido del nodo A-V y el haz de His-Purkinje tiene lugar en el intervalo comprendido entre el final de la onda P y el complejo QRS, pero produce un efecto inapreciable en la señal de ECG debido al reducido volumen de tejido que contienen.

En la figura 1.5 se muestra la correspondencia entre la manifestación del latido en una derivación de ECG y la actividad mecánica del corazón representada a través de la señal de presión en sus diferentes estructuras. Obsérvese el aumento de presión que se produce en las

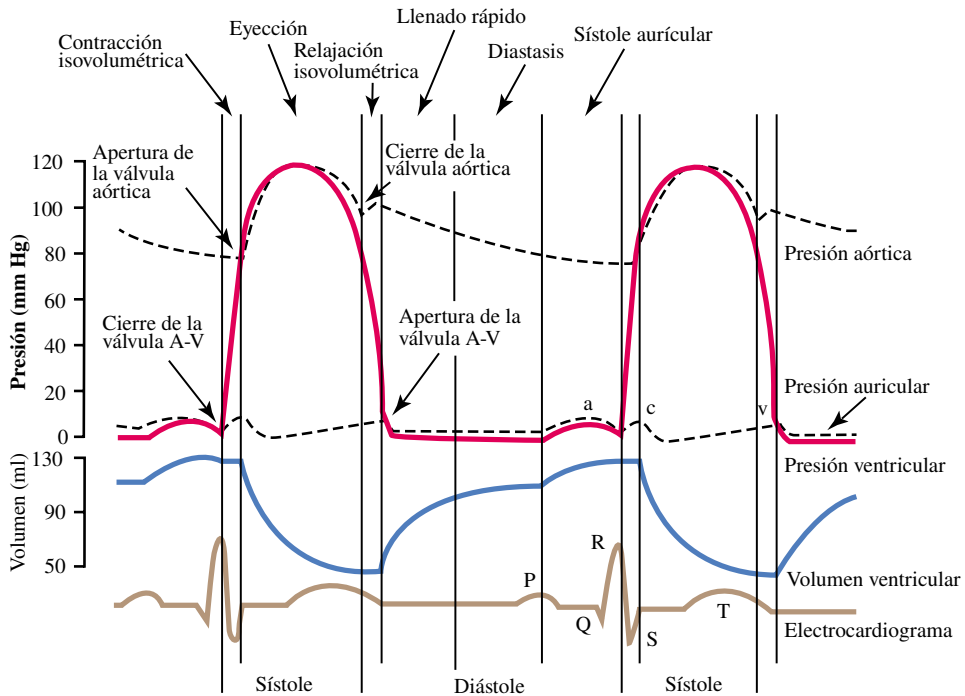


Figura 1.5: Representación de la presión y volúmen durante el ciclo cardíaco. Adaptado de [34] (figura 9-5).

aurículas y ventrículos tras su respectiva despolarización (onda P y complejo QRS) y que se corresponde con la contracción muscular responsable del bombeo de sangre.

Conviene resaltar que una señal de ECG representa la actividad eléctrica del corazón de forma global y está formada por la suma espacial y temporal de las contribuciones de sus células (miocitos), por lo que no es posible reconstruir la actividad de los miocitos a partir del ECG (conocido como problema inverso) ya que únicamente se dispone del promedio de sus contribuciones. Esto implica que un mismo patrón de ECG puede ser compatible con secuencias de activación y propagación normales que difieran entre sí, dentro de ciertos límites.

1.2.2. Sistemas de derivaciones electrocardiográficas

La adquisición de señales de ECG se realiza mediante sensores ubicados en la superficie corporal que miden la diferencia de potencial entre puntos concretos. La forma y amplitud de las diferentes ondas que se observan en una derivación varían en función de la ubicación de

los electrodos correspondientes, ya que cada disposición captura una determinada proyección espacial de la evolución del frente de onda mediante el que se propaga el impulso eléctrico a lo largo de la masa muscular cardíaca.

La relación entre la forma de las señales obtenidas en una derivación de ECG y la actividad eléctrica generada durante el ciclo cardíaco puede explicarse empleando un modelo que representa el corazón mediante una aproximación basada en dipolos eléctricos. El impulso eléctrico asociado a un latido se propaga generando un frente de onda formado por el grupo de células que se están despolarizando en un mismo instante. Las corrientes eléctricas asociadas a dicho frente de onda pueden aproximarse mediante un conjunto de dipolos equivalentes a los que se asocian vectores que describen la posición, orientación y magnitud de cada dipolo. El resultado de sumar los vectores de todos los dipolos proporciona un vector dominante, denominado vector cardíaco, que describe la dirección principal de avance del impulso eléctrico.

El modelo anterior permite interpretar las ondas obtenidas en una derivación concreta en términos de la proyección del vector cardíaco sobre la dirección que determinan sus electrodos. De este modo, la elección de un conjunto de derivaciones estará dirigida a obtener la proyección en las direcciones que proporcionen mayor información sobre la evolución del latido. Veremos a continuación los principales sistemas de derivaciones que se han desarrollado, prestando especial atención al sistema de uso más extendido en la actualidad, el de 12 derivaciones estándar.

Derivaciones bipolares de extremidades Este sistema de derivaciones fue introducido por Einthoven [23] y está formado por tres derivaciones, denotadas I, II y III, obtenidas a partir de tres electrodos ubicados en ambos brazos y en la pierna izquierda. Se emplea el término bipolar porque las derivaciones se definen a partir de las diferencias de potencial entre electrodos:

$$I = P_{LA} - P_{RA} \quad (1.1)$$

$$II = P_{LL} - P_{RA} \quad (1.2)$$

$$III = P_{LL} - P_{LA} \quad (1.3)$$

donde P_{LA} , P_{RA} y P_{LL} son, respectivamente, los potenciales medidos en el brazo izquierdo, derecho y pierna izquierda. A partir de esta definición, se obtiene la relación que existe entre las tres derivaciones: $I + III = II$, conocida como ley de Einthoven.

Las derivaciones se interpretan, según el modelo de Einthoven, como las proyecciones del vector cardíaco sobre los lados de un triángulo equilátero cuyos vértices corresponden

con la ubicación de los electrodos. En la figura 1.6 puede observarse una representación de dicho modelo; obsérvese que las derivaciones proporcionan una proyección del vector cardíaco en un plano frontal, por lo que únicamente aportan información sobre la propagación del latido en dicho plano.

Derivaciones unipolares Partiendo de la misma ubicación de los electrodos, Wilson [105] define un punto de referencia común para la medición de potenciales, denominado terminal central:

$$V_{CT} = \frac{P_{RA} + P_{LA} + P_{LL}}{3} \quad (1.4)$$

y a partir de él, el sistema de derivaciones unipolares:

$$VR = P_{RA} - V_{CT} \quad (1.5)$$

$$VL = P_{LA} - V_{CT} \quad (1.6)$$

$$VF = P_{LL} - V_{CT} \quad (1.7)$$

Derivaciones unipolares aumentadas Tomando como referencia el sistema anterior, Goldberger [30] introduce un nuevo sistema que amplifica los valores proporcionados por las derivaciones unipolares, de ahí el término *aumentadas*. El sistema no emplea un único punto de referencia común, sino que define un terminal de referencia, denominado *terminal de Goldberger*, para el potencial medido en cada electrodo. Dicho punto de referencia se corresponde con el promedio del potencial medido en los demás electrodos:

$$aVR = P_{RA} - P_{RF} = P_{RA} - \frac{P_{LA} + P_{LL}}{2} = \frac{3}{2}VR \quad (1.8)$$

$$aVL = P_{LA} - P_{LF} = P_{LA} - \frac{P_{RA} + P_{LL}}{2} = \frac{3}{2}VL \quad (1.9)$$

$$aVF = P_{LL} - P_{LR} = P_{LL} - \frac{P_{RA} + P_{LA}}{2} = \frac{3}{2}VF \quad (1.10)$$

Estas derivaciones, junto con las bipolares, forman parte del sistema de 12 derivaciones estándar y permiten la observación del ciclo cardíaco en el plano frontal en intervalos de 30° dentro el rango comprendido entre -120° y +30°, como se ilustra en la parte central de la figura 1.6.

Derivaciones precordiales Introducidas por la AHA en 1938 [5, 6, 91], permiten la medida del potencial en seis puntos del plano horizontal próximos al corazón medido respecto

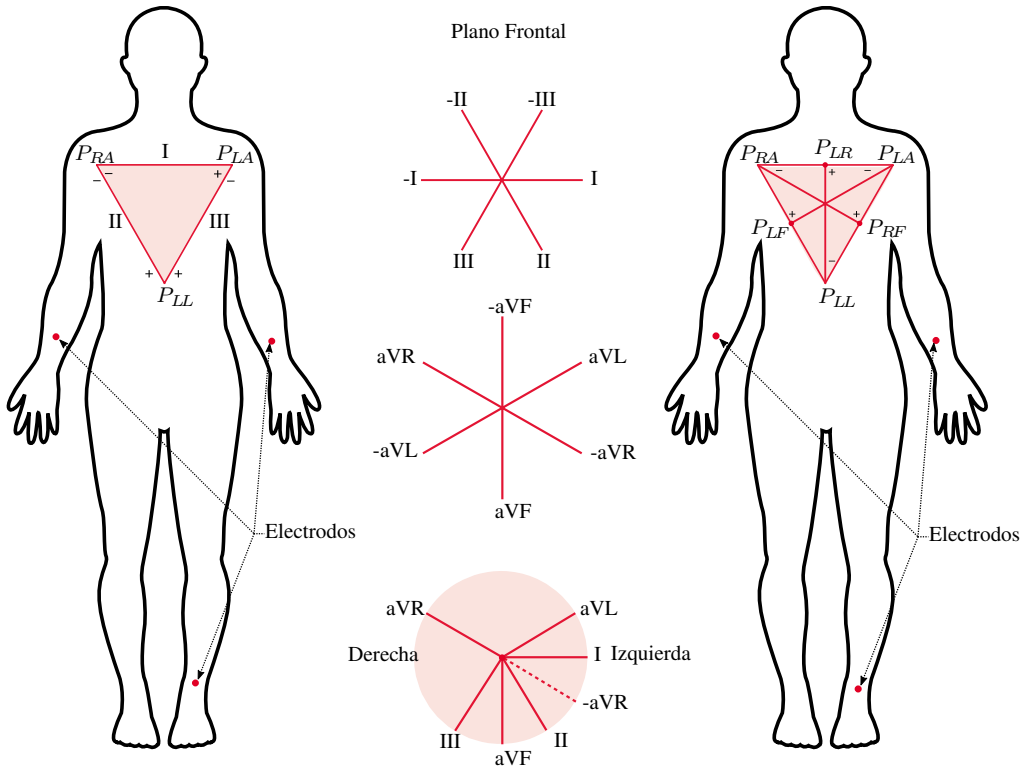


Figura 1.6: Representación de las derivaciones bipolares y unipolares aumentadas sobre el triángulo de Einthoven. Adaptado de [28] (figuras 3-4, 3-5 y 3-6).

a un punto de referencia situado en la pierna derecha. En la figura 1.7 se muestra la ubicación de los electrodos en los espacios intercostales y las direcciones de proyección del vector cardíaco en el plano horizontal correspondientes a cada derivación.

El conjunto de derivaciones precordiales, junto con las 3 bipolares y las 3 unipolares aumentadas componen el sistema de 12 derivaciones estándar, el de uso más extendido en la práctica clínica. Existen algunas adaptaciones de este sistema para aplicaciones concretas en las que alguna de las derivaciones presenta problemas para su adquisición; adaptación que suele consistir en modificar la ubicación del correspondiente electrodo. Cabe destacar, que de las 12 derivaciones, solamente 8 son independientes, ya que las derivaciones unipolares aumentadas y las bipolares son equivalentes y pueden derivarse unas de otras; a su vez, la ley Einthoven permite obtener una de las derivaciones bipolares a partir de las dos restantes, por

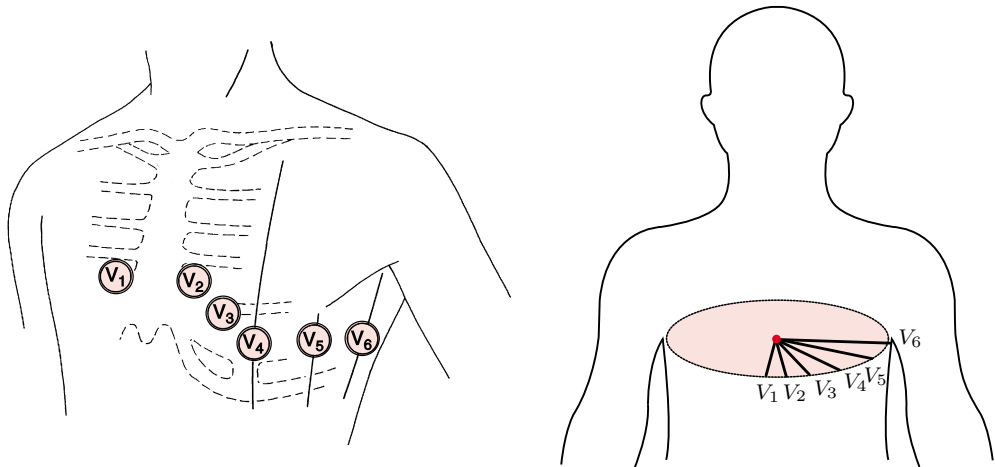


Figura 1.7: Representación de la ubicación de los electrodos para la adquisición de las derivaciones precordiales. En la parte derecha se muestra la proyección del vector cardíaco en el plano horizontal para cada una de ellas. Adaptado de [28] (figuras 3-8, 3-5 y 3-6).

lo que se reduce a 8 el número de derivaciones necesarias para la adquisición de un ECG de 12 derivaciones estándar.

En la figura 1.8 se muestra un fragmento de señal de ECG correspondiente a un ciclo cardíaco completo obtenida mediante el sistema de 12 derivaciones estándar. En ella puede observarse cómo la morfología que presenta la señal varía en cada una de las derivaciones, dependiendo de su posición respecto al vector cardíaco. Aquellas derivaciones que presentan una magnitud mayor en un momento dado, serán aquellas cuya dirección se encuentre más próxima a dicho vector, proporcionando de este modo información sobre la evolución de la dirección del vector a lo largo del ciclo.

1.2.3. Fuentes de ruido

Debido al método empleado para la medición de los potenciales y la ubicación de los electrodos sobre la superficie corporal, la señal de ECG está sujeta a la contaminación por ruido procedente de diversas fuentes que distorsionan en mayor o menor medida el registro de la señal eléctrica generada por el latido. Podemos señalar como causas principales: la contaminación con otras bioseñales, por ejemplo, la generada por la actividad muscular; el acople de señales externas, como la señal procedente de la red de alimentación; y la distorsión

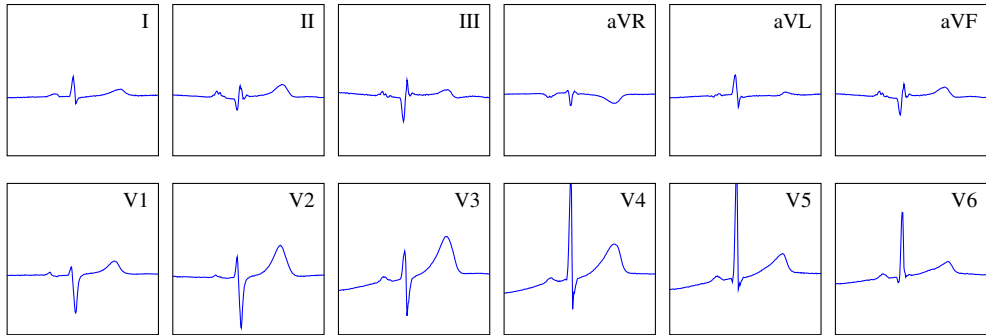


Figura 1.8: Representación de un ciclo cardíaco en el sistema de 12 derivaciones estándar.

introducida durante el propio proceso de adquisición. A continuación describiremos las fuentes más relevantes, mostrando sus efectos sobre la señal.

Acople de señales externas

Todos los dispositivos electrónicos e instalaciones por las que circulan corrientes eléctricas generan campos electromagnéticos que, dependiendo de su intensidad, la distancia al electrocardiógrafo y la calidad del aislamiento empleado en los cables, conexiones y dispositivos, pueden provocar corrientes inducidas y contaminar la señal adquirida. Las fuentes de contaminación más comunes son la red de alimentación eléctrica y el instrumental electroquirúrgico.

La presencia de dispositivos en la proximidad del sujeto que estén conectados a la red de alimentación, combinada con el uso de cables con aislamiento o conexiones deficientes que actúen de antena, puede provocar la aparición de una componente sinusoidal en la señal de ECG en torno a la frecuencia de red (50 ó 60 Hz dependiendo del país) y sus armónicos. Dicha interferencia puede alcanzar amplitudes considerables, en el mismo rango que la señal correspondiente al QRS. Actualmente, los sujetos suelen estar rodeados de innumerables dispositivos electrónicos durante su actividad diaria por lo que existe una mayor probabilidad de contaminación con ruido de red. Aunque el uso de dispositivos y cables correctamente aislados debería reducir la magnitud de la interferencia, una conexión deficiente en un electrodo puede provocar su incremento.

En la figura 1.9 se muestra un fragmento de ECG procedente del registro 101 de la base de datos *MIT-BIH Arrhythmia Database*[29]¹ que contiene interferencia de red. La baja amplitud

¹ Accesible de forma libre a través de PhysioNet: <https://physionet.org/>

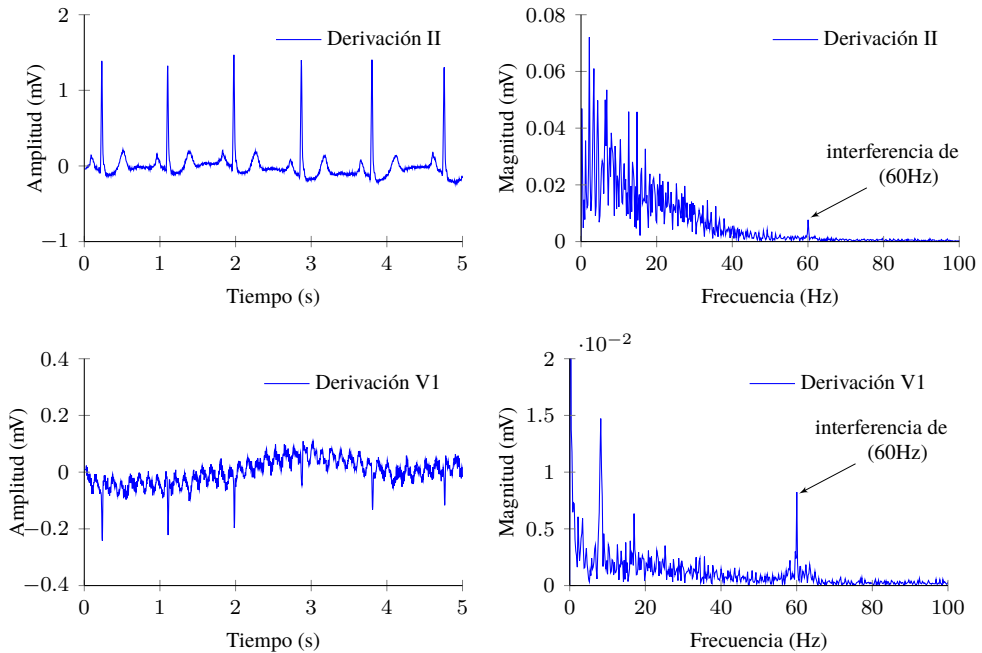


Figura 1.9: Fragmento de ECG contaminado con señal de la red de alimentación. Se muestra un segmento de 5s en dos derivaciones y su espectro de frecuencias, donde se aprecia claramente el pico de amplitud en torno a 60Hz. Base de datos: MIT-BIH. Registro: 101. Intervalo (mm:ss.ms): [00:00.000-00:05.000].

de la señal en la derivación V1 hace que la relación señal ruido sea mucho menor y la interferencia se aprecie mejor. En la parte derecha de la figura, se muestra la transformada discreta de Fourier de cada fragmento; puede apreciarse un pico en torno a 60Hz que se corresponde con la frecuencia de red de EE.UU., país donde se han obtenido los registros de la base de datos.

La presencia de otro equipamiento médico en las cercanías del sujeto también puede producir interferencias en el ECG (p.e. el ruido electroquirúrgico en los quirófanos), aunque sus componentes se encuentran en un rango de frecuencias muy superior (del orden de kHz o MHz) al rango de frecuencias que ocupa la señal de ECG, cuyo contenido espectral relevante a efectos de determinar el origen de activación y ruta de propagación de los latidos se concentra entre los 0.5Hz y los 40Hz.

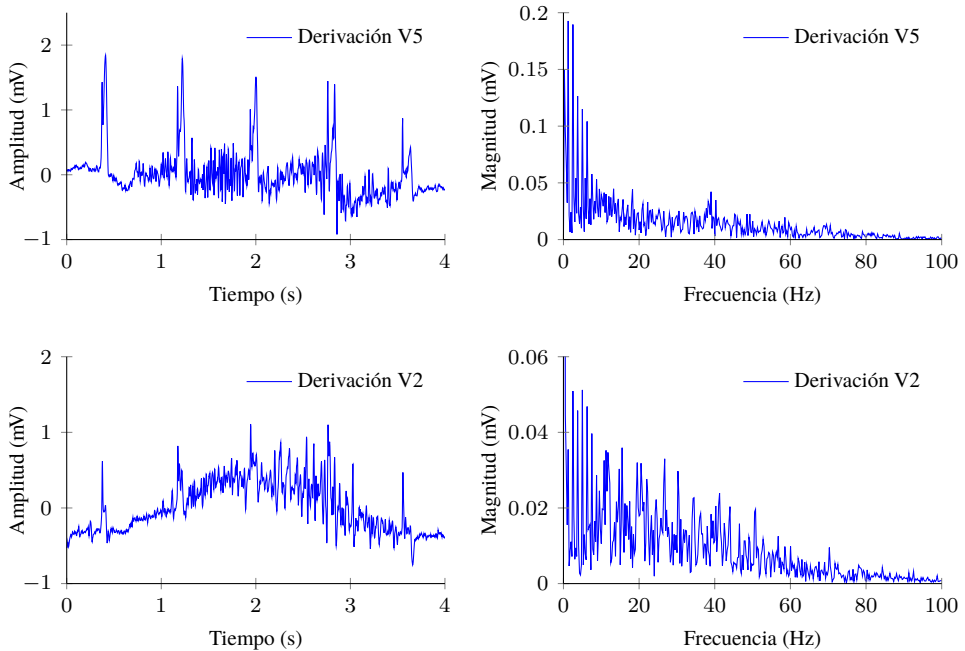


Figura 1.10: Fragmento de ECG contaminado con señal electromiográfica. Se muestra un segmento de 4s en dos derivaciones y su espectro de frecuencias, donde se puede observar el aumento de amplitud en las frecuencias de la banda 50-100Hz. Base de datos: MIT-BIH. Registro: 104. Intervalo (mm:ss.ms): [06:19.000-06:23.000].

Ruido electromiográfico

La contracción de los músculos esqueléticos es controlada por pulsos eléctricos que se transmiten a través de las fibras musculares. Dichos músculos carecen de células marcapasos, y la excitación eléctrica está controlada por el sistema nervioso periférico y central [10]. Al igual que la actividad cardíaca, la actividad muscular genera potenciales de superficie medibles que pueden alcanzar amplitudes comparable a la señal de actividad cardíaca. Las características de dichos potenciales dependen del volumen muscular implicado, su ubicación y la intensidad del esfuerzo realizado, y su espectro de frecuencias puede extenderse desde los pocos Hz hasta los KHz. Se trata de una señal intermitente que se superpone a la señal de ECG, distorsionando su morfología. Debido al solapamiento espectral de ambas señales, su tratamiento resulta de extrema complejidad.

En la figura 1.10 se muestra un fragmento de señal de ECG contaminada por ruido electromiográfico. La distorsión puede apreciarse claramente en los segmentos de señal mostrados en la parte izquierda de la figura. El espectro de frecuencias de la parte derecha muestra la existencia de componentes en el rango de frecuencias por encima de los 40 Hz, que no se corresponden con el espectro de la señal de ECG.

Esta fuente de ruido está muy presente cuando el registro de ECG se realiza durante la actividad normal del sujeto, ya que se producen movimientos musculares de forma casi continua. La imposibilidad de filtrar las componentes de ruido solapadas con el espectro del ECG conlleva la necesidad de contemplar su influencia en el procesamiento y análisis de la señal.

Movimientos corporales

Los movimientos corporales, además de causar la aparición de la señal electromiográfica descrita, constituyen una fuente de ruido con efectos adicionales sobre el ECG. Si dichos movimientos afectan a la calidad del contacto entre el electrodo y la piel variando su impedancia, la señal presentará artefactos en forma de saltos bruscos en la línea base, como se muestra en la figura 1.11, o bien artefactos de duración más breve similares al QRS de un latido, como se muestra en la figura 1.12, dependiendo de la duración e intensidad del movimiento. En ambos casos, el espectro de frecuencia del ruido se solapa con el espectro del ECG y su eliminación resulta prácticamente imposible mediante un análisis espectral.

Las posiciones relativas de los electrodos respecto al corazón pueden variar como consecuencia de los movimientos corporales, alterando las condiciones de medida y con ello, la morfología asociada al latido. El efecto más notorio sobre la señal de ECG es la aparición de una deriva de línea base como se muestra en la figura 1.13. En dicha figura puede apreciarse la variación que sufre la línea base en un segmento de 50 segundos en todas las derivaciones. En la parte derecha se muestran los espectros de frecuencia para las componentes menores de 2Hz; puede apreciarse la elevada contribución de las componentes menores de 1Hz, causantes de dicha deriva.

Al igual que ocurre con el ruido electromiográfico, esta fuente de ruido está muy presente en el ECG adquirido durante la actividad normal del sujeto, debido a su movimiento constante. Los artefactos generados en la señal no pueden ser eliminados mediante una fase de preprocesado y, por lo tanto, será necesario contemplar su influencia en el procesamiento y análisis de la misma. Por el contrario, la deriva de línea base posee un espectro constituido en su mayor parte

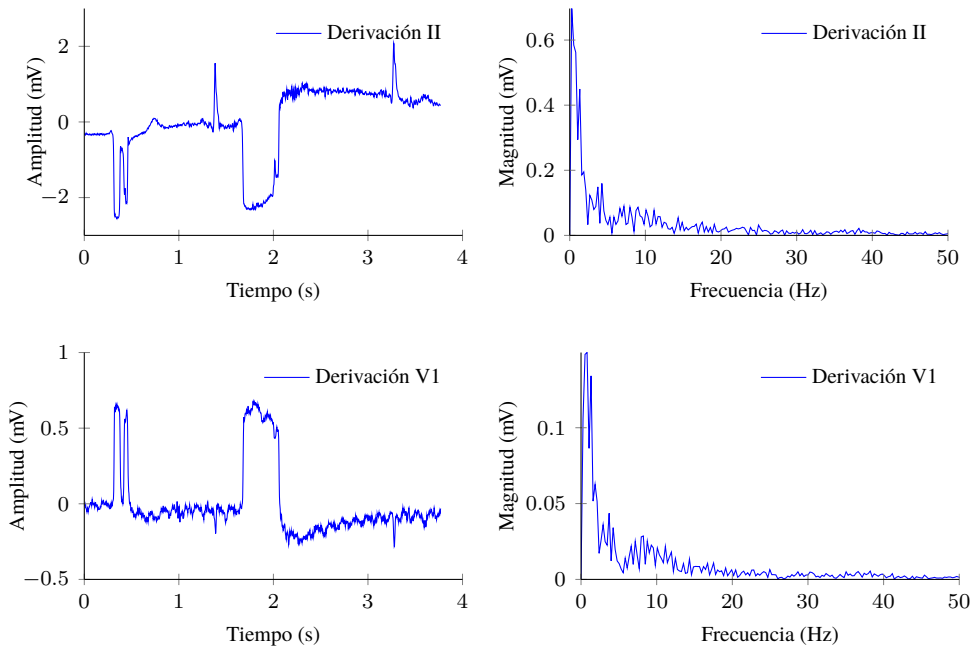


Figura 1.11: Fragmento de ECG con saltos en la línea base. Se muestra un segmento de 4s aproximadamente en dos derivaciones y su espectro de frecuencias en el intervalo 0-50Hz. Base de datos: MIT-BIH. Registro: 101. Intervalo (mm:ss.ms): [05:18.230-05:22.000].

por frecuencias en el intervalo entre 0Hz y 1Hz, lo que supone un solapamiento mínimo con el espectro del ECG y, en consecuencia, puede ser tratada mediante procedimientos estándar de filtrado ya que no se producen distorsiones relevantes a efectos de realizar un análisis morfológico de los latidos que permita identificar su patrón de origen y ruta de propagación.

Respiración

La respiración constituye una fuente de variabilidad morfológica para el latido ya que influye sobre el sistema nervioso autónomo causando la conocida como arritmia sinusal respiratoria. Según comentamos en el apartado 1.1.4, tanto la frecuencia cardíaca como la morfología se ven afectadas por la acción de dicho sistema. Pero además, la respiración también constituye una fuente de ruido, ya que durante el ciclo respiratorio, los movimientos toracoabdominales asociados provocan cambios en la posición del corazón respecto a los electrodos y la variación del volumen de aire en los pulmones altera su conductividad, afectando al medio de

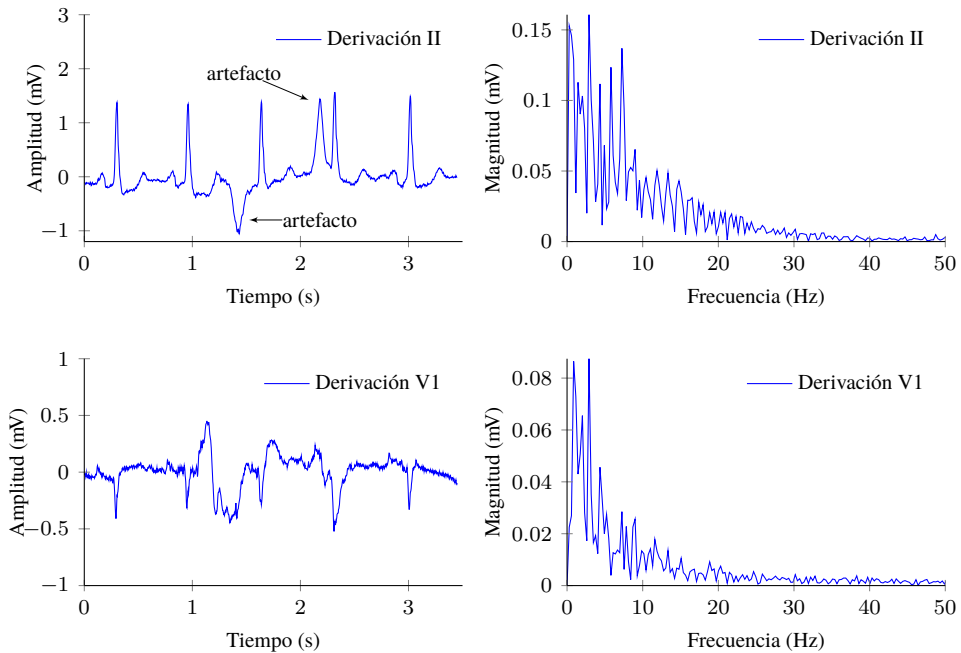


Figura 1.12: Fragmento de ECG con artefactos similares a complejos QRS. Se muestra un segmento de 3.5s aproximadamente en dos derivaciones y su espectro de frecuencias. Base de datos: MIT-BIH. Registro: 105. Intervalo (mm:ss.ms): [17:55.750-17:59.200].

transmisión [17]. Como consecuencia, durante el ciclo respiratorio, el vector cardíaco que indica la dirección dominante de propagación del frente de onda varía, e igualmente lo hace la morfología de la señal eléctrica asociada al latido.

Podemos observar dos efectos sobre la señal de ECG; por una parte, la aparición de deriva de línea base similar a la mostrada en la figura 1.13; y por otra, alteraciones cíclicas de la morfología. La deriva es similar a la generada por los movimientos corporales, y por lo tanto, para su tratamiento se procederá del mismo modo. En cuanto a las alteraciones morfológicas, se consideran debidas a una fuente de variabilidad y pueden entenderse como una evolución temporal de la morfología.

La influencia de la respiración como fuente de ruido y variabilidad morfológica en la señal de ECG es muy relevante, especialmente cuando la adquisición de la señal se realiza durante la actividad normal del sujeto, ya que durante el día pasa por distintos grados de actividad con diferentes ritmos respiratorios que influyen en la evolución temporal de la morfología del

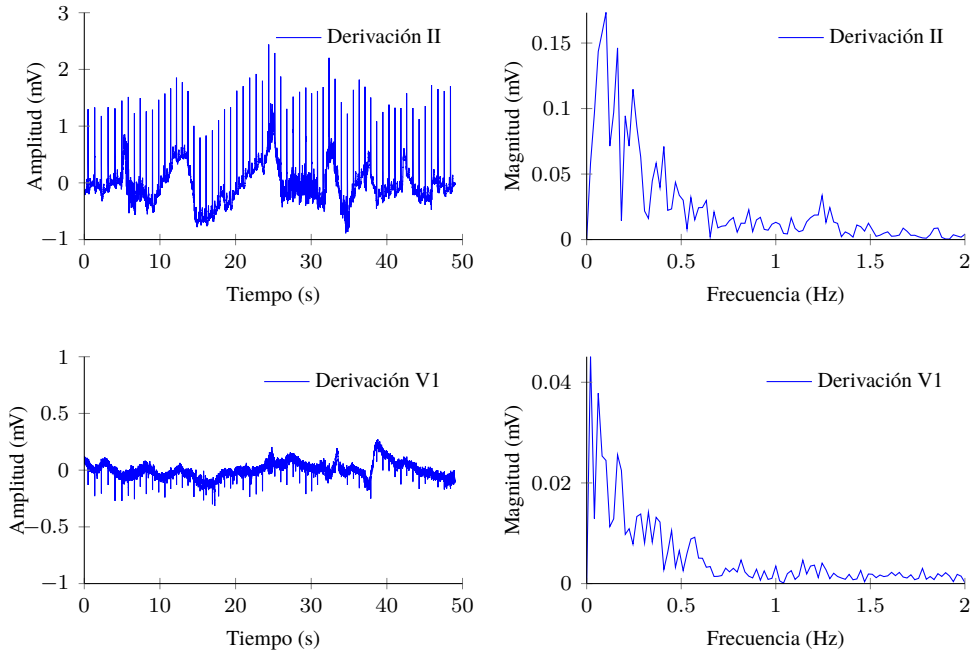


Figura 1.13: Fragmento de ECG contaminado con deriva de línea base. Se muestra un segmento de 50s en dos derivaciones y su espectro de frecuencias en el intervalo 0-2Hz. Pueden apreciarse la elevada magnitud de las componentes de muy baja frecuencia (entre 0 y 0.5 Hz) asociadas al ruido. Base de datos: MIT-BIH. Registro: 101. Intervalo (mm:ss.ms): [01:48.000-02:37.000].

latido. De hecho, la eliminación de la deriva de línea base causada por la combinación de la respiración y los movimientos corporales constituye un paso imprescindible previo a cualquier análisis de una señal de ECG.

Otras fuentes

Para concluir, describiremos otras fuentes de ruido menos relevantes que afectan en menor medida a la señal, bien por suponer una alteración gradual o de baja magnitud, o bien por tener un impacto acotado en el tiempo y número de derivaciones.

- Interfaz electrodo-piel: la impedancia de la interfaz formada por el contacto entre el electrodo y la piel es un factor que afecta directamente a la amplitud de la señal registrada. Un contacto deficiente de los electrodos provoca un aumento en la impedancia que, a su

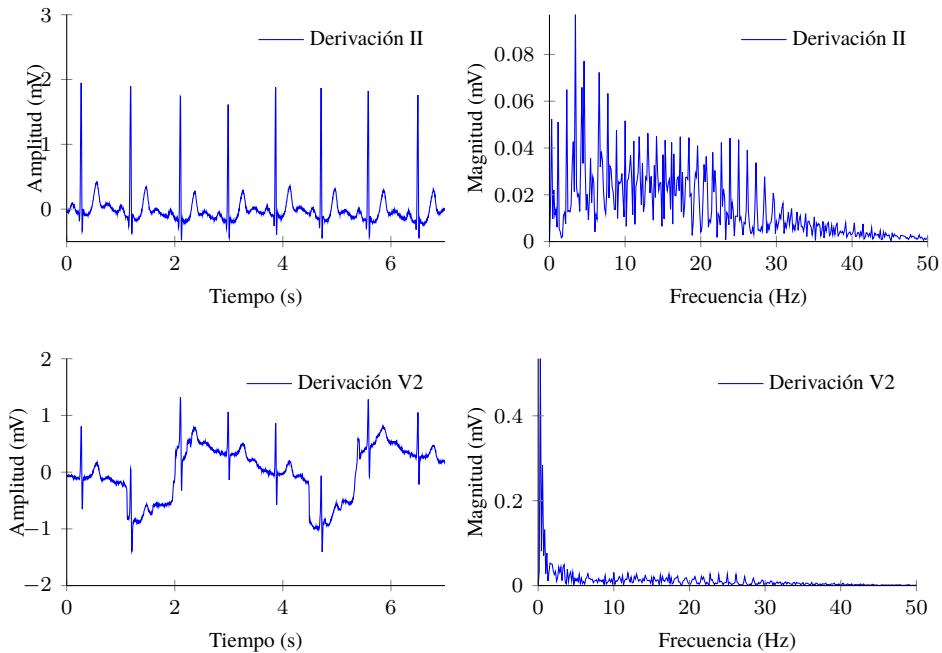


Figura 1.14: Fragmento de ECG con deriva de línea base en una única derivación. Se muestra un segmento de 7s en dos derivaciones y su espectro de frecuencia donde se aprecia el aumento de amplitud de las componentes de baja frecuencia en la segunda derivación. Base de datos: MIT-BIH. Registro: 103. Intervalo (mm:ss.ms): [27:10.250-27:17.250].

vez, provoca la disminución de la amplitud de las señales registradas. Una consecuencia habitual, es la aparición de distorsiones en la línea base asociadas a una única derivación, como se muestra en la figura 1.14, apareciendo saltos abruptos en la señal que pueden ocurrir de forma continuada. Si el contacto se degrada en exceso, la impedancia sufre cambios bruscos y la señal puede llegar a presentar saturación.

La aparición de problemas de contacto es probable tras varias horas de adquisición, ya que el contacto se deteriora gradualmente, siendo la transpiración de la piel la causa más común.

- Ruido de instrumentación: todo dispositivo electrónico contiene elementos que aportan ruido a la señal medida (véase como ejemplo el ruido térmico o de Johnson-Nyquist [70][41]), pero su diseño está dirigido a minimizar su impacto, y aunque no

puede ser completamente eliminado, su aportación es muy reducida, por lo que puede ser incluido como parte de la variabilidad intrínseca de la morfología.

1.2.4. Variabilidad morfológica del latido

Tras analizar los fenómenos subyacentes que originan la señal eléctrica asociada a los latidos, así como las diferentes fuentes de ruido que afectan a su registro, resulta evidente que existen numerosas variables que afectan a la morfología con la que se manifiestan los latidos en la señal de ECG. Podemos agrupar los factores que dan origen a una determinada morfología en tres categorías según se asocien a:

- *La ruta de propagación del impulso eléctrico*: La ruta de activación del latido posee cierta variabilidad intrínseca asociada en gran medida a la actividad de los sistemas simpático y parasimpático, que regulan el perfil de respuesta eléctrica de las células del corazón. Dichos perfiles condicionan tanto la frecuencia cardíaca como, en última instancia, la morfología del latido registrada en el ECG [32]. Estas variaciones afectan tanto a las pendientes como a las amplitudes de las ondas constituyentes del latido y sus efectos se notarán en mayor o menor medida en cada derivación dependiendo de la proyección que capture el correspondiente electrodo. También debe tenerse en cuenta la propia estocasticidad del proceso de generación del latido, ya que el punto de activación del impulso eléctrico no será siempre el mismo, sino que irá variando a lo largo de la región sino-auricular. Por último, la presencia de alteraciones en el funcionamiento normal del corazón (alteraciones estructurales o funcionales), también puede dar lugar a morfologías con una mayor variabilidad.
- *El medio de transmisión de la señal*: Las morfologías que presentan los latidos en una señal de ECG dependen no solo de las rutas de activación cardíaca seguidas por los mismos, sino también de las características de los medios de transmisión y medición de los potenciales generados en el tejido cardíaco. Los potenciales originados en las células cardíacas se propagan a través de los distintos órganos y tejidos hasta alcanzar la superficie de la piel donde se sitúan los electrodos de medición. Las características de este medio de transmisión se ven alteradas debido a movimientos o cambios en la posición corporal, consecuencia de la actividad del sujeto. Es por ello, que una misma ruta de propagación podrá generar proyecciones diferentes en una misma derivación, dando lugar a que la morfología asociada presente variaciones.

- *El sistema de medición:* según se ha comentado en la sección anterior, el propio sistema de adquisición de ECG introduce en la medida el ruido causado por la interfaz electrodo-piel y el ruido de instrumentación. El contacto entre los electrodos y la piel puede degradarse con el tiempo, alterando su impedancia y en consecuencia la señal medida. Aunque este efecto pueda ser despreciable en la adquisición de ECG de corta duración, no puede obviarse en el caso de ECG registrados durante largos intervalos.

Todos los factores mencionados constituyen fuentes de variabilidad morfológica presentes en la señal de ECG de un determinado sujeto, por lo que suele denominarse variabilidad intra-paciente, y debe tenerse en cuenta a la hora de interpretar la señal. Si se compara la morfología que presentan los latidos en las señales de ECG de diferentes sujetos, observaremos que responden al mismo patrón estructural compuesto por el mismo conjunto de ondas, pero al mismo tiempo presentan diferencias que pueden llegar a ser notables. En este caso se denomina variabilidad inter-paciente, y está motivada por las diferencias anatómicas entre sujetos como pueden ser el diámetro pectoral, porcentaje de grasa subcutánea, tamaño, ubicación y estructura del corazón, y que afectan tanto a la ruta de propagación del impulso eléctrico como al medio de transmisión de la señal hasta la superficie corporal.

La figura 1.15 contiene ejemplos de ambos tipos de variabilidad morfológica. En la parte superior se muestran las señales de cuatro latidos en la derivación II procedentes de un mismo sujeto y extraídas de un mismo registro de ECG de 30 minutos de duración. Los latidos se muestran ordenados temporalmente, por lo que puede apreciarse la evolución de su morfología a lo largo del tiempo. En la parte inferior, las señales que se muestran proceden de cuatro sujetos diferentes, y en ellas pueden observarse claras diferencias morfológicas en la altura, anchura y forma de sus ondas.

1.2.5. Escenarios de adquisición del ECG

Desde el punto de vista clínico, el uso de una prueba electrocardiográfica tiene por objetivo determinar la presencia de anomalías en el funcionamiento del corazón mediante el registro de su actividad eléctrica. Para ello, el personal médico debe interpretar tanto las morfologías como el ritmo de los latidos presentes en la señal de ECG. La existencia de ruido, junto con los niveles de variabilidad morfológica presentes en una señal de ECG, deben ser tenidos en cuenta a la hora de analizar dicha señal y extraer conclusiones sobre la normalidad de una determinada morfología. Teniendo en cuenta los factores expuestos en los apartados previos,

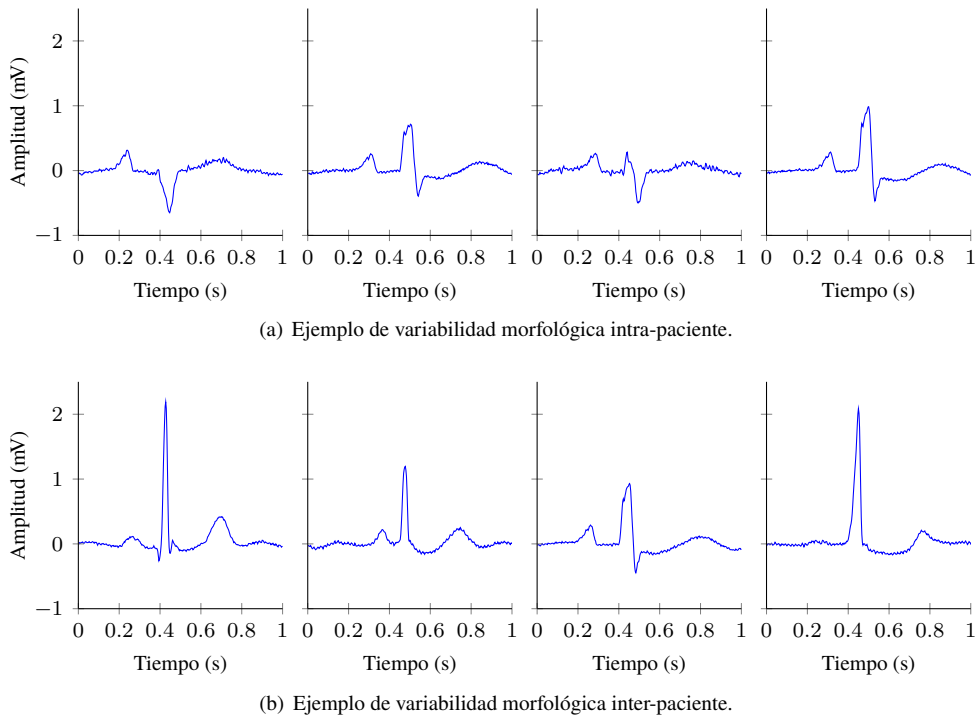


Figura 1.15: Ejemplos de variabilidad morfológica de latidos intra-paciente e inter-paciente. En la subfigura (a) se muestra la señal correspondiente a cuatro latidos de origen sinusal en la derivación II procedentes del mismo registro de ECG. En la subfigura (b) se muestra la señal correspondiente a cuatro latidos de origen sinusal en la derivación II procedente de cuatro sujetos diferentes. Obsérvese cómo varían las alturas, anchuras y formas de sus ondas. Fuente: Base de datos: MIT-BIH. (a) Registro: 108. (b) Registros: 103, 106, 108 y 114.

los niveles de variabilidad así como los niveles de ruido que presenta un ECG dependen de las condiciones en las que se adquiere la señal. Por lo tanto, a la hora de analizar e interpretar un ECG, es necesario conocer las características del escenario en el que ha sido adquirido.

En la práctica clínica diaria existen múltiples escenarios en los que se hace uso de pruebas electrocardiográficas, pero algunos de ellos carecen de interés en el contexto de la presente tesis, ya que su uso se limita a la adquisición de fragmentos de señal de duración muy limitada (menor de 1 minuto). Desde la perspectiva del procesamiento automático del ECG, los escenarios que presentan mayor interés son aquellos donde el registro de señal tienen una duración prolongada y cuyo análisis e interpretación por parte del personal responsable tiene un coste temporal elevado. A continuación describiremos los principales escenarios de interés.

Adquisición en UCI

En las “Unidades de Cuidados Intensivos” (UCI) se realiza el seguimiento de pacientes que necesitan vigilancia permanente; entre las medidas empleadas para ello suele incluirse la adquisición continua de ECG mediante monitores de cabecera que pueden proporcionar las 12 derivaciones estándar. En este escenario, los pacientes se encuentran inmovilizados o con sus movimientos restringidos, por lo que la contaminación por ruido debido a movimientos corporales es reducida. Además, aunque los entornos de UCI se caracterizan por la presencia de numerosa instrumentación, al estar específicamente diseñada para dichos entornos, no suele presentarse ruido por acople de señales externas. Por último, también hay que tener en cuenta que la colocación y supervisión de los electrodos es realizada por el personal de la unidad, que se encarga de su revisión y reemplazo periódicos. Por todo ello, en este escenario la relación señal-ruido suele ser óptima salvo en los momentos en los que se manipula al paciente, y en caso de no serlo, se interviene de forma inmediata para corregirlo.

Adquisición hospitalaria

Para el seguimiento de la evolución de pacientes ingresados en un centro hospitalario, ya sea por presentar ciertas patologías o tras una intervención quirúrgica, puede estar indicada la adquisición de la señal de ECG de forma continua. En estos casos, se emplean dispositivos de adquisición portátiles y el sujeto tiene libertad de movimiento, pero restringida a una habitación o planta del hospital. La señal adquirida en este escenario se encuentra contaminada por ruido de origen muscular de mayor amplitud y duración que en las UCI, empeorando su relación señal-ruido. En todo caso, la colocación y supervisión de los electrodos todavía recae en el personal clínico, por lo que no debería producirse apenas ruido debido a la degradación o mala colocación de éstos.

Adquisición ambulatoria

El escenario de adquisición ambulatoria se caracteriza por proporcionar registros electrocardiográficos obtenidos mediante pequeños dispositivos portátiles mientras el sujeto desarrolla su actividad diaria de forma normal, bien sea desplazándose únicamente por el interior de su domicilio (adquisición domiciliaria) o bien disponiendo de libertad total de movimientos (adquisición ubicua). Suele emplearse para el diagnóstico de patologías cardíacas que presen-

tan síntomas intermitentes o para el seguimiento de la evolución de un paciente que presenta una patología crónica o tras una intervención.

El hecho de que la adquisición del ECG se realice durante la actividad normal del sujeto afecta no solo al nivel de ruido contenido en la señal, que es especialmente elevado y con múltiples manifestaciones (deriva de línea base, interferencia de la red eléctrica o actividad electromiográfica) en comparación con el de registros en reposo o de monitorización hospitalaria, sino también a la evolución de la morfología proyectada por un patrón de activación cardíaca dado. Al tratarse de registros de larga duración, la señal capturada refleja la actividad cardíaca en una gran variedad de situaciones, con diferentes posturas (sentado, andando, de pie, acostado) y grados de actividad, pudiendo incluso apreciarse los efectos de ciclos circadianos completos. Por ello, existirá una mayor evolución de las morfologías respecto a la que se aprecia en registros más cortos. La duración del periodo de monitorización también afecta al número de morfologías que es probable encontrar. Por ejemplo, en caso de existir alguna disfunción cardíaca intermitente, el número de morfologías aumentará, aunque su distribución temporal no sea uniforme.

Las diversas fuentes de ruido se ven potenciadas por la libertad de acción del sujeto durante su seguimiento: el ruido debido al acople de señales externas aumenta su presencia al ser más probable que el sujeto se encuentre con dispositivos en su entorno que generen interferencias; además, en este escenario, es habitual que los electrodos no se reemplacen durante el periodo de adquisición, provocando que el efecto de la degradación de la interfaz electrodo-piel resulte relevante debido a la duración de los registros; o en caso de reemplazarse, que el responsable sea el propio sujeto, lo cual aumenta la probabilidad de colocación incorrecta, que da lugar a registros con derivaciones que presentan relación señal-ruido muy baja.

El alto nivel de ruido de los registros ambulatorios dificulta la observación de las ondas asociadas a la actividad eléctrica del latido, especialmente la onda P correspondiente a la actividad auricular, ya que debido a su baja amplitud suele encontrarse oculta por el ruido. Por este motivo, la señal de ECG obtenida en un escenario ambulatorio presenta mayores dificultades para su interpretación y supone un mayor desafío para el análisis automático.

1.3. Arritmias cardíacas

Se define una arritmia cardíaca como una alteración del ritmo cardíaco normal. Esta alteración puede ser debida a cambios en la frecuencia, la regularidad o el punto de origen del

latido; o también a distorsiones en la ruta de conducción del impulso eléctrico que modifican la secuencia normal de activación de las aurículas y los ventrículos. Una arritmia no siempre es indicativa de una patología, depende de la causa que la origine. Existen procesos fisiológicos, como la propia respiración, que pueden inducir arritmias que no implican ningún funcionamiento anómalo del corazón. A continuación analizaremos las causas de los principales tipos de arritmias y cuáles son las manifestaciones en la señal de ECG que permiten su detección.

1.3.1. Clasificación de arritmias

Las arritmias se clasifican en función de diferentes parámetros que proporcionan información sobre la ubicación, causa y efecto del trastorno subyacente. Si tenemos en cuenta el origen del latido, las arritmias se clasifican en *supraventriculares*, si tienen su origen en el nodo sinusal, la aurícula o el nodo A-V, y *ventriculares*, si tienen su origen en los ventrículos. Las primeras revisten, por lo general, menor gravedad ya que se conserva intacta la función de bombeo ventricular. Atendiendo a su duración, se clasifican en *paroxísticas*, si comienzan y terminan de forma brusca y con duración limitada; *incesantes*, si se reproducen de forma continua en intervalos intermitentes; o *permanentes*, si están presentes de forma continua.

Atendiendo a la frecuencia cardíaca que presenta, podemos clasificar las arritmias en arritmias activas o taquicardias y pasivas o bradicardias. Las primeras son aquellas causadas por la formación de impulsos anticipados y se caracterizan por un aumento de la frecuencia cardíaca. Las segundas son las debidas a la inhibición de las propiedades de automatismo, excitabilidad o conducción; en este caso, la formación y/o conducción del estímulo eléctrico se produce con una frecuencia inferior a la normal, debido a una disminución del automatismo del nodo sinusal, o de la velocidad de conducción en la aurícula, nodo A-V o en la parte del sistema de conducción presente en los ventrículos.

Por último, teniendo en cuenta la causa de la alteración del mecanismo de generación del latido podemos clasificar las arritmias en dos grupos principales: trastornos en la generación del impulso y trastornos de la conducción. Cada grupo, a su vez, se subdivide en diferentes subgrupos que delimitan con más precisión el mecanismo causante.

Trastornos en la generación del impulso

Se incluyen en este grupo las arritmias que tienen su origen en una modificación del punto de activación del latido. Dicha modificación puede tener dos causas principales: una alteración del automatismo o una actividad eléctrica inducida.

- *Alteración del automatismo*: la activación de los latidos en condiciones normales se produce en el nodo sinusal a una frecuencia que se encuentra dentro del rango que se considera normal (60-100 lat./min.). El nodo sinusal se mantiene como responsable de la activación del latido debido a que la frecuencia de su automatismo es superior a la del resto de regiones del sistema de conducción que poseen dicha capacidad y que actúan como marcapasos latentes. Si por algún motivo se invierte la relación de orden entre la frecuencia intrínseca del nodo sinusal y la de alguna de estas otras regiones, se producirá una migración del marcapasos. Esta migración puede ser debida a una disminución del automatismo del nodo sinusal o a un aumento del automatismo en puntos externos al nodo sinusal.

Cuando el nodo sinusal no funciona correctamente o ve reducida su frecuencia de activación, se genera un retardo en la activación del impulso que permite que otra región pueda adoptar la función de marcapasos si su frecuencia intrínseca es suficientemente alta. Si este cambio es puntual se habla de latido de escape, y si es prolongado se habla de ritmo de escape. En estos casos, la frecuencia cardíaca se sitúa por debajo de sus valores normales y, por lo tanto, estamos ante una bradicardia.

Aunque el nodo sinusal mantenga su función, también puede producirse un aumento del automatismo en otras regiones del sistema de conducción dando lugar a una frecuencia de activación superior a la del nodo sinusal, o incluso, la aparición de focos anormales de automatismo en células musculares cardíacas debido a disfunciones en los mecanismos que regulan sus potenciales de membrana. En esta situación se produce una despolarización prematura en la correspondiente región de las aurículas o ventrículos, dando lugar a lo que se denomina latido prematuro. Dependiendo de la duración de esta situación, se producirán latidos prematuros aislados o ritmos sostenidos que se encuadran dentro de las taquicardias.

Por último, también es posible que, aún manteniéndose la activación dentro del nodo sinusal, éste vea modificada su frecuencia intrínseca sin que otra región asuma la función de marcapasos, dando lugar a bradicardias o taquicardias de origen sinusal.

- *Actividad eléctrica inducida*: la presencia de ciertos tipos de anomalías en los mecanismos que regulan el potencial de membrana puede provocar la aparición de oscilaciones en dicho potencial tras la ocurrencia de un potencial de acción previo, dando lugar a la aparición de un nuevo potencial de acción. Este nuevo potencial podría desencadenar

un nuevo impulso eléctrico y, en consecuencia, un nuevo latido. Esta disfunción puede aparecer en cualquier región del corazón, dando lugar a una arritmia que presenta uno o más latidos prematuros. La principal diferencia respecto a las arritmias causadas por un aumento del automatismo reside en la necesidad de un impulso eléctrico previo que la desencadene, motivo por el que se denomina inducida.

Trastornos de conducción

La segunda causa posible de arritmias es la aparición de fallos en el mecanismo de propagación del impulso eléctrico. Éstos pueden deberse a bloqueos en algún punto del sistema de conducción (ya sean parciales o totales) o a la aparición de nuevas vías de conducción ajenas a éste. En ambos casos, el patrón temporal de propagación del latido se ve afectado.

- *Bloqueo en el sistema de conducción:* cuando existe alguna anomalía en el sistema de conducción, puede producirse un bloqueo, parcial o total, de la transmisión del impulso eléctrico, alterándose el patrón habitual de propagación del frente de onda. Este bloqueo puede ser parcial, en cuyo caso provocará un retardo en la propagación en dicho punto; o total, en cuyo caso el impulso no podrá propagarse por la vía normal y deberá encontrar un camino alternativo para alcanzar el resto del tejido pendiente de despolarizar.

Los bloqueos pueden producirse en cualquiera de las estructuras del sistema de conducción y sus efectos dependen tanto del grado como de su ubicación concreta. Los bloqueos parciales generan retardos en la conducción, que en el caso del nodo A-V se traducen en un distanciamiento de la despolarización auricular y ventricular. En el caso del haz de His o las fibras de Purkinje, suponen una alteración del patrón de despolarización de los ventrículos. Cuando el bloqueo es completo, surge un nuevo patrón de despolarización. En el caso del nodo A-V, se genera una disociación A-V que obliga a la activación de dos marcapasos independientes para aurículas y ventrículos, de modo que la actividad de ambos deja de estar coordinada, pudiendo solaparse. Si el bloqueo se encuentra en una de las ramas del haz de His, hablamos de bloqueo de rama derecha o izquierda; en el caso de esta última, si solo afecta a una subrama, se denomina hemibloqueo anterior o posterior en función de la subrama afectada.

- *Circuitos de reentrada:* dentro de este grupo se incluyen las arritmias causadas por la presencia de haces anómalos en el tejido cardíaco que permiten la conducción del impulso eléctrico por vías inesperadas. Estos pueden encontrarse dentro de las aurículas,

dando lugar a la recirculación del impulso eléctrico en éstas; o entre las aurículas y los ventrículos, dando lugar a puentes auriculo-ventriculares que permiten la propagación entre ambos por una vía diferente al nodo A-V. Esta alteración modifica el patrón temporal de propagación en los ventrículos, afectando a la contracción sincronizada del músculo y, en consecuencia, a la función de bombeo.

Caba mencionar que las categorías que la clasificación anterior establece para las arritmias en función de la causa subyacente no son mutuamente excluyentes, es decir, un sujeto puede presentar una arritmia con características de diferentes grupos; por ejemplo, si coexisten anomalías tanto en la generación como en la conducción del impulso.

1.3.2. Efectos sobre el ECG

La existencia de una arritmia implica la alteración del patrón de activación y propagación del impulso eléctrico en el corazón y, en consecuencia, de su manifestación en el ECG. Los efectos observados dependen del tipo de arritmia concreta; si solamente se ve afectado el ritmo de activación sinusal, únicamente se observarán cambios en la frecuencia de los latidos, pero si tiene su origen en un cambio de ubicación del marcapasos o de la ruta de propagación, se observará una variación de la morfología en la señal y, en algunos casos, también en la frecuencia de los latidos.

Efecto de las arritmias supraventriculares

Para analizar los efectos sobre el ECG, abordaremos en primer lugar las arritmias con origen supraventriculares, ya que éstas no afectan al patrón de actividad ventricular, y su efecto se limita a la distancia temporal entre latidos y a las características de la onda P. En la figura 1.16 se muestra un conjunto de señales de ECG que ilustran las principales arritmias de origen auricular. En las dos primeras subfiguras, (a) y (b), pueden observarse arritmias que presentan una variación en la frecuencia normal de activación de los latidos, pero manteniendo su origen en el nodo sinusal. En ambos casos se mantiene la estructura de las ondas del latido (puede observarse la onda P, el complejo QRS y la onda T). A continuación, los siguientes cuatro ejemplos muestran arritmias causadas por alteraciones en el punto de activación. En (c) puede observarse un latido auricular prematuro aislado. En este tipo de latidos, el intervalo temporal con el latido previo es anormalmente corto y la onda P no se aprecia, bien por no existir o bien encontrarse oculta en la onda T del latido precedente. La propagación del

latido en los ventrículos sigue la ruta normal, por lo que la forma del complejo QRS y la onda T son la mismas que en un latido normal. En (d) se muestra un latido nodal de escape, caracterizado por la ausencia de la onda P previa al complejo QRS. Nuevamente, la conducción del impulso en los ventrículos sigue su curso normal, por lo que el complejo QRS y la onda T conservan su forma. En (e) se muestra un segmento de ECG con varios latidos prematuros con conducción aberrante. En este caso, se producen activaciones adelantadas en la aurícula sin tiempo suficiente para que el ventrículo se haya repolarizado completamente, dando lugar a cambios en la ruta de propagación del impulso y, en consecuencia, en la forma del complejo QRS. Por ultimo, en (f) se muestra una taquicardia con origen en el nodo A-V. En ella, los latidos no presentan onda P y sus complejos QRS y las ondas T mantienen la forma normal.

Los últimos tres ejemplos contienen arritmias causadas por anomalías en la conducción del impulso en las aurículas o el nodo A-V. El primero de ellos, en la subfigura (g), muestra un bloqueo del nodo A-V intermitente en el que solo uno de cada dos latidos se propaga a los ventrículos. Obsérvese la presencia de ondas P sin complejo QRS posterior. La consecuencia es una frecuencia de bombeo igual a la mitad de la frecuencia de activación auricular. El segundo ejemplo, en (h), se corresponde con una arritmia denominada fibrilación auricular y que se caracteriza por ciclos caóticos de despolarización de las aurículas. Existen múltiples causas posibles para la fibrilación auricular, siendo una de ellas la existencia de microreentradas que permiten mantener la recirculación continua del impulso en las aurículas. La consecuencia es un ritmo de activación ventricular caótico, ya que las activaciones auriculares se propagarán de forma impredecible a los ventrículos. La ruta de propagación en éstos es normal, por lo que se conserva la morfología del complejo QRS y la onda T. Por último, en (i) se muestra un ejemplo de arritmia denominada flutter auricular, causada por una reentrada del impulso cardíaco en las aurículas. Esta reentrada provoca una reactivación auricular continua caracterizada por un ritmo estable y muy elevado (250 a 400 veces por minuto). La activación ventricular está regulada por la duración del periodo refractario del nodo A-V, que reduce considerablemente la frecuencia de bombeo respecto a la frecuencia de activación auricular. La conducción del impulso en los ventrículos es normal, dando lugar a que se mantenga la morfología del complejo QRS y la onda T.

Efecto de las arritmias ventriculares

Podemos afirmar que las arritmias de origen supraventricular se manifiestan en el ECG alterando la onda P, el ritmo o la relación entre el número de ondas P y el de complejos QRS.

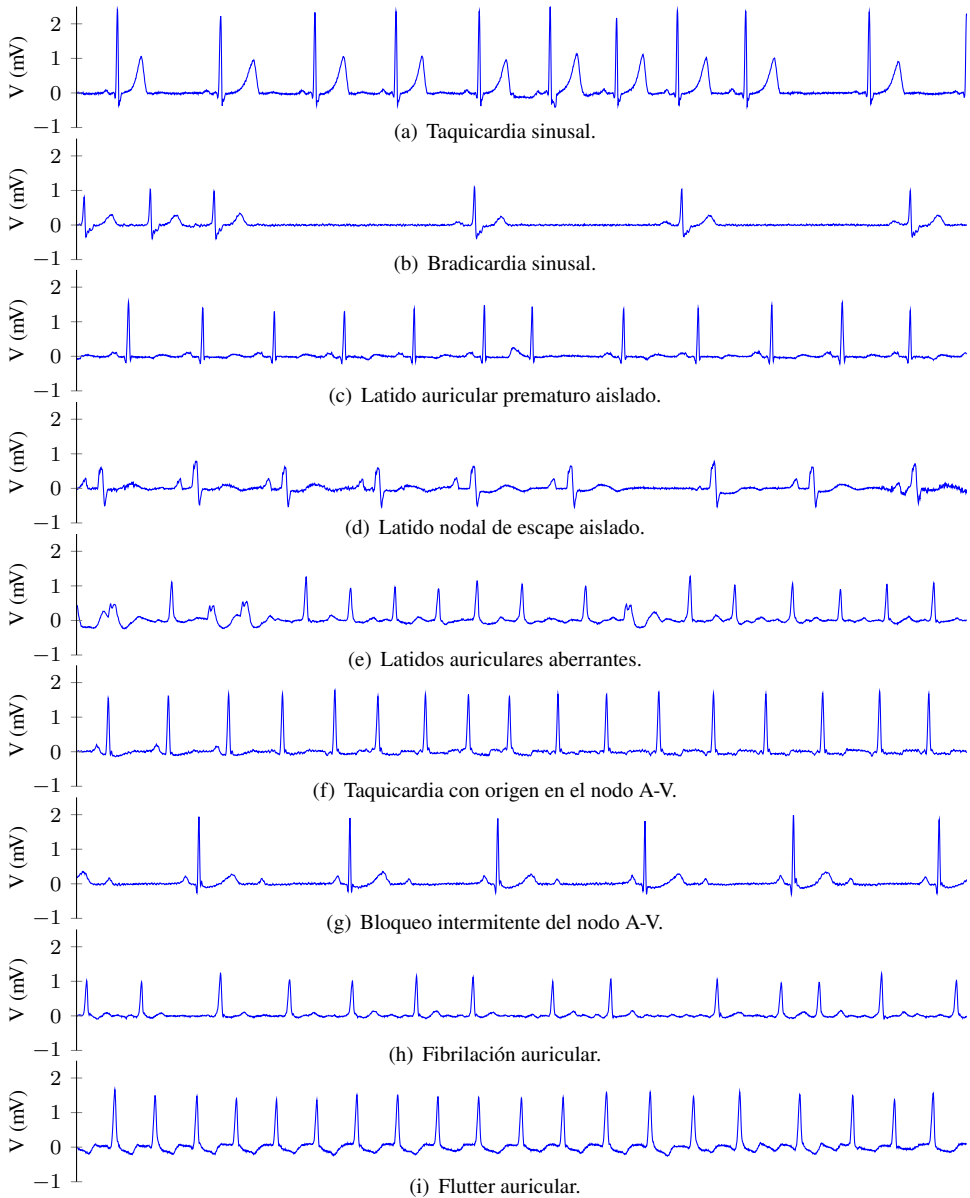


Figura 1.16: Ejemplos de arritmias con origen auricular.

En contraposición, aquellas arritmias con origen ventricular o causadas por alteraciones en los ventrículos presentan una ruta de conducción ventricular modificada y, por lo tanto, la morfología de los complejos QRS y de la onda T se ve alterada. A continuación analizaremos la manifestación en el ECG de las principales arritmias cuya causa se sitúa en los ventrículos.

En la figura 1.17 se muestra un conjunto de segmentos de ECG que ilustran los efectos de las principales arritmias con origen o trastornos de conducción ventricular. En los dos primeros, (a) y (b), se observan, respectivamente, latidos con bloqueo de rama izquierda y derecha del haz de His. En este tipo de arritmias, la activación y conducción auricular es normal, pero la propagación en los ventrículos se altera, al no propagarse correctamente por una de las ramas del haz de His. Como consecuencia, el impulso eléctrico tarda más en alcanzar algunas zonas, dando lugar a complejos QRS más anchos y distorsionados. En la derivación mostrada, la onda T también sufre cambios, invirtiendo su polaridad (deflexión negativa) respecto a la de un latido normal. Los ejemplos (c), (d) y (e) contienen latidos con origen de activación ventricular; en el primer caso, se trata de un latido ventricular prematuro aislado; en el segundo, los latidos normales se alternan con latidos de origen ventricular formando una secuencia de pares que se denomina bigeminismo; y en el tercero, se observan secuencias formadas por dos latidos ventriculares denominadas dobletes. Obsérvese cómo los latidos ventriculares presentan una manifestación completamente diferente, con complejos QRS y ondas T más anchas. La morfología que presentan los latidos de origen ventricular depende del punto del ventrículo en el que se originan; en el caso que se muestra en la subfigura (e) existen dos focos diferentes de activación ventricular que generan complejos QRS claramente diferentes y ondas T con polaridades opuestas. En la subfigura (f) se muestra un caso de ritmo ventricular cuya frecuencia cardíaca se encuentra dentro de los límites de normalidad, donde la función de marcapasos la ha asumido un foco ventricular. Nuevamente, puede apreciarse la ausencia de onda P, y la presencia de complejos QRS y ondas T anchas. Por último, se muestran tres ejemplos de arritmias con activación ventricular y frecuencias cardíacas elevadas. La subfigura (g) contiene una secuencia de latidos ventriculares a una frecuencia elevada denominada taquicardia ventricular. La frecuencia es tan elevada que no existe separación temporal entre los latidos; el final de las ondas T enlaza directamente con el siguiente complejo QRS. Los segmentos de (h) e (i) se corresponden con las arritmias denominadas fibrilación y flutter ventricular. Sus causas son similares a sus equivalentes auriculares: problemas en la propagación del impulso que dan lugar a reactivaciones continuas del impulso cardíaco, en este caso en los ventrículos. La consecuencia de estas arritmias en

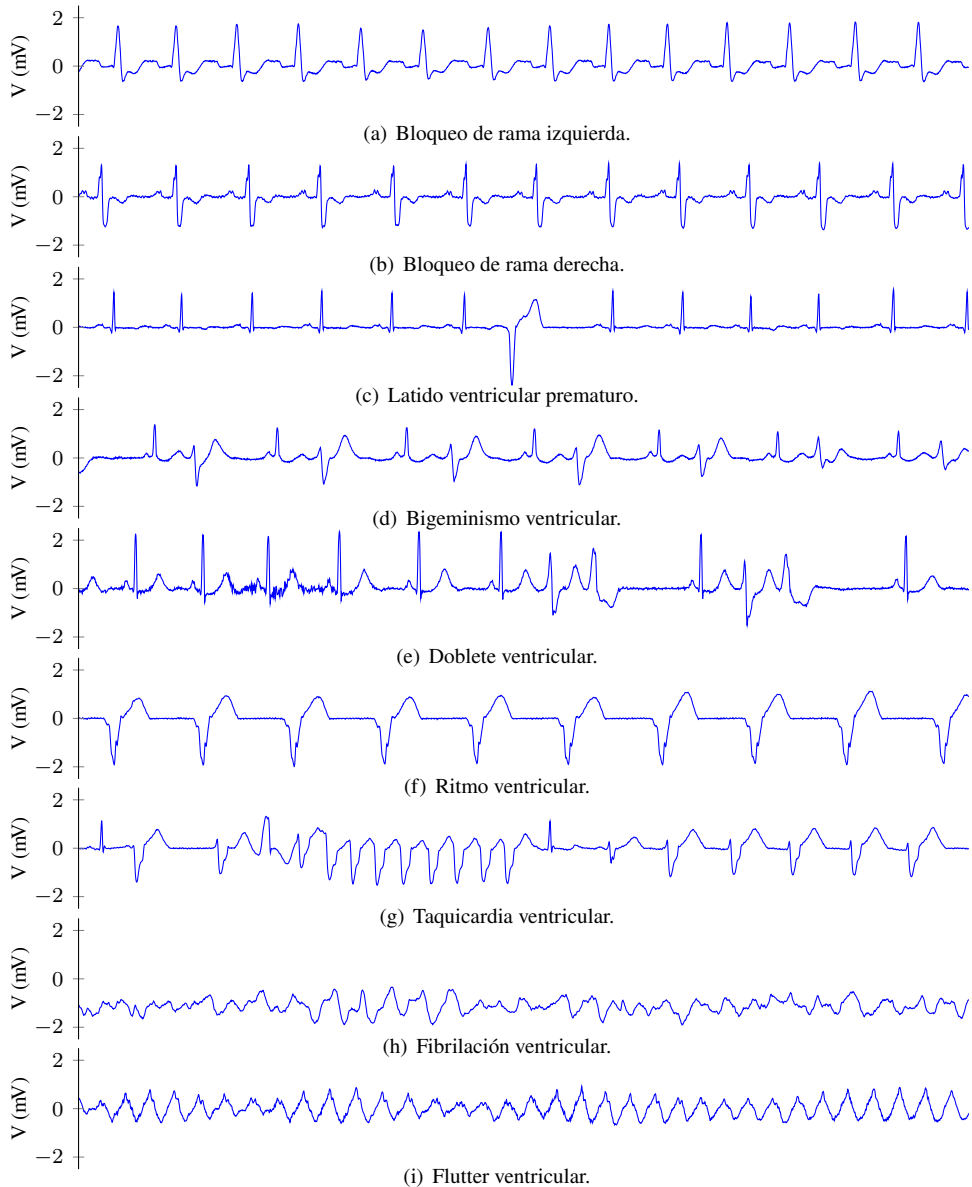


Figura 1.17: Ejemplos de arritmias con causa ventricular.

el ECG es la aparición de una señal oscilante, caótica en el primer caso, y más regular en el segundo, en la que no es posible identificar ningún complejo QRS ni ondas P o T. Estas dos arritmias conllevan una pérdida completa de la función de bombeo del corazón, por lo que son de máxima gravedad y requieren una intervención inmediata para evitar la muerte del sujeto.

1.4. Agrupamiento de latidos

Actualmente la detección de arritmias es uno de los problemas abiertos en el campo del procesamiento automático de ECG. Para abordarlo, en la bibliografía se han planteado diversas propuestas que comparten una base común: la necesidad de identificar los diferentes patrones morfológicos y de ritmo presentes en el ECG. Dicha identificación requiere la capacidad de discriminar si dos latidos comparten o no un mismo patrón de activación y propagación.

En las soluciones propuestas en la bibliografía, pueden diferenciarse dos grupos: aquellas que proporcionan una clasificación de cada latido dentro de un conjunto de patrones estándar predeterminado y aquellas que asocian cada latido a un patrón de un conjunto que obtienen a partir del propio registro de ECG.

La clasificación de latidos tiene por objetivo asignar a cada latido de un ECG una etiqueta identificando su naturaleza fisiológica. Para esta tarea se han aplicado diversas técnicas de aprendizaje automático supervisado que estiman los mecanismos subyacentes que generan los datos de un conjunto de entrenamiento [7, 9, 14, 36, 37, 39, 40, 44, 51, 54, 55, 56, 61, 69, 71, 72, 82, 85, 96, 108, 112]. El principal inconveniente de esta aproximación es su fuerte dependencia con la diversidad de patrones presentes en el conjunto de entrenamiento. De hecho, debido a la gran variabilidad inter-paciente, a la que afectan diversos factores como edad, sexo, raza, constitución física (altura, peso), estado de forma física, posición cardíaca [58], no se puede asumir que un clasificador entrenado con datos de un gran conjunto de pacientes producirá resultados válidos en un nuevo paciente [13, 51, 56], y las diferencias intra-paciente muestran que incluso no se puede asumir para un mismo paciente a lo largo del tiempo. Además, las etiquetas de clase empleadas solo proporcionan información genérica sobre el origen de los latidos en el tejido cardíaco, perdiendo toda la información sobre su ruta de conducción. Por lo tanto, esta aproximación no diferencia las múltiples familias morfológicas asociadas a una determinada clase, como ocurre en las arritmias multifocales (aquellas que presentan múltiples focos de activación alternativos).

En contraposición, el agrupamiento de latidos pretende dividir el registro de ECG en un conjunto de grupos de latidos, donde a cada grupo se le asignan aquellos que poseen cierta similitud en sus propiedades. El objetivo del agrupamiento es identificar aquellos latidos que comparten una misma zona de activación y un mismo patrón de propagación a través del tejido cardíaco. Esta información facilita la detección de arritmias, ya sea de forma automática o de forma manual mediante su análisis por parte del personal responsable, como puede observarse en el creciente interés en el uso de los resultados de este tipo de técnicas como apoyo a la tarea de clasificación automática [48, 49, 54, 96, 102, 107, 109].

Las soluciones que plantean una estrategia de agrupamiento siguen el esquema tradicional de un procedimiento no supervisado con tres fases: preprocesado, caracterización y agrupamiento. La fase de preprocesado abarca las tareas de acondicionamiento de la señal de ECG, dirigida a eliminar o reducir el ruido presente en la señal, y la detección de latidos. En la segunda fase, se define el conjunto de parámetros que representan cada latido y que serán empleados en la tercera fase para asignarlo a un determinado grupo.

1.4.1. Caracterización del latido

Desde la perspectiva del análisis de patrones, los latidos de un individuo observados durante un intervalo de tiempo constituyen la población de estudio, en la que se dispone, para cada ejemplar, de su manifestación en cada una de las derivaciones adquiridas en el ECG. El agrupamiento de latidos suelen requerir un conjunto de medidas representativas para cada latido diferentes de la propia señal, ya que resulta computacionalmente muy costoso por contener un número de dimensiones muy elevado; por ello, cualquier propuesta de agrupamiento se enfrenta al desafío de obtener un conjunto de características representativo de la ruta de activación/propagación del latido que a su vez permita abstraer aquellos cambios que son inherentes a la variabilidad intrínseca del propio proceso.

En la bibliografía puede hallarse una gran variedad de propuestas para la representación de los latidos que pueden agruparse en cuatro categorías:

- *Características morfológicas*: son aquellas que emplean directamente el valor de la amplitud de la señal en un conjunto de instantes del ciclo cardíaco [13, 18, 48, 51]. Los instantes temporales se definen tomando como referencia la marca fiducial del latido, que es su posición temporal dentro del registro de ECG y que suele situarse en la onda R del complejo QRS; su número varía en las diferentes propuestas, pero en todas ellas

se distribuyen a lo largo de uno o más intervalos que contienen el complejo QRS, la onda T y, en algún caso, la onda P.

Estas características presentan una baja inmunidad al ruido, ya que los puntos de muestreo seleccionados pueden verse afectados por artefactos presentes en la señal. Además, presentan una fuerte dependencia con la estabilidad de la marca fiducial; un criterio de selección que permita fluctuar su ubicación relativa dentro del complejo QRS afecta de forma notable a la ubicación de los puntos de muestreo dentro de la estructura morfológica del latido. Estos inconvenientes adquieren especial relevancia en el contexto de una señal de ECG ambulatoria, que como ya se ha mencionado, se caracteriza por poseer una baja relación señal/ruido con presencia de episodios de ruido de gran amplitud.

- *Características de segmentación*: se obtienen como resultado del proceso de delineación de cada latido. Mediante el procesamiento de la señal en el intervalo temporal asociado a cada ciclo cardíaco, se delimitan las diferentes ondas constituyentes del latido en cada derivación de ECG, determinando los puntos de inicio y fin, la altura, anchura y área de cada una de ellas. De este modo se obtiene información sobre la morfología de las diferentes ondas [13, 15, 18, 51]. En algún caso, se emplea un vectorcardiograma, que es una representación de la evolución del vector promedio cardíaco en un espacio de dos o tres dimensiones obtenido a partir de la combinación de múltiples derivaciones; cada ciclo cardíaco genera una curva en el vectorcardiograma de la que pueden extraerse medidas de amplitud y ángulos que combinan la información morfológica de múltiples derivaciones [15, 56].

Estas características no presentan dependencia con la marca fiducial del latido pero, al igual que las morfológicas, siguen siendo muy sensibles al ruido. Para lograr una buena delineación del latido, la señal debe presentar una relación señal-ruido muy alta, ya que, en caso contrario, los puntos de inicio y fin de las diferentes ondas no pueden determinarse de forma precisa, dando lugar a que las características morfológicas de duración y amplitud de las ondas constituyentes del latido resulten poco fiables.

- *Características estadísticas*: en algunos trabajos se ha propuesto el uso de parámetros estadísticos derivados de la interpretación de la señal de ECG como una realización de un conjunto de variables aleatorias. En concreto, en [72], [71] y [51] plantean el uso de un conjunto de valores obtenidos de las funciones que definen los cumulantes de orden superior (2º, 3º y 4º cumulante) en lugar de las muestras de la propia señal de ECG.

El uso de estos parámetros se basa en su inmunidad a las componentes gaussianas que puedan estar presentes en la señal y su capacidad para describir las características no lineales de la misma.

Las muestras seleccionadas de los cumulantes de orden superior se definen a partir de la posición de la marca fiducial, por lo que presentan los mismos problemas que afectan a las características morfológicas.

- *Características de espacios transformados*: la proyección de la señal de ECG en espacios alternativos mediante diferentes transformadas como la transformada de Karhunen–Loewe [37], la transformada de Hermite [50, 51, 59, 62, 71], la transformada discreta de Fourier [22, 48, 59] o la transformada Wavelet [19, 22, 56, 84], permite caracterizar el latido mediante los valores de sus coeficientes. El objetivo de aplicar transformadas es obtener una representación de la morfología de un latido mediante un número reducido de coeficientes que permitan identificar las diferencias morfológicas que existan entre diferentes latidos a través de los cambios en los valores de dichos coeficientes.

Las diferentes propuestas emplean transformadas con bases de funciones cuya forma se asemeja a la que puede presentar un latido. Estas características permiten una buena representación de la estructura y polaridad de las ondas, pero se ven muy afectadas por la presencia de artefactos, que pueden alterar por completo el conjunto de valores obtenido.

Todas las características mencionadas están dirigidas a representar la morfología del latido, pero no contemplan la información de ritmo, que resulta un elemento diferencial en la mayor parte de las arritmias. Es por ello que todas las propuestas completan su conjunto de características con información adicional sobre el ritmo de los latidos para completar su capacidad descriptiva. Partiendo de la secuencia de intervalos RR , obtenidos como el intervalo temporal entre la marca fiducial de un latido y la del latido previo, se plantean un serie de características para cada latido que incorporan información de su RR , del RR previo y del RR siguiente. La definición de las características también hace uso del valor promedio del RR en un entorno temporal de cada latido, ya sea previo o centrado en éste, o del promedio sobre todo el registro de señal. Con ello se obtiene información sobre su prematuridad o retardo.

1.5. Trabajos previos

En la bibliografía existen múltiples trabajos sobre agrupamiento de latidos en la señal de ECG. En ellos distinguimos dos aproximaciones: la primera se centra en el procesamiento de registros completos de señal una vez que ha concluido su adquisición (aproximación estática o en diferido), mientras que la segunda plantea el procesamiento en línea de la señal para obtener un agrupamiento evolutivo de la secuencia de latidos (aproximación dinámica). A continuación analizaremos las contribuciones más relevantes en cada una de las aproximaciones.

1.5.1. Aproximación estática

Comenzaremos analizando el trabajo de Maier y col. [59] por ser el más antiguo entre los que consideramos relevantes y por aplicar ciertos criterios de validación que, a nuestro juicio, constituyen la base para la obtención de resultados comparables en trabajos posteriores. En él se propone el uso de dos técnicas: la primera basada en agrupamiento jerárquico aglomerativo y la segunda en una combinación de agrupamiento secuencial y aglomerativo. Ambas técnicas se aplican sobre tres representaciones alternativas de los latidos: transformada coseno discreta, de Fourier y de Hermite sobre una ventana de señal de 355ms centrada en la marca fiducial de cada latido. La validación se realiza sobre la totalidad de los 48 registros de la base de datos de acceso libre *MIT-BIH Arrhythmia Database* empleando las marcas y etiquetas de clasificación de latido incluidas en las anotaciones de cada registro, facilitando de este modo la reproducibilidad de las condiciones de validación. Para determinar la pureza de cada grupo, se atiende a la etiqueta de clase mayoritaria, considerando asignación errónea la de todo latido incluido en el mismo grupo y que no comparta dicha etiqueta. Los resultados de la validación cuentan con dos variantes en función de la clasificación de latidos empleada: la primera contempla las 16 clases incluidas en la base de datos, y la segunda, las 5 clases recomendadas por la *Association for the Advancement of Medical Instrumentation (AAMI)* en su estándar *Testing and reporting performance results of cardiac rhythm and ST segment measurement algorithms* [3]. A pesar de todos los criterios aplicados en el proceso de validación, el trabajo presenta un grave inconveniente a la hora de comparar sus resultados, ya que no incluye información cuantitativa precisa y detallada, sino únicamente representaciones gráficas del porcentaje de latidos agrupados en función del porcentaje de error de agrupamiento y del porcentaje de registros en función del número de grupos generados.

En [19], Cuesta-Frau y col. proponen el uso de cuatro modelos de caracterización alternativos para los complejos QRS: morfológica, transformada Wavelet, segmentación de trazos y aproximación poligonal. A cada uno de ellos se les aplican dos técnicas de agrupamiento con número de grupos prefijado: Max-Min y K-medianas, realizando una validación sobre 27 registros de la *MIT-BIH Arrhythmia Database* y empleando las anotaciones de clases proporcionadas por la base de datos. No ofrece resultados cuantitativos, sino representaciones gráficas del error obtenido en función del número de grupos generados, dando como mejor resultado un error del 7 %. Cabe destacar que la validación se realiza sobre un único conjunto de latidos que agrupa los latidos de los 27 registros seleccionados, en lugar de aplicar el método sobre cada registro de forma independiente.

En [47], Korürek y col. plantean la aplicación de un método de optimización por colonias de hormigas combinado con una caracterización de latido basada en características de segmentación y de ritmo. El método propuesto se aplica sobre un subconjunto de 8771 latidos de la *MIT-BIH Arrhythmia Database* cuya selección no se especifica, empleando una parte como conjunto de entrenamiento y el resto como conjunto de prueba. Al igual que el caso anterior, combina en un único conjunto latidos procedentes de diferentes registros de la base de datos pero, en este caso, los latidos seleccionados solo pertenecen a 6 de las 16 clases contempladas en la base de datos. Este método genera durante la fase de entrenamiento un conjunto de grupos que emplea durante la fase de prueba para asignar los latidos mediante el algoritmo de K-vecinos más próximos (*K-Nearest Neighbours*, K-NN) y, por ello, carece de la capacidad de detectar correctamente cualquier grupo que no esté representado en el conjunto de entrenamiento.

Rodríguez-Sotelo y col.[83] plantean el uso de dos técnicas de agrupamiento basado en densidad: el agrupamiento por maximización de esperanza gaussiana (*Gaussian Expectation-Maximization Clustering* o GEMC) y un agrupamiento basado en densidad (DBC) no paramétrico mediante el método de Parzen. En ambos casos, la caracterización del latido se define mediante coeficientes de las transformadas Wavelet, Hermite y Fourier, que se completan con características de ritmo y polaridad del complejo QRS. Sobre dicho conjunto se aplica el algoritmo de selección de características $Q-\alpha$ con objeto de reducir la dimensión del espacio de características final sobre el que se aplica el agrupamiento. La validación se realiza sobre 14 registros de la *MIT-BIH Arrhythmia Database* empleando las 5 clases de latido recomendadas por la AAMI. Proporciona resultados de sensibilidad, especificidad y predictividad positiva

para cada registro desglosados por clase, pero no sus valores globales y tampoco hace mención al número de grupos generados por ambos métodos.

Zhu y col.[113] aplican el método de agrupamiento por margen máximo combinado con un algoritmo evolutivo inmune (*Immune evolutionary algorithm*) empleando una caracterización de latido basada en parámetros de segmentación (amplitudes y duraciones de segmentos y ondas del latido) y de ritmo. La validación se realiza sobre un subconjunto de 1682 latidos procedentes de 7 registros de la *MIT-BIH Arrhythmia Database* empleando las 5 clases de latido recomendadas por la AAMI. Los resultados que proporciona incluyen la sensibilidad (90.3%), especificidad (97.4%) y pureza (95.9%) globales y sus valores desglosados por clase.

Balouchestani y col.[4] proponen el uso de la técnica de Descomposición en K Valores Singulares (*K-Singular Value Decomposition*, K-SVD) combinado con K-NN sobre una caracterización morfológica del latido. El método propuesto ejecuta el algoritmo K-SVD sobre el conjunto de latidos de entrada para obtener un diccionario de K latidos representantes de grupo. El resto de latidos se asignarán mediante el algoritmo K-NN empleando dichos representantes como centroides de grupo. La validación se realiza sobre 5 registros de la *MIT-BIH Arrhythmia Database* empleando 4 de las 5 clases recomendadas por la AAMI (descarta la clase Q que incluye los latidos de marcapasos y de fusión entre latido normal y de marcapasos).

Naseri y col.[68] proponen una caracterización geométrica del latido basada en características de segmentación (longitud de los segmentos de señal que atraviesan cada uno de los 8 sectores en que dividen un rectángulo que enmarca el complejo QRS). Sobre esta caracterización aplican un algoritmo particional basado en optimización competitiva imperialista (Imperialist Competitive optimization Algorithm, ICA). Hay que destacar que en este trabajo, al igual que en [59], emplean un detector de latidos propio en lugar de las marcas incluidas en los propios registros, lo que afecta a la comparabilidad de sus resultados. La validación se realiza sobre 5 registros de la *MIT-BIH Arrhythmia Database*, pero no indica ni el conjunto de clases de latido contemplado ni el procedimiento seguido para validar la corrección de los grupos generados.

En [18], Cuesta-Frau y col. proponen un método que combina la técnica de K-medias con agrupamiento aglomerativo. La caracterización del latido incluye características morfológicas extraídas mediante la técnica de muestreo no lineal denominada segmentación de traza, además de información de segmentación (polaridad del latido) y de ritmo. Sobre el conjunto de latidos de entrada se aplica el algoritmo K-medias para obtener una partición inicial con

un máximo de 50 grupos que sirven de punto de partida para la técnica de agrupamiento aglomerativo. El resultado final es un número variable de grupos, menor que el máximo inicial, y que está determinado por valores de umbral que condicionan los criterios de fusión de grupos. El trabajo presenta una validación sobre 32 registros de la *MIT-BIH Arrhythmia Database* centrada en la separación de diferentes pares de clases de latido (normal-ventricular, normal-auricular prematuro, ventricular-auricular prematuro, normal-bloqueo de rama derecha y bloqueo de rama izquierda-ventricular). Los resultados que ofrece incluyen valores de sensibilidad, especificidad, predictividad positiva y precisión desglosadas por registro para cada par de clases procesadas.

Syed y col.[93] proponen un método para el descubrimiento de patrones en señales de ECG de larga duración que incluye una propuesta de agrupamiento basado en un algoritmo Max-Mix aplicado sobre una caracterización morfológica de los latidos. El algoritmo seleccionado genera un número variable de grupos condicionado por un valor de umbral para la similitud entre latidos. Un aspecto relevante de su propuesta es el uso de la técnica de alineamiento no lineal *Dynamic Time Warping* (DTW) para definir el cálculo de dicha similitud. La validación se realiza sobre la totalidad de la *MIT-BIH Arrhythmia Database* teniendo en cuenta únicamente 10 clases de latido. Los resultados muestran una pureza global del 98.63 % y un número de grupos generado por registro muy variable, llegando a superar los 100 grupos en varios de ellos (la mediana se sitúa en 22 grupos por registro).

Wang y col.[103] proponen un método de agrupamiento semi-supervisado mediante un algoritmo de propagación de afinidad (*Affinity Propagation*, AP). Para obtener la caracterización del latido hacen uso del análisis de componentes independientes (*Independent Component Analysis*, ICA) sobre un segmento de señal de cada latido. El método propone dos alternativas para la aplicación del algoritmo de agrupamiento: la primera, no supervisada, procesa la totalidad del conjunto de latidos y genera un conjunto de grupos a partir de ciertas medidas de similitud definidas por el algoritmo; y la segunda, semi-supervisada, ejecuta el algoritmo sobre un conjunto de entrenamiento y establece restricciones modificando las medidas de similitud a partir de las etiquetas de clase con el objetivo de obtener un conjunto de grupos para cada una de las clases presentes. Dicho grupo sirve de partición inicial para la ejecución del algoritmo no supervisado sobre el conjunto de latidos de prueba. La validación se realiza sobre un subconjunto de 11 registros de la *MIT-BIH Arrhythmia Database* empleando todas las anotaciones de clase de latido excepto los latidos de marcapasos y de fusión, tanto de latido marcapasos con latido normal como de latido ventricular con latido normal. Sin embargo, no

se hace mención a la selección del conjunto de entrenamiento, por lo que se desconoce el alcance del posible sobreajuste de algoritmo semi-supervisado. Los resultados que proporciona incluyen valores promedio de sensibilidad y de número de grupos generados para la variante no supervisada (Se = 91.9 %, num. grupos = 4) y supervisada (Se=98.4 %, num. grupos = 19.8) así como sus valores desglosados por registro.

Es importante destacar que los trabajos referenciados hasta el momento adolecen de un problema de validación que dificulta la valoración de su rendimiento y la comparación de sus resultados. A pesar de emplear en la práctica totalidad de ellos como fuente de datos la base de datos de referencia en el ámbito, *MIT-BIH Arrhythmia Database*, algunos de los trabajos se centran en subconjuntos de latidos asociados a clases concretas, descartando el resto de los presentes en el registro [18, 19, 47, 103] o extraen el conjunto de validación de una fracción de los registros contenidos en la base de datos [4, 18, 19, 47, 68, 83, 103, 113]. Además, en algunos casos, únicamente se presentan validaciones meramente cualitativas mediante gráficos [19, 59] lo cual impide cualquier tipo de comparación.

A continuación analizaremos aquellos trabajos cuya validación consideramos completa en el sentido de que emplean la totalidad de los registros y latidos contenidos en la *MIT-BIH Arrhythmia Database* y que tienen en cuenta o bien las clases recomendadas por la AAMI o las incluidas en la propia base de datos para evaluar el rendimiento de sus propuestas.

El trabajo más referenciado en el ámbito del agrupamiento de latidos es el publicado por Lagerholm y col.[50]. En él se plantea un agrupamiento de latidos a partir de la morfología que presenta el complejo QRS en las diferentes derivaciones de la señal de ECG. Para ello define una representación basada en los coeficientes de la transformada de Hermite de cada una de las derivaciones e información sobre el ritmo (distancia temporal al latido previo y siguiente). Para el agrupamiento emplea un mapa autoorganizado (SOM) de dimensión 5×5 , que es una red neuronal de una única capa formada por 25 neuronas que generan un total de 25 grupos para cada registro procesado. Este trabajo presenta por primera vez una validación sobre la *MIT-BIH Arrhythmia Database* completa y teniendo en cuenta la totalidad de las clases de latido recogidas en sus anotaciones (16 clases). Los resultados que presenta indican una puridad global sobre la totalidad de latidos procesados de un 98.49 %. Un aspecto a tener en cuenta en este trabajo es que emplea un detector de latidos propio con una precisión del 99,7 % en lugar de hacer uso de las marcas incluidas en las anotaciones de la base de datos. El porcentaje de latidos no detectados no se ha tenido en cuenta para el cálculo de los resultados de rendimiento.

Wen et al.[104] presentan una variante sobre el trabajo de Lagerholm que propone el uso de una red SOCMAC 5x5 (Self-Organizing Cerebellar Model Articulation Controller) que genera un conjunto de 25 grupos. La caracterización de latido empleada es morfológica, procedente de una única derivación de ECG, combinada con la distancia RR al latido previo. La validación se realiza sobre la *MIT-BIH Arrhythmia Database* completa, teniendo en cuenta las 16 clases de latido presentes en sus anotaciones. La red SOCMAC requiere una fase inicial de aprendizaje, que en este caso se realiza de modo supervisado y de forma independiente para cada registro, empleado un tercio de los latidos de cada clase para la optimización de los parámetros de la red. Los resultados obtenidos presentan una puridad del 98.21 %, inferior a la obtenida por Lagerholm y col.

En [84], Rodríguez Sotelo y col. presentan un método basado en la combinación de dos algoritmos de agrupamiento: J-H-Medias y Maximización de la Esperanza Gaussiana (GEMC). El método propone la aplicación del algoritmo de agrupamiento J-H-medias para la obtención de un conjunto inicial de grupos, estimando su número mediante análisis espectral de medida de afinidad. En una segunda etapa, se aplica GEMC partiendo del conjunto de grupos previo para obtener la partición de grupos final. La caracterización del latido se realiza mediante un conjunto de características previamente definidas en la bibliografía: coeficientes de espacios transformados de Hermite y Wavelet, características de segmentación (ratio entre amplitudes máxima y mínima, medida de disimilitud respecto al QRS promedio, energía del complejo QRS) y ritmo. Sobre dicho conjunto se aplica un método de selección de características ($Q-\alpha$) para obtener la caracterización empleada como entrada para el algoritmo de agrupamiento. La validación se realiza sobre la *MIT-BIH Arrhythmia Database* completa, empleando una única derivación de ECG y las 5 clases de latido recomendadas por la AAMI. El trabajo presenta resultados para dos versiones del método en función del número de iteraciones realizadas durante la selección de características. Los resultados proporcionan valores de sensibilidad y especificidad promedio para cada clase, y un valor de sensibilidad global ($Se=89.84\%$ para la versión con selección de características iterativa y $Se=85.88\%$ para la versión con una sola iteración).

Plesinger y col.[75] presentan una propuesta de agrupamiento secuencial multicanal que emplea un algoritmo aglomerativo. Partiendo de una caracterización morfológica del latido, procesa de forma secuencial los latidos de un registro comparándolos con los grupos existentes representados mediante un centroide obtenido como el promedio de todos sus miembros. La métrica empleada para la comparación es la correlación de Pearson. El primer latido procesado

constituye el primer grupo; los sucesivos son asignados a un grupo existente o constituyen uno nuevo en función de un valor umbral predefinido. La validación se realiza sobre la *MIT-BIH Arrhythmia Database* excluyendo su último registro y teniendo en cuenta las 16 clases de latido contenidas en la base de datos. Los resultados incluyen los valores de pureza y número de grupos desglosados por registro y un valor de pureza global del 96,69 %.

Marquez y col.[62] proponen un método de agrupamiento multicanal basado en acumulación de evidencia que hace uso de una combinación (*ensemble*) de agrupadores. Para generar las particiones de entrada al *ensemble* se emplea el algoritmo K-medias ejecutado con diferentes parámetros iniciales. El conjunto final de grupos se obtiene mediante la aplicación de un algoritmo de agrupamiento jerárquico aglomerativo sobre una matriz de evidencia generada a partir de las particiones de entrada al *ensemble*. La caracterización de latido empleada está formada por coeficientes de la transformada de Hermite aplicada sobre el complejo QRS, combinados con varios parámetros con información de ritmo. La validación se realiza sobre la *MIT-BIH Arrhythmia Database* completa teniendo en cuenta las 16 clases de latido contenidas en la base de datos. En la etapa inicial se generan 300 particiones sobre las que se aplican dos estrategias para la generación de conjunto de grupos final: la primera establece un número fijo de 25 clusters y la segunda sin limitación de grupos. Los resultados proporcionan un valor de pureza del 98,56 % para la primera estrategia, mientras que la segunda proporciona una pureza del 99,01 % con un número de clusters variable que llega a ser superior a los 2000 grupos en dos de los registros.

De las propuestas con validación completa, cuatro presentan métodos basados en una aproximación en diferido, partiendo de un número máximo de grupos establecido a priori [50, 62, 84, 104]. Esta aproximación ha mostrado robustez ante el ruido, pero como efecto colateral, un mismo patrón morfológico suele resultar replicado en múltiples grupos mientras que las morfologías de latido más infrecuentes pueden perderse. También omite los aspectos dinámicos del ECG y, en particular, ignora la evolución temporal de las morfologías. Solo los trabajos más recientes ([62, 75]) incluyen propuestas con un número variable de grupos que emergen del propio algoritmo de agrupamiento, pero ninguno de ellos contempla los efectos de la evolución temporal de las morfologías de latido.

1.5.2. Aproximación dinámica

Algunas de las propuestas vistas en el apartado anterior, como las presentadas en [50, 104], pueden ser aplicadas al procesamiento de ECG en línea, pero no cuentan con capacidad

adaptativa, ya que su periodo de aprendizaje está acotado a un intervalo inicial y no permiten la creación posterior de nuevos grupos.

En la bibliografía apenas existen trabajos orientados al procesamiento dinámico del ECG. Uno de ellos es [48]. En él, Krasteva y col. plantean el uso de un método de agrupamiento semi-supervisado basado en plantillas. Requiere la identificación de 3 plantillas asociadas al latido de normalidad del registro. Mediante una caracterización multimodal: características morfológicas, de segmentación y ritmo, coeficientes de transformada de Fourier y características estadísticas (correlación cruzada), comparan cada latido con las plantillas disponibles para determinar su pertenencia al grupo de normalidad a través de un conjunto de reglas. Un aspecto relevante de este método es la continua actualización de las plantillas para adaptarse a la evolución de la morfología de los latidos que representa. El método está dirigido a la diferenciación de dos tipos de latidos: ventriculares y no ventriculares (donde se agrupan todos los de origen auricular) y su validación se realiza sobre la totalidad de la *MIT-BIH Arrhythmia Database* empleando como fuente de datos para el entrenamiento y ajuste de reglas la *MIT-BIH Supraventricular Arrhythmia Database* [31]. Los resultados obtenidos incluyen los valores de sensibilidad y especificidad para la clase de latidos ventriculares que alcanzan un máximo de 98.37 % y 97.85 %, respectivamente. Al igual que en los trabajos anteriores, el método planteado por Krasteva y col., a pesar de tener en cuenta la evolución temporal de las morfologías de normalidad, no permite la creación de nuevos grupos, por lo que no encaja dentro de nuestra definición de aproximación dinámica.

Otra propuesta que permite el procesamiento en línea aparece en [16]. En ella Chudacek y col. presentan una comparación de diferentes técnicas para la clasificación y agrupamiento de ECG. Entre ellas se incluye una referencia a dos métodos que emplean un árbol de decisión basado en reglas (*Rule Based Decision Tree*, RBDT) y RBDT borroso (Fuzzy-RBDT). La caracterización empleada está basada en características de segmentación (amplitudes, ratios entre amplitudes, anchura de intervalos, polaridad de ondas) y el número de grupos generados está predefinido. Realiza una validación sobre la *MIT-BIH Arrhythmia Database* teniendo en cuenta dos clases (latidos de origen sinusal o latidos ventriculares) obteniendo unos valores de sensibilidad de 96.63 % para el método RBDT y 95.78 % para la versión borrosa. Nuevamente, el método determina un número inicial fijo de grupos, que no puede ser modificado durante su ejecución.

Por último, el único trabajo que puede ser considerado como una aproximación dinámica completa lo presentan Zhang y col. En [111] proponen la aplicación de un algoritmo de

1.6. Una nueva propuesta para el agrupamiento en tiempo real

agrupamiento derivada de Denstream[11] dirigida al descubrimiento de grupos en flujos de datos cambiantes. Para la representación del latido emplean una caracterización morfológica y realizan una validación informal sobre un único registro de la *MIT-BIH Long-Term ECG Database*[29].

1.6. Una nueva propuesta para el agrupamiento en tiempo real

Durante el tiempo de obtención de un registro electrocardiográfico suele observarse un número de rutas de activación cardíaca limitado que pueden variar de forma impredecible en el caso de existir algún tipo de arritmia (especialmente si se trata de arritmias intermitentes). Desde el punto de vista clínico, para facilitar la detección y diagnóstico de cualquier anomalía que esté reflejada en el ECG, interesa agrupar los latidos en función de su pertenencia a cada una de dichas rutas. En ciertos casos, resultaría crucial que dicho agrupamiento se proporcionase en tiempo real ya que permitiría no demorar la detección de eventos críticos facilitando que se proporcione la atención necesaria a tiempo.

En el contexto del procesamiento de ECG, cuando se hace referencia a tiempo real, debe entenderse como tiempo real blando, ya que es suficiente que el procesamiento se realice con un retardo que en promedio está acotado y en cualquier caso es lo suficientemente corto como para que sus resultados sean de utilidad.

Según se ha comentado a lo largo de este capítulo, la morfología que cada ruta de activación cardíaca proyecta sobre las diferentes derivaciones de ECG presenta una gran variabilidad tanto inter-paciente como intra-paciente. Como consecuencia de esta variabilidad, las morfologías sufren una evolución temporal que puede ser incluso cíclica, como en el caso de los cambios asociados al ciclo respiratorio o al ciclo circadiano. Por ello, resulta aconsejable plantear su agrupamiento mediante un tratamiento secuencial de los latidos que preserve su orden temporal, empleando representaciones adaptativas de los diferentes grupos morfológicos y manteniendo una descripción actualizada para cada uno de ellos. De este modo, cada latido podrá agruparse teniendo en cuenta su contexto temporal.

En esta tesis se presenta un método de agrupamiento de latidos en tiempo real de carácter adaptativo, de aplicación potencial no solo como un paso previo para la clasificación, sino también como resumen de aquellas morfologías de latido presentes en un determinado periodo de tiempo, su evolución temporal y variabilidad, o incluso para detectar la presencia de morfologías alternantes. El método que se propone emula el comportamiento de los expertos

en cuanto que explota el contexto temporal para asignar cada nuevo latido al grupo más apropiado. Para este fin, los grupos se adaptan continuamente a la evolución temporal de las morfologías de latido, y se pueden crear, fusionar o modificar de forma dinámica, dando lugar a un número variable de grupos.

A la hora de plantear un algoritmo de agrupamiento de latidos deben tenerse en cuenta las características de las señales que va a procesar. En el caso de los escenarios de aplicación previstos, los principales aspectos que se contemplan en esta tesis son las condiciones de ruido que puede presentar la señal, la variabilidad y evolución temporal de la morfología de los latidos (p.e. debida por el incremento del ruido causado por los electrodos) y la indeterminación en el número de morfologías de latidos que pueden presentarse a lo largo de un determinado intervalo de tiempo.

En resumen, partiendo del contexto de aplicación y sus condicionantes, podemos caracterizar el algoritmo de agrupamiento deseado con el siguiente conjunto de propiedades:

- secuencial: el procesamiento de los latidos debe realizarse de forma secuencial y en orden temporal, ya que teniendo en cuenta la evolución temporal que pueden sufrir las morfologías de los latidos, los resultados del agrupamiento dependerán del orden en que se presenten los latidos.
- adaptativo: tanto en el número de grupos como en su representación. El algoritmo debe ajustar de forma dinámica el número de grupos, que es desconocido a priori, en función de las morfologías que aparezcan en cualquier momento durante el periodo de monitorización y capturar la evolución temporal de cada una de ellas.
- robusto al ruido: debe detectarse la existencia de episodios de ruido, con el objetivo de distinguir si la aparición de una nueva morfología responde a un nuevo patrón de conducción o a la contaminación por ruido de un patrón previo y así evitar la proliferación de grupos que no responden a cambios en la ruta de propagación del latido. Adicionalmente, debe emplearse una caracterización de latidos robusta que permita el agrupamiento en presencia de un nivel de ruido moderado, ya sea continuo, intermitente o esporádico.
- en tiempo real: de forma que el agrupamiento permita la notificación en el menor tiempo posible de cualquier nuevo patrón de conducción detectado y de este modo poder identificar a tiempo, ya sea de forma manual o automática, aquellas situaciones que pueden suponer un riesgo para el paciente.

1.6. Una nueva propuesta para el agrupamiento en tiempo real

- multicanal: durante el agrupamiento deben tenerse en cuenta todas las derivaciones de ECG disponibles como forma de incrementar la robustez del mismo; de este modo puede realizarse un agrupamiento fiable en presencia de un alto nivel de ruido cuando éste no afecte a todas las derivaciones. También permite una mejor discriminación de morfologías en los casos donde las diferencias se encuentran localizadas en ciertas derivaciones.

CAPÍTULO 2

MÉTODO PARA EL AGRUPAMIENTO AUTOMÁTICO DE COMPLEJOS QRS EN TIEMPO REAL

En este capítulo se describe un método para el agrupamiento dinámico de complejos QRS capaz de operar en tiempo real sobre señales de ECG multicanal. Comenzaremos describiendo sus características básicas así como su estructura general para, a continuación, explicar de forma detallada las etapas que lo componen.

El capítulo contiene un gran número de ejemplos de señal de ECG que sirven de apoyo a las definiciones y argumentaciones expuestas. Dichas señales han sido extraídas de las bases de datos electrocardiográficas MIT-BIH Arrhythmia Database [66] y AHA ECG Database [1]. En todos los casos, los segmentos utilizados están convenientemente identificados mediante el número de registro (Rrrr.Cc) y la posición temporal asociada ([mm:ss.ms]), donde rrr indica el número de registro, c el número de derivación y [mm:ss.ms] una posición temporal con una precisión de milisegundos. Ambas bases de datos constituyen la fuente de datos empleada durante el desarrollo y validación del algoritmo y su descripción detallada puede encontrarse en el capítulo 3.

A lo largo del capítulo se desarrolla una descripción formal del método, para lo cual haremos uso de la siguiente notación: variables en negrita (p.e., \mathbf{x}) para representar vectores y secuencias, letras minúsculas con subíndices para representar sus componentes (p.e., x_i) o superíndices cuando se emplee el subíndice para representar el índice temporal (p.e., x_n^i),

letras mayúsculas (p.e., X) para representar conjuntos y letras caligráficas para representar funciones (p.e., \mathcal{F}).

2.1. Arquitectura del método

El método propuesto permite analizar una señal de ECG multicanal siguiendo un esquema de procesamiento dirigido por datos, en el que las muestras de señal se procesan de forma secuencial. Como resultado, se proporciona un resumen en tiempo real de la señal de ECG, generando un conjunto dinámico de grupos, actualizado de forma continua con cada nuevo latido, en el que cada grupo contiene aquellos latidos con un patrón de activación y propagación similar.

Según lo descrito en el apartado 1.4, las manifestaciones más representativas del patrón de activación/propagación de un latido en el ECG son la onda P y el complejo QRS y, como tales, proporcionan la información idónea para la representación morfológica del mismo. La detección de la onda P constituye una tarea de gran complejidad[58] y con resultados poco fiables, especialmente en presencia de ciertas arritmias[76][80], complejidad que se ve incrementada debido al nivel de ruido que contienen las señales en algunos de los escenarios de uso planteados. Por este motivo, la presente tesis, siguiendo el planteamiento propuesto en [50], propone una caracterización morfológica del latido a partir de su complejo QRS. La consecuencia directa de esta decisión es la posible asignación de latidos con puntos de activación auricular diferentes a un mismo grupo morfológico, o incluso con puntos de activación nodales pero que compartan la misma morfología de complejo QRS. Para paliar la ausencia de un análisis de la onda P, el método hace uso de la información de ritmo, que, como veremos, permite detectar estas situaciones en un número de casos considerable a tenor de los resultados de validación. En conclusión, hemos de precisar que los grupos proporcionados como resultado del método propuesto se corresponden con latidos que poseen una morfología del complejo QRS similar y una misma clasificación de ritmo.

A efectos de representación formal, la señal de ECG adquirida se define como una serie temporal $X = \{\mathbf{x}_t \mid \mathbf{x}_t \in \mathbb{R}^L \wedge t \in \mathbb{N}\}$, donde L es el número de derivaciones y $\mathbf{x}_t = (x_t^1, \dots, x_t^L)$, el vector de muestras en el instante t para todas las derivaciones. Denotamos la señal de ECG asociada a la derivación l mediante la serie temporal $X^l = \{x_t^l \mid x_t^l \in \mathbb{R} \wedge t \in \mathbb{N}\}$.

A continuación se presentan las diferentes etapas que conforman el método, cuya arquitectura muestra la figura 2.1:



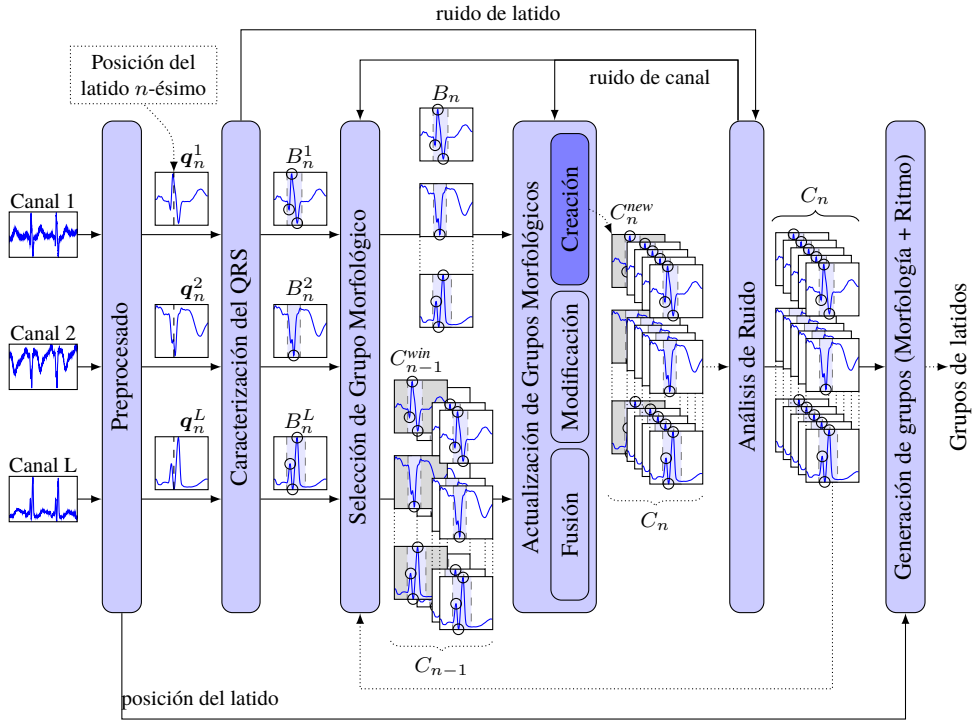


Figura 2.1: Diagrama de flujo de datos del método de agrupamiento de complejos QRS en el que se detallan las distintas etapas que lo componen.

Preprocesado de la señal de ECG: en esta primera etapa se toma como entrada la serie temporal X , a la que se aplica un proceso de acondicionamiento de señal para intentar mejorar su relación señal/ruido y, a continuación, se procesa para detectar los latidos presentes. Como resultado proporciona una señal de ECG filtrada en cada derivación, representada mediante una nueva serie temporal S , así como una marca temporal con la posición de cada latido detectado.

Caracterización del complejo QRS: para cada marca de latido, se selecciona, en cada derivación, un segmento de señal, q_n^l , de longitud fija en torno a su posición. Dicho segmento se procesa para extraer el complejo QRS y modelarlo mediante un vector de características, B_n^l , que represente su morfología. Dicho vector será empleado en las fases posteriores para realizar un agrupamiento morfológico. Adicionalmente, se ejecuta

un procedimiento para detectar aquellos complejos que presentan un nivel elevado de contaminación por ruido en alguna de las derivaciones, y que distorsiona la forma de la señal originada por la actividad cardíaca.

Selección del grupo morfológico más similar: cada latido B_n , una vez caracterizado su complejo QRS en todas las derivaciones, se compara con el conjunto de grupos morfológicos observados hasta el momento, C_{n-1} , siguiendo un criterio basado en contexto, para obtener el grupo que representa la morfología más similar, C_{n-1}^{win} . Para ello se emplea una medida de similitud que compara el vector de características del complejo con el vector equivalente asociado a cada grupo.

Actualización del conjunto de grupos morfológicos: una vez obtenido el grupo más similar, se decide si el latido se incluye en dicho grupo o si resulta más apropiada la creación de uno nuevo. Como resultado de esta decisión, el conjunto de grupos morfológicos existente se actualiza (C_n) pudiéndose crear uno nuevo, modificar el más similar o fusionar dos o más grupos.

Análisis de ruido: aunque la medida de similitud y los criterios de asignación empleados regulen correctamente el número de grupos morfológicos en ausencia de ruido, persiste el problema de discernir los complejos QRS distorsionados por ruido frente a aquellos que presentan morfologías asociadas a un nuevo patrón de activación/propagación del latido y que deben asignarse a nuevos grupos. El método no restringe el número de grupos creados, por lo que la presencia de ruido puede provocar su proliferación, generando un problema que es necesario abordar. En esta etapa se analiza la presencia de ruido en cada derivación, tratando de detectar los latidos o intervalos de señal ruidosos, con el objetivo de condicionar su procesamiento durante las etapas de selección y actualización de grupos. Los resultados de este análisis permiten llegar a descartar aquellos grupos cuya creación tenga el ruido como única causa.

Análisis de ritmo: se analiza el ritmo de cada latido dentro de su contexto temporal para clasificarlo en distintas categorías y de este modo ayudar a la identificación de alteraciones en el punto de activación de los latidos en el tejido cardíaco. Este análisis se puede realizar de forma concurrente con el análisis del QRS.

Generación de grupos: por último, los resultados del agrupamiento morfológico y el análisis de ritmo se combinan para obtener un conjunto actualizado de grupos de latidos, donde

cada grupo representa un patrón de activación/propagación diferente observado en la señal. Este proceso se ejecuta cada vez que el método debe proporcionar el conjunto de grupos resultante en un instante determinado.

Una vez concluida la descripción de la estructura global del método, en las siguientes secciones abordaremos la descripción formal y detallada de las diferentes técnicas empleadas en cada una de sus etapas.

2.2. Preprocesado

El método de agrupamiento propuesto debe ser aplicable en los diferentes escenarios de adquisición descritos en el capítulo 1 (ambulatorio, domiciliario, hospitalario, etc). Para ello debe hacer frente a señales de ECG contaminadas por las diversas fuentes de ruido presentes en dichos escenarios, que distorsionan la morfología de la señal generada por la actividad cardíaca. Esta etapa inicial tiene por objetivo lograr el mayor incremento posible de la relación señal/ruido, así como en reducir los efectos del ruido en la morfología fruto de la actividad cardíaca subyacente. Desde la perspectiva del agrupamiento, el objetivo deseable es lograr la completa eliminación del ruido, aunque esto no siempre es posible, por lo que será necesario disponer de un método de agrupamiento robusto ante el ruido remanente y que disponga de un modelo de representación de latido inmune a la alteraciones de los patrones morfológicos causadas por un nivel moderado de ruido.

En algunos casos, las distorsiones no pueden ser eliminadas y afectan a la morfología de la señal. La detección de estas situaciones constituye un desafío que también debe ser abordado en el desarrollo del método de agrupamiento. Mención especial debe hacerse del ruido provocado por la degradación de la interfaz electrodo-piel; en este caso se produce una alteración en magnitud de la señal medida, pero su efecto es progresivo y causa una evolución en la morfología que fácilmente puede subsumirse dentro de la variabilidad intrínseca del patrón de propagación del latido.

El diseño de esta etapa inicial de filtrado está condicionado por el escenario de adquisición, ya que éste determina en gran medida los niveles esperados de relación señal/ruido. Para seleccionar el tipo de ruido que se filtrará en esta etapa, deben analizarse las manifestaciones de las fuentes de ruido presentes en los escenarios más desfavorables (deriva de línea base, interferencia de la red de eléctrica, actividad electromiográfica, etc.) agrupándolas en dos categorías: la primera se corresponde con aquéllas que debido a sus características (espectros de

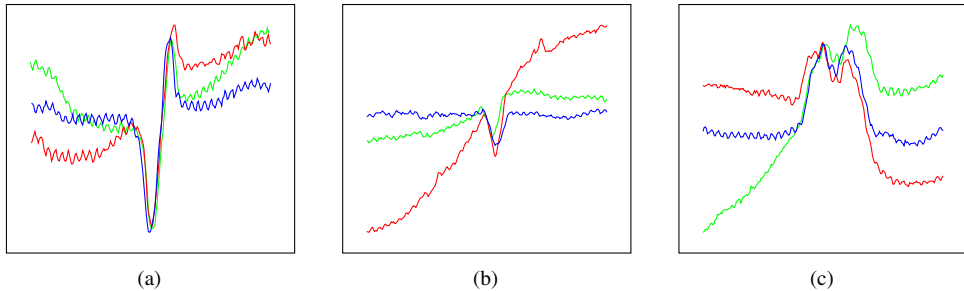


Figura 2.2: Ejemplos del efecto de la deriva de línea base sobre la morfología del complejo QRS. En cada figura, la línea azul representa un complejo QRS que refleja el patrón de activación sin presencia de deriva y las restantes, complejos distorsionados correspondientes al mismo patrón de activación. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. a) R207.C2 Latidos: [06:53.217], [06:58.036], [07:23.917]. b) R215.C2 Latidos: [02:55.697], [00:00.867], [03:23.167]. c) R207.C2 Latidos: [28:46.072], [28:36.014], [28:48.178]. Los latidos se enumeran siguiendo el orden de color: verde, rojo, azul.

frecuencia, efectos sobre la señal, niveles de energía, etc.) o bien no dificultan el agrupamiento o bien no pueden ser eliminadas sin distorsionar al mismo tiempo la morfología de la señal cardíaca; y la segunda con aquéllas que pueden ser eliminadas en gran medida mediante técnicas de filtrado. Según la descripción de las diferentes manifestaciones realizada en el capítulo anterior, solamente la deriva de línea base y la interferencia de red estarían incluidas dentro de esta segunda categoría.

La eliminación de la interferencia de red no se ha abordado, ya que la práctica totalidad de los electrocardiógrafos modernos proporcionan dicha funcionalidad, y en las bases de datos empleadas para la validación del método el nivel de interferencia de red es despreciable. De este modo, el esfuerzo de filtrado se ha focalizado en la deriva de línea base, cuya eliminación resulta crucial para lograr un agrupamiento fiable debido a su elevada prevalencia y a la distorsión que puede causar en la morfología del complejo QRS. En la figura 2.2 puede observarse el efecto de la deriva en diferentes latidos que corresponden a un mismo patrón de activación/propagación.

2.2.1. Eliminación de la deriva de línea base

El objetivo que se persigue con el filtrado de la deriva de línea base es la eliminación del mayor nivel de deriva posible al tiempo que se mantiene la morfología del latido. Este problema ha sido una constante desde los inicios del procesamiento del ECG [65] y se ha afrontado desde múltiples perspectivas. Se han propuesto diferentes técnicas, cada una con

sus ventajas e inconvenientes, y la elección más apropiada debe responder a los requisitos de funcionamiento derivados del escenario de aplicación.

El modo de operación del sistema -tiempo real o diferido-, así como el retardo admisible en el procesamiento de la señal, constituyen los principales condicionantes para el diseño de esta etapa de filtrado. En el caso que nos ocupa se ha establecido el requisito de operar en tiempo real, por lo que únicamente resta establecer el retardo máximo admisible que permita al método en su conjunto cumplir los requisitos de tiempo real exigidos. La elección de dicho límite depende del escenario de aplicación ya que escenarios como el hospitalario requieren retardos breves (del orden de 3 ó 4 segundos) que permitan ofrecer tiempos de respuesta apropiados ante eventos relevantes; mientras escenarios de seguimiento menos exigentes en términos temporales, como el ambulatorio o domiciliario, pueden admitir retardos del orden de decenas de segundos, lo cual permite emplear diferentes estrategias de filtrado en tiempo real.

A continuación se exponen las alternativas existentes para alcanzar el objetivo descrito y se concluye con la solución propuesta. Dicha solución responde a las necesidades de todos los escenarios mediante un único filtro y para ello se ha optado por una técnica que proporciona un retardo inferior al mínimo requerido en cualquier escenario al tiempo que mantiene los niveles de calidad exigidos en la señal filtrada.

Filtros lineales invariantes en el tiempo FIR/IIR

La primera aproximación al problema de la deriva de línea base se plantea desde la perspectiva del análisis de Fourier. Estudiando el espectro de la señal de ECG se puede observar que la frecuencia más baja que contiene, asociada a la actividad eléctrica del corazón, se corresponde con la frecuencia cardíaca. Según las recomendaciones de la AHA [45], la aparición de una frecuencia inferior a 30 latidos por minuto -equivalente a 0.5Hz- es altamente improbable, e incluso frecuencias inferiores a 40 latidos por minuto -equivalente a 0.67Hz- son muy poco comunes en la práctica clínica. Por ello se establece ésta última como límite máximo aconsejado para el filtrado de bajas frecuencias mediante técnicas de filtrado lineal.

Por otra parte, el espectro de frecuencias asociado al ruido de deriva puede extenderse más allá de la frecuencia cardíaca y solaparse con el espectro del ECG. Éste constituye el principal inconveniente de esta aproximación, ya que la elección de la frecuencia de corte se convierte en un problema no trivial que requiere encontrar un compromiso entre la conservación de la morfología del latido y el nivel de deriva residual admisible.

Una vez establecidos los requisitos de operación, es necesario diseñar un filtro digital de tipo pasa-alta, empleando una aproximación con respuesta finita (FIR) o infinita (IIR) al impulso. Las características concretas del filtro elegido también serán un factor a tener en cuenta para determinar la frecuencia de corte empleada.

Los filtros FIR tienen como principal ventaja que pueden diseñarse con respuestas de fase lineal, de forma que no distorsionen la morfología del latido en la señal filtrada [97]. De este modo, la frecuencia de corte puede ajustarse al máximo recomendado. Como contrapartida, este tipo de filtros requieren un orden muy elevado para lograr bandas de transición estrechas y atenuaciones aceptables en la banda atenuada que permitan un filtrado eficiente de la deriva (órdenes superiores a 400 para frecuencias de adquisición de 250Hz). Como consecuencia su coste computacional es elevado, al igual que el retardo que introducen (superior a 1 segundo).

En contraposición, los filtros IIR permiten obtener la respuesta en magnitud equivalente al filtro FIR con un orden considerablemente inferior (por ejemplo, orden 4 para un filtro de Butterworth), lo cual reduce considerablemente el coste computacional, e introducen un retardo despreciable. Esta mejora se obtiene a costa de proporcionar una respuesta en fase no lineal que puede distorsionar la morfología del latido. El filtro de Butterworth puede considerarse un filtro idóneo para este problema pues maximiza la planitud de la respuesta en magnitud hasta la frecuencia de corte, pero su respuesta en fase es altamente no lineal en la banda de transición. Por este motivo, la frecuencia de corte recomendada por la AHA para filtros con respuesta en fase no lineal se fija en los 0.05Hz, ya que en caso contrario se distorsiona la fase de las bajas frecuencias que afectan especialmente al segmento ST del latido. En consecuencia, un filtro IIR no permite eliminar gran parte de la deriva.

Se han propuesto soluciones que abordan la distorsión introducida por los filtros IIR. El uso de técnicas de compensación de fase [25] permite reducirla, aunque no eliminarla completamente, de modo que la morfología del latido todavía puede verse alterada. Una alternativa efectiva es el uso de la técnica de filtrado bidireccional (*Forward-Backward Filtering*) [46][57], consistente en aplicar dos veces el mismo filtro sobre una señal, primero en sentido causal y, posteriormente, en sentido inverso sobre el resultado previo. De este modo se obtiene un filtro con la respuesta en magnitud del original al cuadrado y respuesta en fase nula [77]. Esta técnica es perfecta para procesamiento diferido, ya que combina bajo coste computacional con la respuesta en fase lineal, pero su uso en procesamiento en tiempo real presenta algunos inconvenientes: en primer lugar, se introduce un retardo considerable ya que para poder aplicar el filtro en sentido anticausal, o bien se procesa la señal en bloques, lo que introduce un retardo

asociado a la longitud del mismo [79], o bien se trunca su respuesta al impulso para que el filtro sea realizable [101], lo que introduce un retardo asociado a la longitud de la respuesta truncada. Y en segundo, se generan distorsiones en la señal filtrada, bien en los puntos de inicio/fin de bloque, lo que interrumpe la continuidad de la señal filtrada, o en toda la señal debido al truncamiento de la respuesta al impulso. Para minimizar dicho efecto, en el primer caso es necesario procesar bloques solapados y descartar el comienzo y fin de cada uno de ellos, mientras que en el segundo debe seleccionarse la longitud de la respuesta truncada de modo que el error introducido sea mínimo. Ambas aproximaciones suponen un aumento tanto del coste computacional como del retardo.

Filtrado lineal variable en el tiempo

El método anterior establece la frecuencia de corte para el filtrado tomando como referencia la frecuencia cardíaca mínima que puede presentar un individuo a lo largo del tiempo. Esta aproximación resulta demasiado conservadora y no permite filtrar todas las componentes de la deriva de línea base que sería posible eliminar en un momento dado sin afectar al espectro del ECG. Las consecuencias se pueden apreciar especialmente en las situaciones donde el sujeto realiza alguna actividad y su frecuencia cardíaca se encuentra en rangos elevados (por ejemplo por encima de los 100 latidos por minuto, que se corresponde con una frecuencia de 1,67Hz). En ese caso, el espectro del ECG se encuentra desplazado y la frecuencia de corte podría elevarse sin afectar a la morfología.

Partiendo de esta premisa, se ha planteado el uso de filtros con frecuencia de corte variable para el procesamiento en tiempo real del ECG [89]. Para ello se propone el uso de una batería de filtros con frecuencias de corte distribuidas en un intervalo de interés. El filtro activo en cada instante es seleccionado en función de una medición de la frecuencia cardíaca actual, de modo que la frecuencia de corte se aproxime a ésta con cada nuevo latido.

El principal inconveniente de esta aproximación es su comportamiento ante la variación brusca de la frecuencia cardíaca (por ejemplo, con la aparición de latidos ectópicos). En estas situaciones, la adaptación del filtro puede no ser suficientemente rápida y distorsionar la morfología del ECG.

Interpolación mediante Cubic Splines

Otra estrategia clásica para la eliminación de la deriva de línea base consiste en aproximarla mediante una interpolación polinómica a partir de puntos de referencia extraídos de las regiones

isoeléctricas del ECG y, posteriormente, substraer dicha aproximación para obtener la señal filtrada. La precisión del ajuste depende en gran medida del orden del polinomio empleado, pero un incremento del orden lleva aparejado un incremento en la complejidad computacional. Por este motivo, para evitar el uso de órdenes elevados, se ha propuesto el uso de interpolación mediante *splines* [65].

Una aproximación mediante *splines* cúbicos ajusta cada tripleta de puntos de referencia consecutivos mediante un segmento de polinomio cúbico, imponiendo como condición la continuidad de la función y sus derivadas en los puntos que actúan de frontera entre cada tripleta. Este método proporciona una buena aproximación de la deriva, pero requiere la detección y delineación previa de los latidos para obtener los puntos de referencia. Precisamente este constituye su principal problema: depende de la existencia y correcta detección de dichas regiones. La calidad del ajuste se degrada en situaciones donde el segmento isoeléctrico, o bien no está presente, o su detección es complicada, como ocurre en los segmentos con alta frecuencia cardíaca, con latidos ectópicos o contaminados por ruido muscular. De igual modo, un aumento de la distancia entre puntos, como ocurre en el caso de frecuencia cardíaca baja o pérdida de latidos, provoca un empeoramiento en la precisión del ajuste.

Filtrado en el espacio Tiempo-Frecuencia

La transformada de Fourier no es el método más apropiado para la representación de señales aperiódicas, como el ECG, ya que no proporciona información acerca de la localización temporal de las diferentes características de la señal. Esto se pone de relieve especialmente cuando aparece un evento transitorio en la señal, como es la aparición de una secuencia de latidos con diferentes patrones de conducción, que se traduce en una alteración del espectro global, pero sin información sobre la ocurrencia de dicho evento.

Para el estudio de señales no estacionarias, donde la información temporal resulta muy relevante, es recomendable emplear técnicas de análisis en el espacio tiempo-frecuencia, que proporcionan información espectral al tiempo que retienen parte de la información temporal de la señal original. Este tipo de técnicas emplean transformadas que proyectan la señal en un espacio bidimensional, con una dimensión temporal y otra de frecuencia, mediante una base de funciones denominada núcleo de la transformada [64]. Dichas transformadas permiten la reconstrucción de la señal original, a semejanza de la transformada de Fourier, a partir de un conjunto de funciones base (núcleo inverso) cuya contribución viene dada por los coeficientes de la transformada. Los coeficientes de las transformadas nos proporcionan información de la

señal en una franja limitada del espectro asociada a un intervalo de tiempo concreto que se conoce como ventana tiempo-frecuencia ($\Delta_t \times \Delta_\omega$) y según el *principio de incertidumbre* [26] está acotado inferiormente por una constante $\Delta_t \times \Delta_\omega \geq \mu$, que habitualmente se corresponde con $\mu = \frac{1}{2}$. De este modo se fija una relación entre la resolución temporal y la resolución espectral que puede obtenerse con la transformada.

En el caso de la transformada de Fourier las funciones base poseen localización espectral máxima ($\Delta_\omega = 0$) y, en consecuencia, localización temporal nula ($\Delta_t = \infty$). El objetivo del análisis en el espacio tiempo-frecuencia es mejorar la localización temporal a costa de empeorar la localización en frecuencia. La representación de la señal de ECG mediante este tipo de transformada permite obtener la evolución espectral de la misma a lo largo del tiempo. De este modo, el filtrado de la deriva de línea base puede realizarse mediante la modificación directa de los coeficientes en el espacio transformado, por ejemplo, anulando aquéllos que estén asociados al intervalo de frecuencias de interés, y aplicando posteriormente la transformada inversa. Los cambios realizados sobre los coeficientes asociados a un instante de tiempo concreto afectarán al espectro en el intervalo Δ_t asociado. Esto facilita el uso de técnicas adaptativas que hagan uso de la frecuencia cardíaca, como las mencionadas anteriormente.

La transformada más empleada para el análisis de tiempo-frecuencia de señales discretas es la *Transformada Discreta de Fourier de Tiempo Corto* (DSTFT por sus siglas en inglés: *Discrete Short Time Fourier Transform*). En ella se emplean funciones senoidales acotadas mediante una ventana que fija su localización temporal. No existen propuestas que hagan uso de la DSTFT para el filtrado del ECG debido a que presenta diversos inconvenientes que lo desaconsejan. El principal inconveniente es el uso de resoluciones temporal y de frecuencia (Δ_t, Δ_ω) constantes en todo el espacio transformado. La mayor parte de las bioseñales, como el caso del ECG, son el resultado de una combinación de diferentes procesos biológicos, que se caracterizan por tener diferentes ritmos de evolución temporal. Generalmente, los procesos de evolución más lenta poseen espectros ubicados en las frecuencias más bajas, mientras que aquellos con evolución más rápida presentan espectros con frecuencias más altas. En el caso de la señal de ECG, el espectro del ruido de deriva de línea base está asociado a un intervalo de bajas frecuencias y su evolución temporal es mucho más lenta en comparación con el espectro asociado a las diferentes ondas que reflejan la actividad cardíaca. Por lo tanto, el uso de una misma resolución temporal para todo el espacio transformado obliga a elegir entre una resolución temporal que permita ubicar con buena precisión los eventos asociados a las componentes de alta frecuencia o una resolución en frecuencia que permita discriminar con

mayor precisión las componentes de baja frecuencia. Adicionalmente, existe el inconveniente de su complejidad computacional, ya que el coste de calcular la transformada inversa para cada muestra de señal puede resultar excesivo para un escenario de procesamiento en tiempo real. Además, las funciones del núcleo y del núcleo inverso tienen un soporte infinito que es necesario limitar para lograr una implementación real, lo cual puede provocar la aparición de efectos indeseados en la señal reconstruida.

Filtrado multiresolución mediante Transformada Wavelet

Como alternativa a los problemas de la DSTFT se ha extendido el uso de técnicas de análisis multiresolución en el espacio tiempo-frecuencia mediante la transformada *Wavelet* [21]. Esta transformada emplea como núcleo una familia de funciones generadas a partir de una única función base denominada Wavelet sobre la que se aplican operaciones de traslación y escalado. La ventana de tiempo-frecuencia de la transformada Wavelet es constante, pero la resolución temporal y en frecuencia está asociada a la escala de cada función del núcleo, de tal modo que un aumento en el valor de escala provoca una mejora de la resolución en frecuencia y, al mismo tiempo, un empeoramiento de la resolución temporal. Esta propiedad dota a la transformada Wavelet de buena capacidad para la representación de bioseñales, ya que permite segmentar el espacio tiempo-frecuencia empleando resoluciones variables, posee buena resolución temporal para altas frecuencias y, al mismo tiempo, buena resolución en frecuencia para las frecuencias bajas.

Se han definido diversas transformadas wavelet y su principal diferencia estriba en la partición que realizan del espacio tiempo-frecuencia. Las más relevantes para el filtrado de la deriva de línea base son la transformada wavelet discreta (DWT por sus siglas en inglés: *Discrete Wavelet Transform*) y la transformada wavelet estacionaria (SWT por sus siglas en inglés: *Stationary Wavelet Transform*) [78]. Ambas permiten descomponer la señal de forma iterativa en diferentes niveles con bandas de frecuencia de anchura decreciente hasta alcanzar un nivel que representa únicamente la deriva. Las diferentes propuestas de la bibliografía se centran en obtener la señal representada en dicha banda y eliminar su contribución a la señal original por completo [2, 88, 98, 99, 110] o tras aplicar un filtrado previo [73].

Esta aproximación proporciona una excelente capacidad de filtrado de la deriva de línea base, y adicionalmente su implementación es sencilla y computacionalmente poco costosa ya que cada nivel de la transformada se obtiene mediante la aplicación de dos filtros FIR. Sin embargo, dichos filtros son no causales e introducen un retardo que se incrementa con cada

nivel y puede alcanzar los 15 segundos por lo que su aplicación en un contexto de tiempo real no es viable en todos los escenarios.

Filtrado mediante filtros no lineales

Con el objetivo de proporcionar una alternativa con retardos asumibles y que alcance resultados de filtrado comparables con los de las soluciones anteriores, se ha propuesto el uso de métodos de filtrado no lineal [13, 52]. La idea que subyace en estas propuestas consiste en obtener una estimación de la deriva aplicando operaciones no lineales sobre la señal (por ejemplo, media móvil ponderada o mediana) que exploten la misma característica que el análisis multiresolución: la diferencia en los ritmos de evolución de la señal de origen cardíaco y de la deriva. Su objetivo es eliminar las variaciones más bruscas de la señal (asociadas a la actividad cardíaca o electromiográfica) y retener la señal subyacente de evolución más suave (asociada al ruido de deriva). En [52], Łeski propone la aplicación de una media móvil ponderada sobre un subconjunto de muestras contenidas en una ventana de ancho fijo, mientras en [13], De Chazal propone el uso de dos filtros de mediana móvil encadenados. Tras evaluar la sencillez de implementación, el retardo y la calidad de los resultados de ambas propuestas hemos optado por emplear la descrita en [13].

La solución adoptada actúa sobre cada canal de señal de ECG, X^l , para obtener una estimación de su deriva de línea base. La señal filtrada en la derivación l se representa mediante la serie temporal S^l definida por:

$$S^l = (1 - \mathcal{T})X^l, \quad (2.1)$$

donde \mathcal{T} es el operador de filtrado que obtiene la estimación de la deriva de línea base presente en X^l . El operador \mathcal{T} se define como la composición de dos operadores:

$$\mathcal{T} = (\mathcal{T}_{\delta_2} \circ \mathcal{T}_{\delta_1}), \quad (2.2)$$

donde \mathcal{T}_{δ_i} es el operador mediana que actúa sobre una ventana temporal de $2\delta_i$ muestras. De modo que los elementos de la serie que genera, $Y^l = \mathcal{T}_{\delta_i}X^l$, se definen como:

$$y_t^l = \text{mediana}(\{x_i^l \mid i \in [t - \delta_i, t + \delta_i]\}) \quad (2.3)$$

El primer operador, \mathcal{T}_{δ_1} , se define con una ventana de 0.2s ($\delta_1 = f/0.1$) que permite eliminar las variaciones de más alta frecuencia presentes en la señal, como los complejos QRS, las ondas P o el ruido electromiográfico. El segundo operador, \mathcal{T}_{δ_2} , se define con una

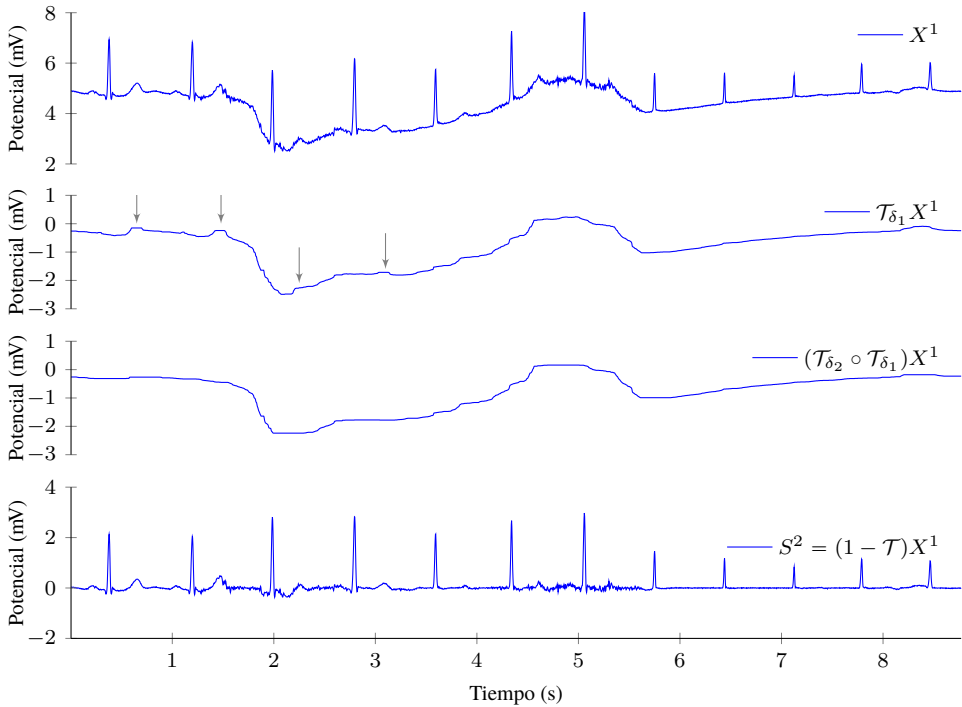


Figura 2.3: Ejemplo de aplicación del filtro de deriva de línea base sobre un segmento de ECG. La gráfica superior muestra la señal original; la segunda, el resultado del primer operador de filtrado (la flechas señalan las ondas T remanentes); la tercera, la estimación de la deriva y finalmente, la cuarta, el segmento de ECG filtrado. En la figura se han compensado los retardos de las diferentes señales con el fin de facilitar su comparación. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. R103.C1 [18:08.230,18:17.000].

ventana de 0.6s ($\delta_2 = f/0.3$) que elimina las variaciones en la señal asociadas a frecuencias intermedias como las asociadas a las ondas T. Como se desprende de su definición, las ventanas empleadas por los operadores están centradas por lo que introducen una latencia de 100ms y 300ms, respectivamente, dando lugar a una latencia global de 400ms independiente de la frecuencia de muestreo.

Conviene resaltar que el coste computacional de los operadores de mediana en tiempo real puede optimizarse haciendo uso del contexto temporal en el que se aplica el filtro: al emplear una ventana deslizante, es posible reducir las operaciones de ordenación en posiciones consecutivas de la misma a una única operación de extracción y otra de inserción. Dichas operaciones poseen, en el peor caso, una complejidad logarítmica.

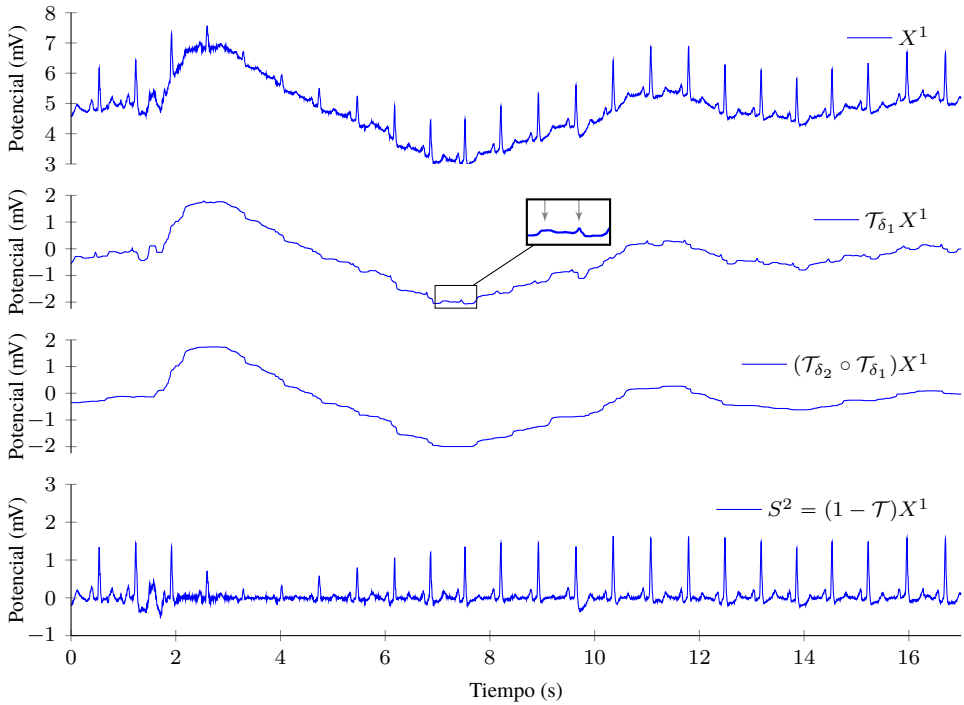


Figura 2.4: Ejemplo de aplicación del filtro de deriva sobre una señal que presenta ondas P y T de amplitud similar. Puede observarse la persistencia de ondas P y T en el resultado del primer operador de filtrado. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. R105.C1 [14:07.000,14:24.000].

En las figuras 2.3 y 2.4 se muestra el resultado de filtrar dos segmentos de señal electrocardiográfica que presenta un nivel de deriva de línea base considerable. En ellas pueden observarse las señales obtenidas tras aplicar cada uno de los operadores \mathcal{T}_{δ_1} y \mathcal{T}_{δ_2} , donde queda de manifiesto el efecto de cada uno de ellos sobre las diferentes ondas que constituyen el latido. El método de filtrado mantiene el comportamiento esperado incluso en presencia de altos niveles de ruido de alta frecuencia, como ilustra la figura 2.5, o ante señales que presentan transiciones abruptas en su línea base, como queda de manifiesto en la figura 2.6.

Por último, resulta obligado describir las situaciones en las que el método de filtrado proporciona resultados deficientes. Tras una revisión completa de los resultados del filtrado sobre la totalidad de la base de datos MIT-BIH, se ha observado que éste puede introducir una distorsión en el segmento ST de los latidos bajo ciertas circunstancias. En las figuras 2.7 y

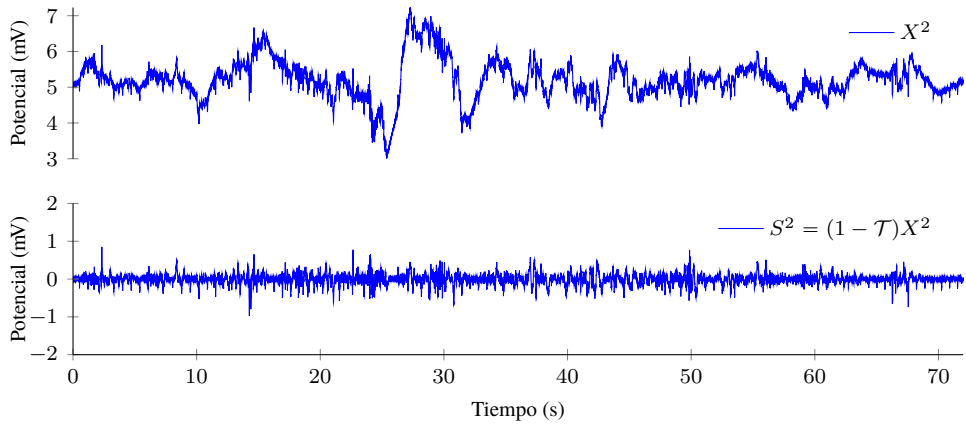


Figura 2.5: Ejemplo de aplicación del filtro de deriva sobre una señal con ruido de alta frecuencia. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. R105.C2 [19:44.000,20:56.000].

2.8 se muestran dos ejemplos de dicho efecto. Como puede observarse, aparece un pequeño intervalo isoelectrico entre la onda S y la onda T, de modo que el segmento ST, formado por la transición entre ambas ondas, o la propia onda T quedan alterados. Por ello, este método no está indicado para aplicaciones que realicen un análisis de la onda T o del segmento ST. El efecto se produce únicamente en aquellos latidos que presentan una onda T muy ancha y una delimitación imprecisa del final del complejo QRS y el comienzo de la onda T, pero, dado que no afecta al complejo QRS, resulta irrelevante a efectos de realizar el agrupamiento de latidos propuesto en la presente tesis.

2.2.2. Detección de latidos

En paralelo al filtrado de la señal de ECG, la etapa de preprocesado debe realizar una segunda tarea: proporcionar la posición temporal de los latidos. El método de agrupamiento requiere el suministro de una marca para cada latido presente en la señal, la cual debería obtenerse mediante la integración de un algoritmo de detección. Sin embargo, la dependencia que existe entre el rendimiento del detector y la calidad de los resultados de agrupamiento, no permitiría realizar una evaluación del método independiente. Por ello, para el desarrollo y validación del método propuesto, no se ha hecho uso de un detector, sino que se han utilizado, a modo de marcas fiduciales, las posiciones de latido proporcionadas por las bases de datos

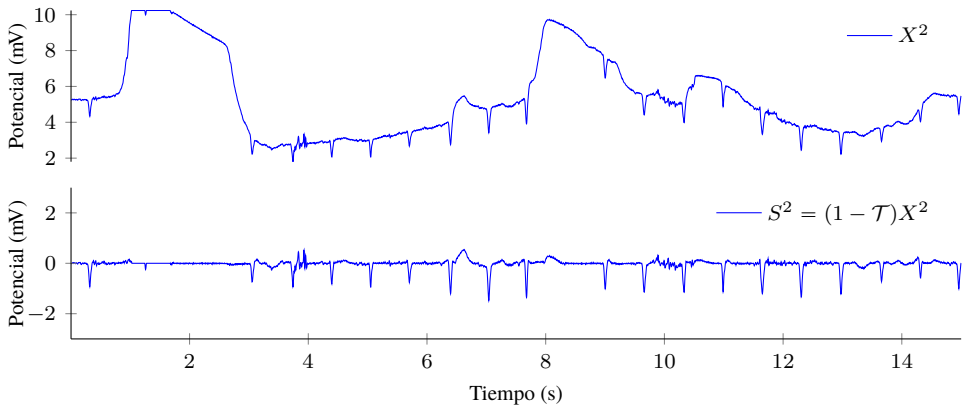


Figura 2.6: Ejemplo de aplicación del filtro de deriva sobre una señal con cambios bruscos en la línea base. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. R223.C2 [10:36.000,10:51.000].

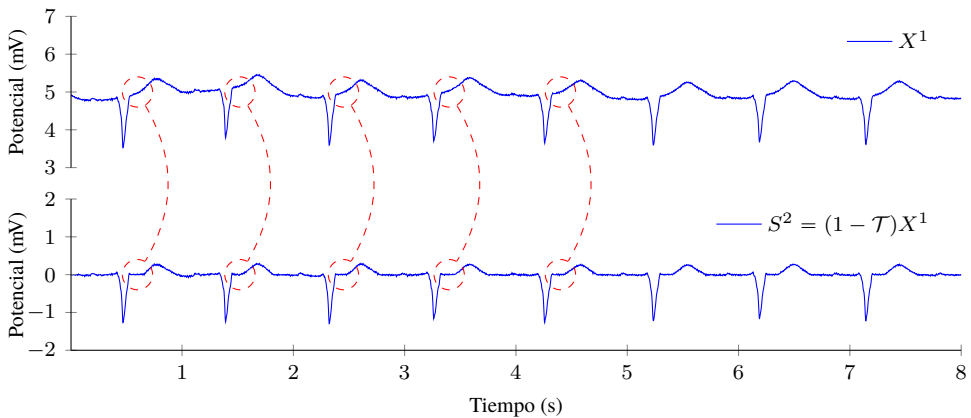


Figura 2.7: Ejemplo de las distorsiones que introduce el filtro de deriva en el segmento ST. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. R207.C1 [15:31.800,15:39.800].

electrocardiográficas. De este modo se proporciona un marco que permite a futuros algoritmos una comparación en igualdad de condiciones.

Obviamente, para la ejecución del método en un escenario real es necesario proporcionar un detector, pero este aspecto queda fuera del ámbito del trabajo presentado, habida cuenta que existen numerosas soluciones en la bibliografía (véase tabla 2.1) que proporcionan resultados con valores de sensibilidad (Se) y predictividad positiva (+P) muy elevadas, superiores al

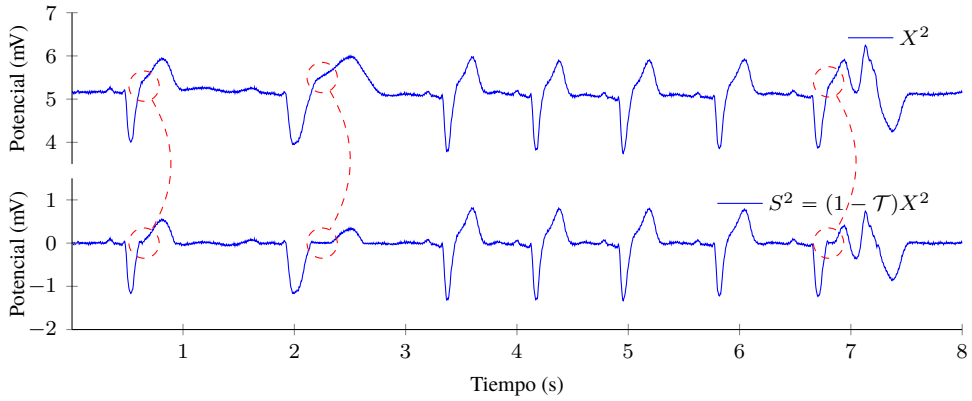


Figura 2.8: Ejemplo de las distorsiones que introduce el filtro de deriva en el segmento ST. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. R214.C2 [05:13.500,05:21.500].

Autor	Sensibilidad (%)	Predictividad Positiva (%)
Manikandan et al. [60]	99.93 %	99.86 %
Ghaffari [27]	99.91 %	99.72 %
Li et al. [53]	99.90 %	99.94 %
Karimipour [42]	99.81 %	99.70 %
Martinez et al. [63]	99.80 %	99.86 %
Hamilton [35]	99.80 %	99.80 %
Elgendi [24]	99.78 %	99.87 %

Tabla 2.1: Resultados globales de validación sobre la base de datos MIT-BIH de los principales detectores de complejos QRS propuestos en la bibliografía.

99.70 %, al realizar su validación según el estándar ANSI/AAMI EC57 [3]. En nuestro caso también disponemos de un detector multicanal propio que proporciona valores de sensibilidad y predictividad positiva similares ($Se = 99.75\%$ y $+P = 99.75\%$).

2.3. Caracterización del complejo QRS

La etapa de preprocesado proporciona un conjunto de marcas temporales asociadas a la señal filtrada que indican la ubicación de los latidos detectados. Resulta necesario realizar una caracterización de sus complejos QRS de modo que facilite la separación de los latidos en grupos que compartan características comunes. Las propuestas de caracterización comúnmente

2.3. Caracterización del complejo QRS

utilizadas en la bibliografía adolecen de inconvenientes que las hacen poco aptas para los escenarios de uso previstos:

- Algunas propuestas presentan una sensibilidad excesiva al ruido, que afecta a su capacidad de representación, como ocurre con las caracterizaciones que emplean muestras de la propia señal o medidas resultantes de la segmentación del latido.
- Las propuestas que realizan una caracterización global de un intervalo de señal, como las que hacen uso de espacios transformados o de estadísticos descriptivos, otorgan la misma relevancia a todas sus muestras sin distinguir aquellos elementos que presentan un mayor interés. Esto lleva a resaltar diferencias entre latidos localizadas fuera de los límites del complejo QRS y que, en consecuencia, resultan poco relevantes; por ejemplo, aquellas con origen en artefactos o desnivelaciones de la señal presentes en el segmento PQ o ST.
- Por último, la mayor parte de las propuestas no permiten distinguir aquellas diferencias entre las características de dos latidos que son compatibles con la variabilidad intrínseca del propio proceso de generación del latido. En consecuencia, su ponderación será más difícil durante el proceso de comparación.

Por los motivos expuestos, en esta tesis se ha optado por plantear una nueva aproximación para la representación de complejos QRS, teniendo en cuenta que debería presentar el siguiente conjunto de propiedades:

- Robustez ante el ruido de intensidad moderada propio de la señal de ECG obtenida en los escenarios de uso planteados.
- Capacidad para representar aquellos segmentos con mayor información del complejo QRS (p.e. segmentos de señal con alta pendiente y/o más energéticos) e ignorar los restantes (p.e. segmentos isoelectricos).
- Inclusión explícita de la localización temporal de las características y conservación de su ubicación temporal relativa, la cual posee información de interés para determinar la correspondencia de un complejo QRS con un patrón de activación/propagación determinado.

- Estabilidad frente a la variabilidad propia de la morfología de los complejos QRS asociados a un mismo patrón de activación/propagación y flexibilidad suficiente en la representación para facilitar el posterior agrupamiento de latidos.
- Correspondencia de las características con la interpretación fisiológica de la señal.

La caracterización propuesta está basada en la detección de aquellos puntos e intervalos de señal que permiten describir la morfología de sus ondas constituyentes aún en presencia de ruido. Para ello adoptamos una estrategia inspirada en los métodos de descripción de curvas mediante puntos dominantes [106]. Dichos métodos plantean la representación de curvas en dos dimensiones a partir de un conjunto de puntos que poseen un máximo local de curvatura. Asociado a cada punto, se define un segmento de curva, denominado intervalo de soporte, en el que la curvatura mantiene su signo. El uso de esta aproximación en el ámbito del ECG requiere interpretar la señal temporal unidimensional como una curva en dos dimensiones (\mathbb{R}^2), de modo que las ondas constituyentes del complejo QRS se corresponden con las zonas de máxima curvatura en dicha curva.

2.3.1. Detección de puntos relevantes

Sea $S = \{s_t \mid s_t \in \mathbb{R}^L \wedge t \in \mathbb{N}\}$ la serie temporal que representa la señal de ECG multicanal obtenida tras la etapa de filtrado, donde L es el número de derivaciones y $s_t = (s_t^1, \dots, s_t^L)$ es el vector de muestras en el instante t . Representamos la señal asociada a una derivación $l \in \{1, \dots, L\}$ mediante la serie temporal $S^l = \{s_t^l \mid s_t^l \in \mathbb{R} \wedge t \in \mathbb{N}\}$. Tras la detección del n -ésimo latido, con marca fiducial en el instante t , se selecciona en cada derivación l una subsecuencia q_n^l de longitud fija w , donde $w = w^- + w^+$ muestras (w^- antes y $w^+ - 1$ después de t), para obtener una representación de su complejo QRS (véase figura 2.9):

$$q_n^l = \{q_1^l, \dots, q_j^l, \dots, q_w^l\} \quad (2.4)$$

donde $q_j^l = s_{t-w^- - 1 + j}^l$. Establecemos la longitud del intervalo w en 300ms, 100ms antes ($w^- = \lceil 0.1 \times f_s \rceil$) y 200ms después ($w^+ = \lceil 0.2 \times f_s \rceil$) de la marca de latido, de tal modo que sea suficientemente ancho como para capturar el complejo QRS más largo que pueda presentar un latido anormal [81], que típicamente se observa en latidos de tipo ventricular, fusión entre latido ventricular y normal o fusión entre normal y latido de marcapasos.

A continuación se definen los distintos elementos que intervienen en la caracterización del complejo QRS. La mayor parte de esta sección describe operaciones sobre una derivación, de

2.3. Caracterización del complejo QRS

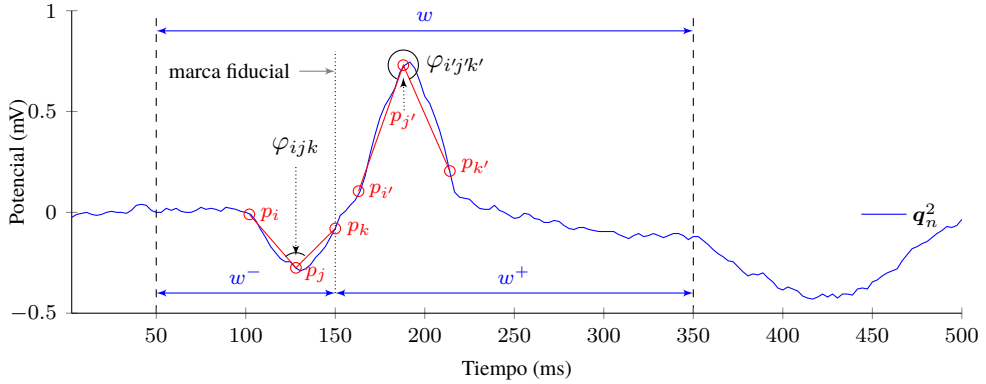


Figura 2.9: Segmento de la serie temporal S^l para la derivación $l = 2$ en torno al complejo QRS de un latido. Las líneas discontinuas marcan los límites del segmento de longitud w correspondiente a la subsecuencia q_n^l . Se muestran dos ejemplos del ángulo empleado para el cálculo de la curvatura: en los puntos p_j y $p_{j'}$ se muestran los ángulos φ_{ijk} y $\varphi_{i'j'k'}$ asociados a valores arbitrarios de i, k, i' y k' . Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. R108.C2 [00:11.244,00:11.744].

modo que, con objeto de simplificar la notación, el superíndice l se obviará salvo en aquellas que impliquen a múltiples derivaciones.

En primer lugar definiremos el concepto de curvatura, para lo cual es necesario establecer una proyección de la subsecuencia q_n en el plano \mathbb{R}^2 . Cada elemento q_j se equipara con un punto en el plano aplicando una relación de escala entre la dimensión de magnitud y la temporal. La relación elegida se corresponde con la resolución proporcionada por el electrocardiógrafo (en el orden de $ms \times \mu V$) por lo que la muestra q_j está representada mediante el punto $p_j = (j, q_j)$.

Definición 1. Definimos la *curvatura* \mathcal{K} en $q_j \in q_n$ como:

$$\mathcal{K}(q_j, q_n) := \max_{i \in I_j^-, k \in I_j^+} \cos \varphi_{ijk}, \quad (2.5)$$

donde $1 < j < w$ y φ_{ijk} representa el ángulo $\widehat{p_i p_j p_k}$ (véase figura 2.9). Los términos I_j^- e I_j^+ denotan, respectivamente, los subintervalos de $[1, j)$ y $(j, w]$ sobre los que se calcula la

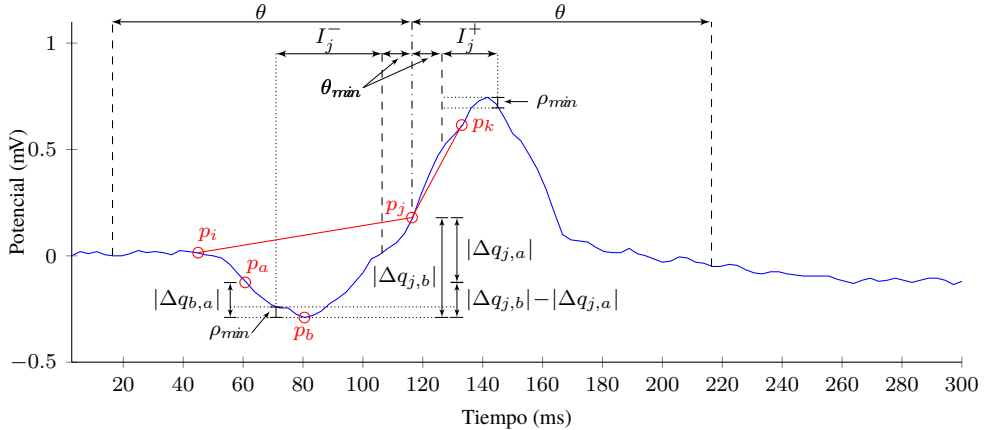


Figura 2.10: Representación de los conjuntos I_j^- y I_j^+ empleados para el cálculo de la curvatura en el punto p_j . Las líneas verticales discontinuas marcan la cota superior, θ , e inferior, θ_{\min} , de los conjuntos (primera condición de pertenencia) y las líneas punteadas verticales, los límites efectivos de los conjuntos, determinados, en este caso, por la segunda condición de pertenencia, que reduce los límites ante la existencia de ondas invertidas de altura superior a ρ_{\min} . A modo de ejemplo, se muestra un punto p_i junto con las medidas que acreditan el incumplimiento de las condiciones de pertenencia al intervalo I_j^- . Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. R108.C2 [00:11.294,00:11.594].

curvatura, y se definen como:

$$I_j^- = \{i \mid j-i \in [\theta_{\min}, \theta] \wedge \forall a \in (i, j), \max_{b \in (a, j)} (|\Delta q_{j,b}| - |\Delta q_{j,a}| + |\Delta q_{b,a}|) < 2\rho_{\min}\} \quad (2.6)$$

$$I_j^+ = \{k \mid k-j \in [\theta_{\min}, \theta] \wedge \forall a \in (j, k), \max_{b \in (j, a)} (|\Delta q_{j,b}| - |\Delta q_{j,a}| + |\Delta q_{b,a}|) < 2\rho_{\min}\} \quad (2.7)$$

donde $\Delta q_{j,x} = q_j - q_x$.

La definición de I_j^- e I_j^+ establece un intervalo máximo de ancho fijo $[\theta - \theta_{\min}]$ que puede verse reducido por la presencia de una onda en dicho intervalo. El término θ representa la máxima anchura de una onda fisiológicamente relevante del complejo QRS medida entre la posición de su pico y su extremo izquierdo o derecho, de modo que fija un límite inferior, $j - \theta$, y superior, $j + \theta$, para los valores de I_j^- e I_j^+ , respectivamente. El término θ_{\min} representa la anchura mínima necesaria para que una onda pueda ser detectada de forma fiable en una señal de ECG. Por último, el término ρ_{\min} se corresponde con la altura mínima que debe alcanzar una deflexión en la señal para ser considerada fisiológicamente relevante y, en consecuencia, para ser excluida del intervalo de cálculo de la curvatura. En la figura 2.10 se muestra el efecto

de estos parámetros en la determinación del límite de los intervalos. En ella puede observarse cómo el límite del subintervalo I_j^- asociado al punto p_j viene determinado por la onda con mínimo en p_b ; y se corresponde con el punto donde la altura de dicha onda alcanza ρ_{\min} .

La curvatura obtenida para un punto q_j está asociada a un intervalo de señal que denominamos región de dominancia:

Definición 2. Definimos la **región de dominancia** asociada a la muestra q_j como:

$$\text{dominancia}(q_j) = [r_j^-, r_j^+] = \arg \max_{[i,k] \in I_j} (k - i) \quad (2.8)$$

donde $I_j = \{[i, k] \mid \cos \varphi_{ijk} = \mathcal{K}(q_j, \mathbf{q}_n)\}$.

El conjunto I_j representa a todos los intervalos $[i, k]$ cuyo $\cos \varphi_{ijk}$ es máximo para la muestra q_j y, generalmente, contendrá un único elemento. La región de dominancia se corresponde con el intervalo de I_j más extenso en cuyos extremos se obtiene el valor de la curvatura para el punto q_j .

La aplicación directa de las definiciones anteriores para el cálculo de la curvatura y la región de dominancia asociada a un punto tienen un coste computacional cuadrático, que podría dificultar su uso en tiempo real. Por este motivo, se ha desarrollado un método alternativo, descrito en el apéndice A, que permite reducir la complejidad a orden lineal.

Una vez conocida la curvatura para todos los puntos de una secuencia, el interés se centra en aquellos que presentan una curvatura mayor que todos los de su región de dominancia. Dichos puntos se denominan puntos dominantes y cada uno de ellos se asocia a una curva en el segmento de señal.

Definición 3. Definimos el conjunto de **puntos dominantes** de \mathbf{q}_n como:

$$D_n = \{p_j \mid j = \arg \max_{a \in [r_j^-, r_j^+]} \mathcal{K}(q_a, \mathbf{q}_n) \wedge \Delta q_j > \rho_{\min}\}, \quad (2.9)$$

donde $[r_j^-, r_j^+] = \text{dominancia}(q_j)$ y $\Delta q_j = \text{sgn}(\Delta q_{j,r_j^-} \cdot \Delta q_{j,r_j^+}) \min(|\Delta q_{j,r_j^-}|, |\Delta q_{j,r_j^+}|)$.

El término Δq_j toma valores positivos solamente si la desviación de la señal en ambos extremos de la región de dominancia respecto a q_j mantiene el mismo signo. De este modo, los puntos dominantes identifican las ondas presentes en la señal que posean una altura superior a ρ_{\min} en ambos flancos. En la figura 2.11 se muestran los diferentes parámetros implicados en la detección de los puntos dominantes en un complejo QRS. Para cada muestra

del segmento q_n puede observarse el valor de curvatura obtenido, su región de dominancia y la desnivelación Δq_j empleada para determinar la pertenencia al conjunto de puntos dominantes. Puede apreciarse cómo los puntos con valores más elevados de curvatura y altura se encuentran en los intervalos próximos al pico de las ondas del complejo.

Los límites de la región de dominancia para un punto dominante q_j pueden estar situados en cualquier punto de los flancos de una onda. Dado que estamos interesado en capturar toda la extensión de la onda, definimos una región ampliada.

Definición 4. *Definimos la **región de soporte** de un punto $p_j \in D_n$ como:*

$$\text{soporte}(p_j) = [j^-, j^+] \quad (2.10)$$

donde j^- y j^+ vienen dados por:

$$j^- = \min_i(\{i \mid i \leq r_j^- \wedge \forall a \in [i, r_j^-], |\Delta q_{j,a}| > |\Delta q_{j,a+1}|\}) \quad (2.11)$$

$$j^+ = \max_k(\{k \mid k \geq r_j^+ \wedge \forall a \in [r_j^+, k], |\Delta q_{j,a}| > |\Delta q_{j,a-1}|\}). \quad (2.12)$$

Según se desprende de la definición anterior, $j^- \leq r_j^-$ y $j^+ \geq r_j^+$ son los números de muestra más próximos a r_j^- y r_j^+ donde cambia el signo de la pendiente, lo cuál marca el fin de la región de soporte de la onda. Decimos que un punto dominante p_j está ubicado en una onda cóncava si $\Delta q_{j,j^-} > 0$ y $\Delta q_{j,j^+} > 0$. En caso contrario, decimos que está ubicado en una onda convexa.

En el conjunto de puntos dominantes pueden existir algunos elementos que no tengan relevancia para describir la estructura morfológica del complejo QRS, especialmente en señales contaminadas con cierto nivel de ruido, ya que cualquier onda que supere la amplitud mínima requerida estará representada mediante un punto relevante en dicho conjunto. Por este motivo basamos la representación del complejo en un subconjunto de puntos que denominamos relevantes:

Definición 5. *Definimos el conjunto de **puntos relevantes** de q_n como:*

$$R_n = \{p_j \mid p_j \in D_n \wedge \Delta^{\max} p_j > \rho_{QRS} \wedge \Delta p_j > \rho'\} \quad (2.13)$$

donde $\Delta^{\max} p_j = \max(|\Delta q_{j,j^-}|, |\Delta q_{j,j^+}|)$ es el desnivel máximo de la onda asociada a p_j y $\Delta p_j = \min(|\Delta q_{j,j^-}|, |\Delta q_{j,j^+}|)$ es su altura. El parámetro ρ' depende de la altura de onda máxima presente en el conjunto de puntos dominantes:

$$\rho' = \max\{\rho \mid \rho \in \{\rho_{QRS}, \rho_{\min}\} \wedge (\rho - \max\{\Delta p_j\}) > 0\} \quad (2.14)$$

2.3. Caracterización del complejo QRS

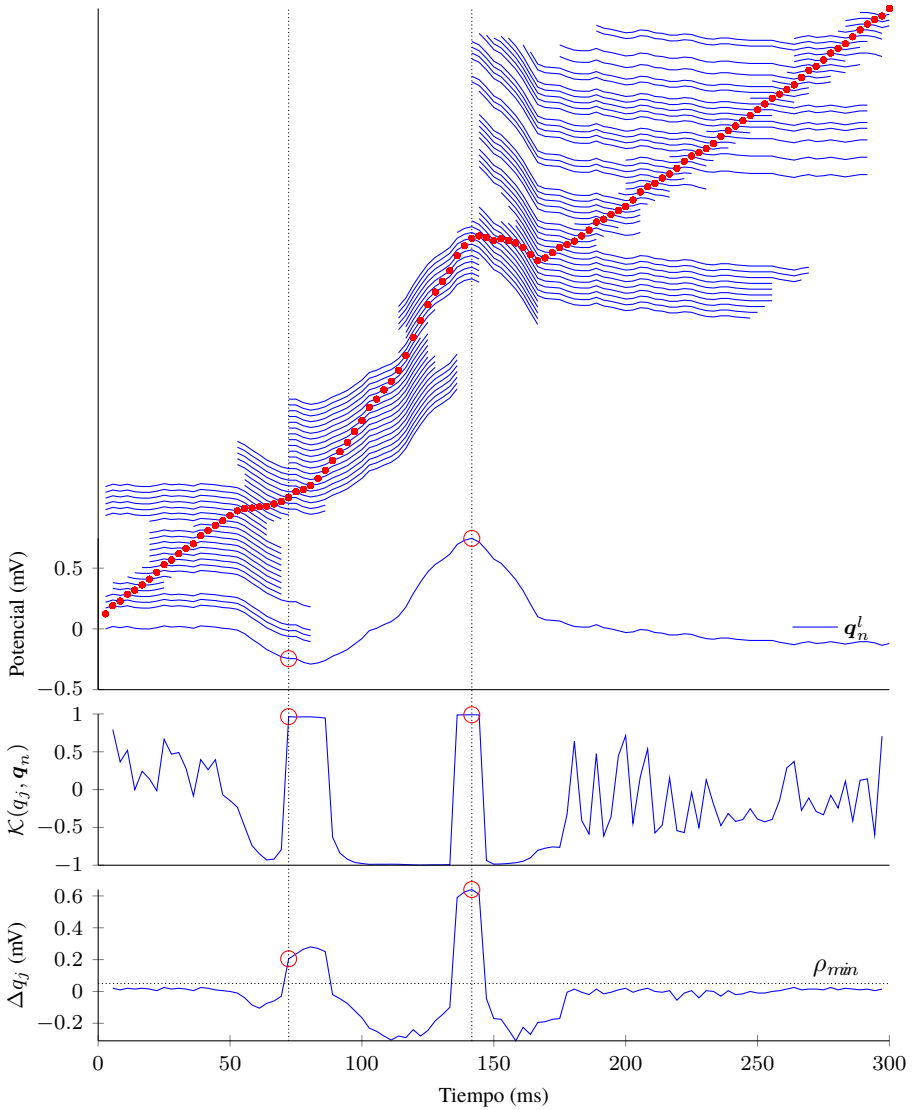


Figura 2.11: Parámetros implicados en la detección de puntos relevantes sobre un complejo QRS. En la gráfica se presenta el potencial de una secuencia q_n^l y, sobre él, cada muestra q_j (punto rojo) junto con el segmento contenido en su región de dominancia $[r_j^-, r_j^+]$. Cada muestra y su segmento asociado han sido desplazados verticalmente para facilitar su observación. A continuación, se representa, el valor de la curvatura \mathcal{K} obtenido para cada muestra q_j , así como la altura Δq_j descrita en la definición 3. Obsérvese la presencia de dos puntos dominantes ($\Delta q_j > \rho_{min}$) marcados mediante líneas verticales. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. R108.C2 [00:11.294,00:11.594].

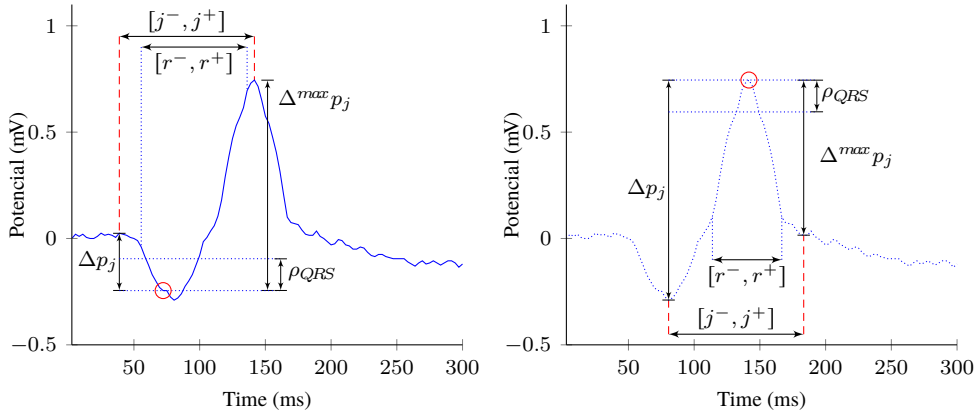


Figura 2.12: Representación de las regiones de dominancia y soporte asociadas a los puntos dominantes de un complejo QRS. Se muestran las desnivelaciones Δp_j y $\Delta^{max} p_j$ empleadas para determinar su pertenencia al conjunto de puntos relevantes. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. R108.C2 [00:11.294,00:11.594].

El término ρ_{QRS} es la altura mínima que debe alcanzar una deflexión en la señal para que una onda del QRS sea considerada relevante, siendo $\rho_{min} < \rho_{QRS}$. Según la definición anterior, se consideran relevantes todos aquellos puntos cuya altura supera ρ_{QRS} ; y en caso de no existir ninguno, como podría ocurrir en complejos QRS de muy baja amplitud, se consideran relevantes aquellos en los que el desnivel de uno de los flancos supere dicho umbral.

Puede observarse que en la definición no se contempla la posibilidad de que el conjunto de puntos dominantes sera nulo, $D_n = \emptyset$, esto es debido a que el detector de latidos ha determinado la presencia de un complejo QRS y por lo tanto debe existir al menos una onda con la amplitud mínima requerida ρ_{min} .

Con objeto de ilustrar las definiciones anteriores, en la figura 2.12 se representa la región de soporte y altura asociadas a cada uno de los dos puntos dominantes detectados en el complejo QRS de la figura 2.11. Ambos puntos resultan ser relevantes ya que su altura Δp_j supera el umbral mínimo ρ_{QRS} . En el ejemplo de la figura, puede observarse cómo las posiciones de los puntos relevantes se encuentran próximas a los picos de las ondas del QRS, aunque no han de coincidir necesariamente con éstos; además, cada región de soporte incluye no solo la propia onda sino también el flanco de la onda adyacente cuando no existe separación entre ambas. Como consecuencia de esto, las regiones de soporte pueden solaparse.

Finalmente, en la figura 2.13 se muestra el resultado de aplicar el algoritmo de detección de puntos relevantes a un conjunto de complejos QRS extraídos de la base de datos MIT-

2.3. Caracterización del complejo QRS

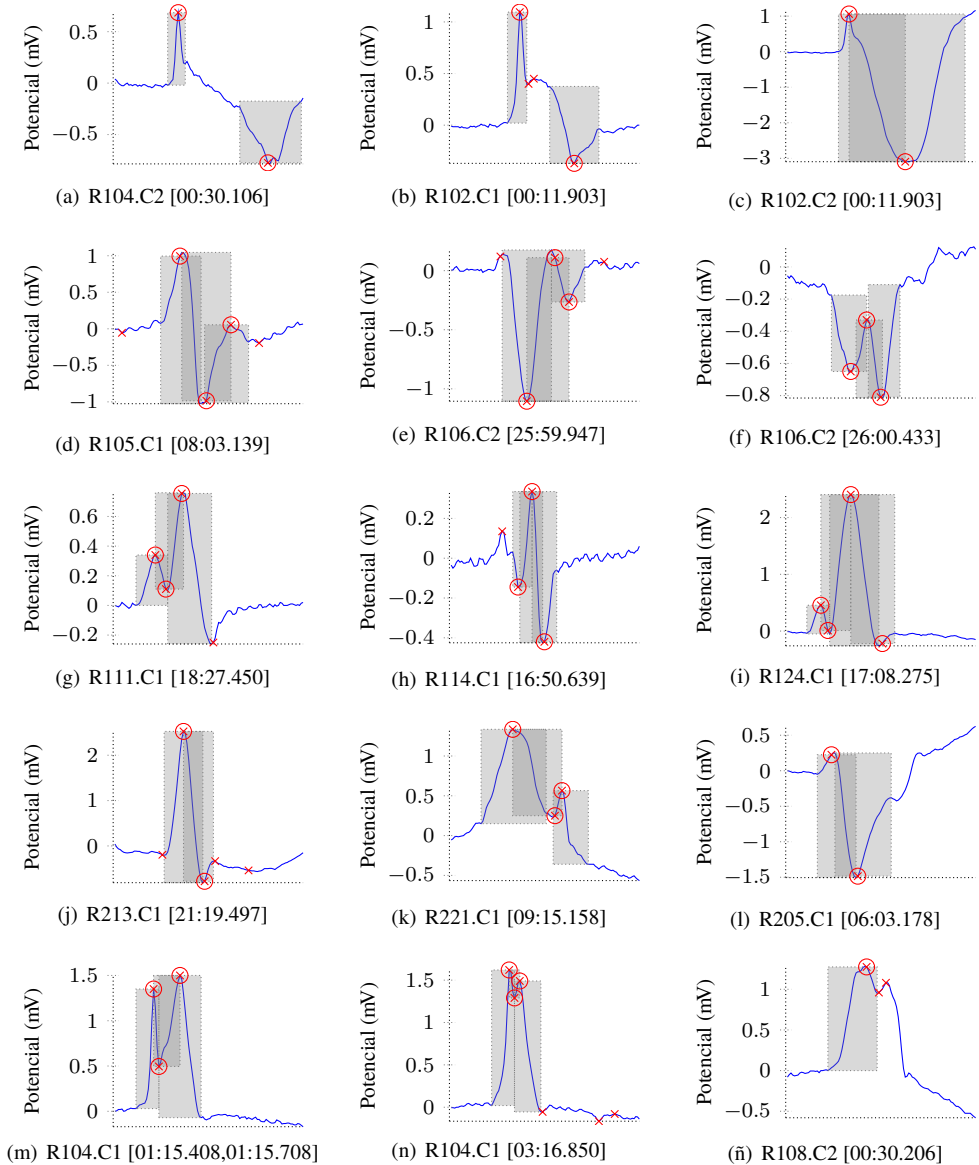


Figura 2.13: Resultado de la ejecución del algoritmo de detección de puntos relevantes sobre diversas morfologías de complejo QRS. Para cada complejo, se representan los puntos dominantes (x), los puntos relevantes (o) y las regiones de soporte (sombreadas en gris). Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. Cada segmento incluye 100ms previos y 200ms posteriores a la marca temporal del complejo.

BIH Arrhythmia, constituyendo un conjunto bastante representativo de las diferentes variantes morfológicas que pueden encontrarse en un ECG. Cada subfigura representa el segmento asociado a un complejo en el que se han marcado los puntos relevantes y sus respectivas regiones de soporte. También se ha incluido el conjunto de puntos dominantes detectados para ilustrar la capacidad del algoritmo para detectar cualquier onda presente en el segmento.

Los resultados que proporciona el algoritmo son robustos ante la presencia de ruido de baja amplitud, como puede apreciarse en las subfiguras 2.13(d) a 2.13(h). En ellas, las distorsiones provocadas por el ruido o bien son ignoradas por el algoritmo o bien detectadas como puntos dominantes. Como veremos en la sección 2.7, esta característica puede emplearse como medio de detección de ruido cuando éste posee amplitud suficiente para distorsionar la morfología.

Al observar con detenimiento cada una de las subfiguras, puede apreciarse cómo las regiones de soporte engloban aquellos intervalos de señal que contienen las características morfológicas más destacadas del complejo. Centrar la caracterización del complejo QRS en dichos intervalos permite extraer un patrón morfológico más robusto, ya que ignora las variaciones presentes en los restantes segmentos que habitualmente poseen una peor relación señal/ruido.

La única situación que hemos encontrado en la que el algoritmo no ofrece un resultado óptimo, esto es, no captura la totalidad de ondas constituyentes del complejo QRS, se ilustra en el último elemento de la serie (2.13(ñ)) y surge cuando un complejo presenta una onda mellada con una deflexión de altura superior a ρ_{\min} pero inferior a ρ_{QRS} . En ese caso, el algoritmo detecta los puntos dominantes que permiten identificar las características morfológicas relevantes, pero dependiendo de la ubicación de los mismos, puede que, como ocurre en el ejemplo expuesto, solamente uno de ellos sea clasificado como relevante y su región de soporte no abarque la onda en su totalidad. El motivo subyacente a este comportamiento reside en la aproximación empleada para determinar la altura de las ondas, que emplea diferencias relativas y prescinde de niveles de referencia base (isoeléctrica). Como consecuencia, se obtiene una representación parcial del latido que omite una parte relevante del mismo. Si la caracterización del complejo estuviese restringida a las regiones de soporte obtenidas, esta situación podría inducir un error en las fases posteriores del método, al impedir que dicho latido se diferenciase de otro que no presente la onda mellada. Como veremos en detalle en el apartado 2.4, el método de agrupamiento, durante el procesamiento del complejo QRS, realiza un alineamiento empleando la totalidad del segmento, y su resultado atenúa la influencia que esta representación parcial pudiese tener.

Fundamentos de la asignación de parámetros

A lo largo de esta sección se ha definido un conjunto de parámetros que condicionan el funcionamiento del algoritmo de detección de puntos relevantes (θ_{min} , θ , ρ_{min} y ρ_{QRS}), pero se ha omitido la discusión sobre los valores asignados. En este apartado se proponen dichos valores así como los fundamentos que justifican la elección de cada uno de ellos.

No existe un consenso en la bibliografía sobre los límites para la anchura y altura del complejo QRS o sus ondas individuales. El estándar AAMI [12] recomienda una amplitud mínima de $50\mu V$ y una duración de 10ms para que una onda del QRS sea detectada, y $150\mu V$ para la amplitud pico a pico del QRS, con una duración mínima de $70ms$. Por otra parte, la AHA [45] y la CSE [81] proporcionan una amplitud menor para las ondas de QRS (disminuye hasta los $20\mu V$ de amplitud y 10ms de anchura), basándose en medidas sobre latidos promedio en los que la relación señal/ruido ha sido mejorada. Estos límites no fueron establecido por motivos fisiológicos, sino debido al nivel de ruido de la señal o a limitaciones de la instrumentación. No se aporta nada sobre la anchura máxima del QRS más allá de una referencia a valores de duración obtenidas de casos de estudio (p.e. el estudio de la CSE [81] proporciona una anchura máxima de QRS de 210ms). En nuestro caso, se han adoptado los siguientes valores:

- ρ_{QRS} : debido a la relación señal/ruido que poseen las señales en los escenarios planteados, el valor elegido es de $150\mu V$ para evitar la detección de pequeñas ondas causadas por ruido.
- ρ_{min} : su valor se fija en $50\mu V$ siguiendo el estándar AAMI [12] y será útil para detectar complejos QRS contaminados por ruido.
- θ : se asigna un valor de 100ms que permite capturar en su totalidad ondas simétricas con una anchura máxima de 200ms.
- θ_{min} : la elección de su valor se basa en el criterio de aceptación de ondas expuesto por la AAMI [12], según el cual una onda debe mantener su amplitud por encima del umbral de altura establecido al menos durante el umbral mínimo de tiempo elegido. Dado que establecen dicho umbral de tiempo en 10ms, es necesario establecer una anchura mínima superior para contemplar aquellas muestras en los flancos de subida y bajada de la onda que no superan el umbral de altura. Por ello, se establece un valor de $\theta_{min} = 10ms$, lo que exige ondas con una anchura mínima de 20ms.

2.3.2. Plantilla de latido

El proceso de asignación de un complejo QRS a un grupo morfológico determinado requiere evaluar la similitud de dicho complejo con el conjunto de grupos existentes en el momento de su detección. Para calcular dicha similitud resulta necesario definir una representación de latido y, para ello, tomamos como punto de partida los resultados del algoritmo de detección de puntos relevantes.

Definición 6. *Definimos la plantilla asociada al latido n -ésimo, denotada por B_n , como:*

$$B_n = \langle \mathbf{q}_n, P_n \rangle \quad (2.15)$$

donde \mathbf{q}_n es la subsecuencia definida en la ecuación 2.4 y P_n el conjunto de sus puntos relevantes y regiones de soporte definido como:

$$P_n = \{(p_j, \text{soporte}(p_j)) \mid p_j \in R_n\}. \quad (2.16)$$

En la figura 2.13 puede apreciarse una representación visual del contenido de la plantilla, donde cada subfigura ilustra sus componentes sobre un complejo QRS.

2.3.3. Plantilla de grupo

El método de agrupamiento emplea un conjunto dinámico de grupos para representar los diferentes patrones morfológicos de complejos QRS presentes en una señal de ECG. Dicho conjunto se actualiza con cada nuevo latido procesado, dando lugar a una serie temporal indexada con el número de secuencia de los latidos detectados, que denotaremos mediante el índice n . Por este motivo, a partir de este punto cualquier mención al instante n debe ser entendido como una referencia al instante de ocurrencia del n -ésimo latido.

Sea C la serie temporal $C = \{C_1, C_2, \dots, C_n, \dots\}$ donde C_n denota al conjunto de grupos que representa las morfologías de complejo QRS presentes en un registro de ECG desde su inicio hasta el latido n -ésimo. Definimos el conjunto de grupos en el instante n como $C_n = \{C_n^c \mid 1 \leq c \leq N_n\}$ donde C_n^c denota al grupo c -ésimo, y N_n , al número de grupos existentes en dicho instante.

Esta definición refleja dos aspectos del carácter dinámico del conjunto de grupos; el primero es la variación potencial del número de grupos del conjunto (N_n) a lo largo del tiempo. Y el segundo, el carácter dinámico del índice de grupo asociado a un patrón morfológico concreto,

es decir, no existe garantía de que el índice del grupo que representa a un patrón determinado en el instante n coincida con el índice en otro instante posterior.

Definición 7. Definimos el **grupo morfológico** c -ésimo en el instante n , denotado por C_n^c , como un subconjunto de los latidos previos, representados mediante sus respectivas plantillas B_i ($C_n^c \subseteq \{B_i \mid i \leq n\}$), considerados como instancias de un mismo patrón morfológico de complejo QRS.

La evaluación de la semejanza entre un latido, representado mediante su plantilla B_n , y el conjunto de grupos existentes inmediatamente antes de su detección, denotado por C_{n-1} , requiere la definición de un método de comparación que permita obtener una valoración cuantitativa de su similitud. Teniendo en cuenta la evolución temporal que pueden presentar las morfologías de complejo QRS, se ha optado por emplear una representación de grupo basada en plantillas adaptativas como base para definir dicho método, que en última instancia permitirá asignar el latido a un determinado grupo.

Definición 8. Definimos la plantilla asociada al grupo C_n^c , denotada por T_n^c , como:

$$T_n^c = \langle \mathbf{q}_n^c, P_n^c \rangle \quad (2.17)$$

donde $\mathbf{q}_n^c = \{q_1^c, \dots, q_w^c\}$ se define como:

$$\mathbf{q}_n^c = \sum_{B_i \in C_n^c} \alpha_i \mathbf{q}_i \quad (2.18)$$

y el término P_n^c se corresponde con el conjunto de puntos relevantes y regiones de soporte obtenidos al aplicar el algoritmo de detección de puntos relevantes sobre \mathbf{q}_n^c .

La distribución de pesos α_i empleada para el cálculo de \mathbf{q}_n^c , cuya elección se explica en detalle en el apartado 2.6, determina la capacidad de adaptación de la plantilla a la evolución temporal de la morfología que representa.

2.4. Alineamiento de complejos QRS

El método de agrupamiento hace uso de las plantillas que caracterizan los complejos QRS y los grupos cuando debe decidir si dos morfologías responden a un mismo patrón. Dichas plantillas toman como base subsecuencias definidas en el dominio temporal (\mathbf{q}_n o \mathbf{q}_n^c), a partir las cuales debe obtenerse una medida de similitud. La representación en el dominio

temporal tiene el inconveniente de estar sujeto a la existencia de un desalineamiento en tiempo y/o magnitud entre las subsecuencias, lo que puede dificultar la identificación de morfologías similares. Por ello es necesario alinear, bien de forma previa, o bien durante en el propio cálculo, para compensar dicha distorsión y optimizar el valor de similitud obtenido.

Las subsecuencias q_n se definen en torno a las marcas fiduciales de los latidos, cuya ubicación depende del criterio empleado por el detector de latidos (máxima pendiente del complejo QRS, máxima pendiente ascendente de la onda R, pico de la onda con mayor amplitud, etc.). Dicho criterio condiciona la estabilidad de la ubicación de la marca para los latidos que corresponden a un mismo patrón morfológico y, en consecuencia, puede introducir un desplazamiento lineal y uniforme entre las subsecuencias que es necesario compensar. En este caso, la propuesta más habitual presente en la bibliografía [58, 90] se basa en definir múltiples subsecuencias $q_n^{(i)}$ para representar el n -ésimo latido tomando como referencia diferentes instantes $t + i$ en torno al instante t asociado a la marca fiducial del latido. El cálculo de la similitud se realizará con aquella que optimice una determinada medida de distancia.

En la figura 2.14 puede observarse el resultado del proceso de alinear mediante esta técnica complejos QRS procedentes de cuatro registros diferentes de la base de datos MIT-BIH. Cada subfigura muestra las subsecuencias asociadas a dos complejos, un patrón de referencia (línea continua) y un complejo nuevo (línea discontinua), así como el valor absoluto de su diferencia, cuya suma se emplea como medida de distancia. En la fila superior, se representan las subsecuencias iniciales definidas a partir de la marca fiducial respectiva y en la inferior, los complejos ya alineados. La solución emplea un intervalo de 50ms en torno a la marca fiducial para definir las variaciones de la subsecuencia del complejo nuevo y optimizar la distancia entre ambos. Aunque las señales empleadas han sido sometidas al proceso de filtrado previo, esta solución realiza un alineamiento vertical óptimo de cada variante que minimiza la distancia. En este caso, la medida de distancia empleada es la suma del valor absoluto de la diferencia, por lo que el alineamiento óptimo se obtiene cuando la mediana de la serie de diferencias es cero.

Si se observan los resultados del ejemplo, puede apreciarse que, a pesar del alineamiento, en tres de los casos, la diferencia entre los complejos sigue siendo apreciable, lo que puede dificultar su correcta equiparación. Esto pone de manifiesto la incapacidad del alineamiento lineal para compensar las variaciones que pueden sufrir los complejos asociados a un mismo patrón de activación/propagación del latido, debido a la variabilidad intrínseca de este. Cada onda constituyente, puede variar en cierto grado su anchura y altura entre complejos, de modo

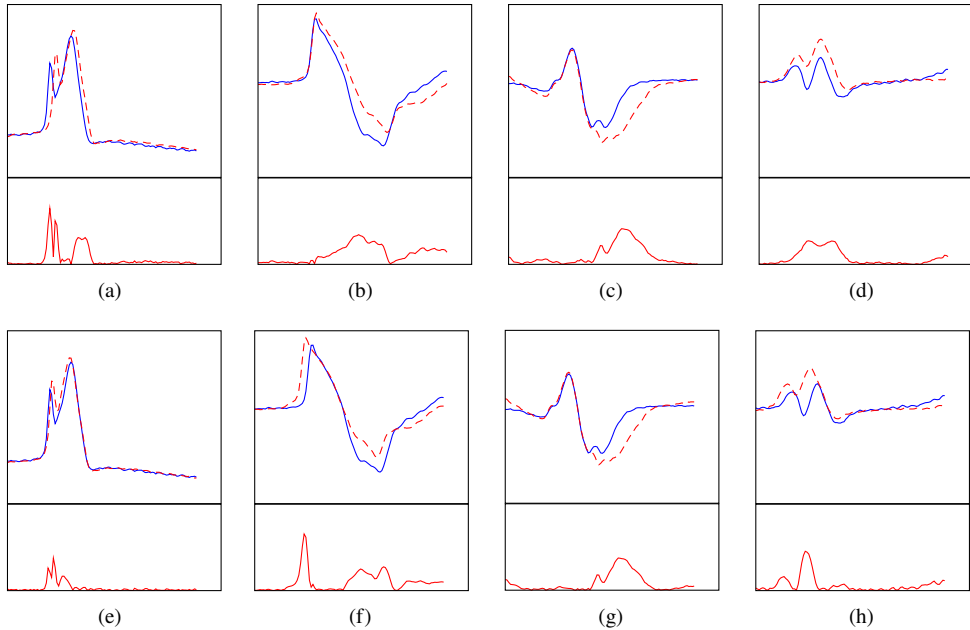


Figura 2.14: Ejemplos de alineamiento lineal de complejos QRS. Cada subfigura muestra, en su parte superior, dos complejos procedentes del mismo registro y, en su parte inferior, el valor absoluto de su diferencia. En la primera fila (a-d) se muestran los complejos alineados por su marca temporal y en la segunda, (e-h), el resultado de alinear dichos complejos aplicando el desplazamiento óptimo en ambas dimensiones que minimice su diferencia. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. (a) R104.C1 [00:04.103][—], [00:09.783][---]. (b) R107.C1 [02:41.503], [02:42.325]. (c) R109.C1 [23:39.844], [24:16.297]. (d) R111.C1 [2:28.669], [02:33.000].

que la alteración de una de ellas afecte directamente a la posición de las siguientes. Por este motivo, resulta deseable emplear un método de alineamiento que permita la compensación de estas diferencias de forma independiente para cada componente del complejo.

Para abordar este problema, en la bibliografía [19, 38, 94] se ha propuesto el uso de una técnica no lineal denominada *Alineamiento Temporal Dinámico* (DTW por sus siglas en inglés: *Dynamic Time Warping*) [86], empleada habitualmente en otros ámbitos como reconocimiento de voz [67, 87], gestos [20] o escritura [95], donde es necesario detectar la ocurrencia de patrones en series temporales. Con la aplicación de esta técnica se persigue, por una parte, corregir cualquier desalineamiento temporal debido a una variación en la ubicación de la marca fiducial de un latido; y por otra, compensar la variabilidad de las ondas constituyentes del QRS para reducir su penalización en la medida de similitud.

2.4.1. Alineamiento Temporal Dinámico

El Alineamiento Temporal Dinámico [86] es una técnica que permite obtener un alineamiento no lineal entre dos series temporales que optimice una determinada medida de coste. Ya ha sido utilizada previamente en el ámbito del procesamiento de la señal de ECG con el objetivo de alinear latidos, ya sea para la obtención de una medida de similitud que permita la identificación de patrones [19, 38, 94], como método de alineamiento que facilite la segmentación automática de latidos [100], o para el cálculo de latidos promedio que faciliten la obtención de potenciales evocados [33].

En su planteamiento general, la técnica es aplicable a series definidas sobre cualquier espacio de características con la única exigencia de que sus elementos mantengan equidistancia temporal, de modo que las series pueden tener diferente longitud. Sin embargo, en el contexto de la presente tesis, se aplica sobre las subsecuencias de longitud fija asociadas a las plantillas de latido o de grupo, por lo que desarrollaremos una descripción formal asumiendo esta premisa de partida. Aunque las definiciones que se presentan a continuación son aplicables a series temporales definidas sobre cualquier espacio, a efectos de facilitar la legibilidad, la notación empleada se corresponde con la que denota las subsecuencias asociadas a una plantilla de latido, \mathbf{q}_n , y a una de grupo, \mathbf{q}_{n-1}^c .

Comenzaremos definiendo el concepto de alineamiento entre dos series:

Definición 9. Sean $\mathbf{q}_n = \{q_1, \dots, q_i, \dots, q_w\}$ y $\mathbf{q}_{n-1}^c = \{q_1^c, \dots, q_j^c, \dots, q_w^c\}$ dos subsecuencias. Se define un **camino de alineamiento** entre \mathbf{q}_n y \mathbf{q}_{n-1}^c como la secuencia $\mathbf{m} = (m_1, \dots, m_k, \dots, m_K)$, donde $m_k = (x_k, y_k) \in [1, w] \times [1, w]$, para $k \in [1, K]$ con $K \geq w$, que satisface las siguientes condiciones:

1. *Condición de frontera:* $m_1 = (1, 1)$ y $m_K = (w, w)$.
2. *Condición de monotonicidad:* $x_k \leq x_{k'}$ e $y_k \leq y_{k'}$, $\forall k < k'$.
3. *Condición de continuidad:* $m_{k+1} - m_k \in \{(1, 1), (1, 0), (0, 1)\}$.

Dado un camino \mathbf{m} , cada elemento m_k representa el alineamiento del elemento con índice x_k de \mathbf{q}_n y el elemento con índice y_k de \mathbf{q}_{n-1}^c . En consecuencia, el camino \mathbf{m} da lugar a dos nuevas secuencias $\{q_{x_1}, \dots, q_{x_k}, \dots, q_{x_K}\}$ y $\{q_{y_1}^c, \dots, q_{y_k}^c, \dots, q_{y_K}^c\}$ de longitud K . Las condiciones impuestas sobre \mathbf{m} garantizan que dichas secuencias contienen la totalidad de elementos de cada subsecuencia inicial, manteniendo su orden temporal:

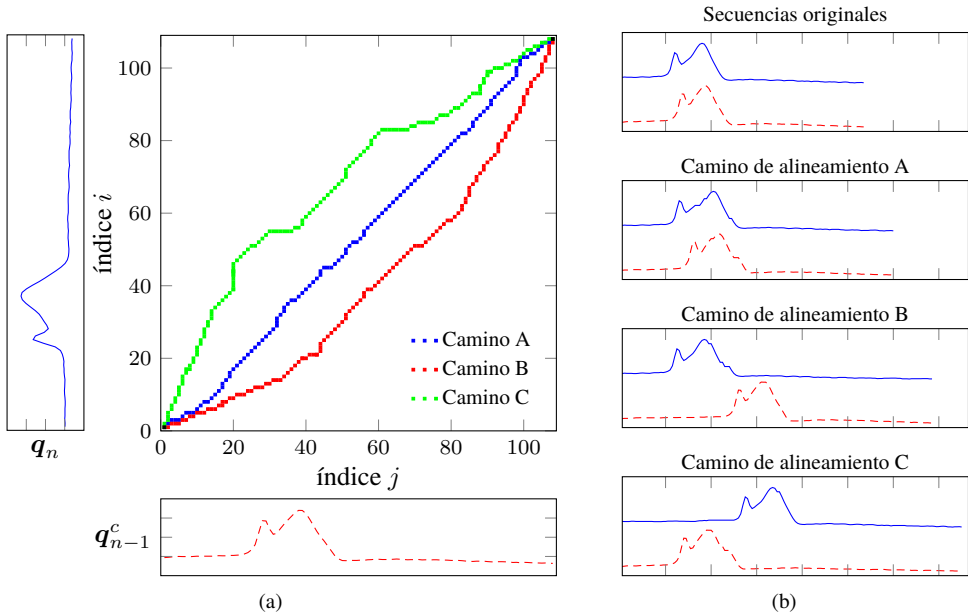


Figura 2.15: Representación de caminos de alineamiento entre dos subsecuencias q_n y q_{n-1}^c . En la subfigura (a), se muestran ambas subsecuencias y tres caminos alternativos. En la subfigura (b) se muestran las subsecuencias originales y las secuencias asociadas a cada camino de alineamiento. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. R104.C1 [00:04.103], [00:09.783]. Orden de los complejos: [—][- - -]

- La condición de frontera fuerza el alineamiento de las subsecuencias completas al establecer la correspondencia entre los primeros puntos de ambas e igualmente entre los últimos, evitando que la parte inicial o final de alguna de ellas sea omitida.
- La condición de monotonicidad garantiza que el orden temporal de los elementos de las secuencias generadas respeta el orden temporal de los elementos en las subsecuencias iniciales.
- Por último, la condición de continuidad evita que algún elemento intermedio de cualquiera de las subsecuencias se omita en el alineamiento y, además, garantiza que el camino no contiene elementos duplicados.

En la figura 2.15 se muestran varios ejemplos de caminos de alineamiento para dos subsecuencias, q_n y q_{n-1}^c , representados como conjuntos de puntos en el espacio discreto de

índices $(1, w) \times (1, w)$ (subfigura 2.15(a)). El efecto de cada camino puede apreciarse en la subfigura 2.15(b) donde se muestran las subsecuencias iniciales y las secuencias resultantes para cada uno de ellos. Obsérvese cómo el camino A, que transcurre próximo a la línea central $i = j$ en el espacio de índices, provoca pequeñas deformaciones locales en la forma de las ondas presentes en cada subsecuencia aunque apenas provoca desplazamiento temporal entre ellas; sin embargo, tanto el camino B como el C, además de las deformaciones locales, provocan un desplazamiento temporal considerable.

Entre todos los caminos de alineamiento que es posible generar para dos series temporales, interesa seleccionar aquellos que den lugar a secuencias que sean óptimas bajo un determinado criterio. Para ello, el alineamiento temporal dinámico hace uso de la técnica de programación dinámica [8]. Dicha técnica tiene su fundamento en el principio de optimalidad de Bellman [8] que, aplicado en el contexto del alineamiento de secuencias, puede resumirse como: “El camino óptimo entre dos puntos dados es también óptimo entre cualesquiera dos puntos que pertenezcan a dicho camino”. Partiendo de este principio, la técnica de programación dinámica establece el procedimiento para obtener un camino óptimo de forma incremental. Para ello requiere la asignación de un coste a cada posible camino m obtenido a partir de las contribuciones de cada uno de sus elementos y que será empleado como criterio de selección.

Definición 10. Se define el *coste global* asociado a un camino de alineamiento m entre q_n y q_{n-1}^c como una función $\mathcal{G}(m, q_n, q_{n-1}^c) = \sum_{k=1}^K \mathcal{G}_l(q_{x_k}, q_{y_k}^c)$, donde $\mathcal{G}_l(q_{x_k}, q_{y_k}^c)$ es el *coste local* asociado al elemento $m_k = (x_k, y_k)$ del camino.

Definición 11. Se dice que un camino de alineamiento m entre q_n y q_{n-1}^c es *óptimo* si $\forall m' \neq m, \mathcal{G}(m, q_n, q_{n-1}^c) \leq \mathcal{G}(m', q_n, q_{n-1}^c)$.

En nuestro caso, el criterio para la selección del camino óptimo se corresponde con la similitud morfológica entre los fragmentos de señal; por ello, hemos optado por emplear la distancia L_1 como función de coste local:

$$\mathcal{G}_l(q_i, q_j^c) = |q_i - q_j^c| \quad (2.19)$$

Hemos descartado el uso de medidas de distancia no lineales, como $L_2 \left(\sqrt{(q_i)^2 - (q_j^c)^2} \right)$, ya que éstas dan mayor relevancia a ciertas diferencias en función de su magnitud, lo cual provoca que en los caminos óptimos prevalezca la compensación de dichas diferencias a costa de aumentar la diferencia en zonas donde inicialmente era baja.

Algoritmo 1: Algoritmo para alineamiento de dos secuencias mediante DTW.

Entrada: Subsecuencias q_n y q_{n-1}^c de longitud w
Salida: Par $(\mathbf{m}, \mathcal{G}(\mathbf{m}, q_n, q_{n-1}^c))$ donde $\mathbf{m} \in ([1, w] \times [1, w])^K$ es el camino de alineamiento óptimo y $\mathcal{G}(\mathbf{m}, q_n, q_{n-1}^c) \in \mathbb{R}$, su coste global.

- 1 $C \leftarrow \text{array}[0..w, 0..w]$; ▶ Matriz de coste global de tamaño $(w+1) \times (w+1)$.
El elemento (i, j) almacena el coste global del camino óptimo entre $(1, 1)$ e (i, j)
- 2 $M \leftarrow \text{array}[1..w, 1..w]$; ▶ Matriz de camino óptimo de tamaño $w \times w$.
El elemento (i, j) almacena el par previo en el camino óptimo entre $(1, 1)$ e (i, j)
- 3 $C(0..w, 0..w) \leftarrow \infty$; $M(1..w, 1..w) \leftarrow (0, 0)$;
▶ Condición de frontera
- 4 $C(0, 0) \leftarrow 0$;
▶ Asignación de coste a cada par (i, j) bajo la condición de continuidad.
- 5 **para** $i \leftarrow 1$ **a** w **hacer**
- 6 **para** $j \leftarrow 1$ **a** w **hacer**
- 7 ▶ Condición de continuidad: elementos previos admisibles.
7 $P \leftarrow \{(i-1, j-1), (i, j-1), (i-1, j)\}$
- 8 ▶ Cálculo del coste global de la trayectoria óptima $(1, 1) \rightarrow (i, j)$
8 $C(i, j) \leftarrow \min_{(x, y) \in P} C(x, y) + \mathcal{G}_l(q_i, q_j^c)$;
- 9 $M(i, j) \leftarrow \arg \min_{(x, y) \in P} C(x, y)$;
- 10 **fin**
- 11 **fin**
▶ Se reconstruye el camino de alineamiento a partir del elemento (w, w)
- 12 $k \leftarrow 1, x \leftarrow w, y \leftarrow w$;
- 13 $(x, y) \leftarrow M(x, y)$;
- 14 **mientras** $(x, y) \neq (0, 0)$ **hacer**
- 15 $m_k \leftarrow (x, y)$;
- 16 $(x, y) \leftarrow M(x, y); k \leftarrow k + 1$;
- 17 **fin**
- 18 $\mathbf{m} \leftarrow (m_k, \dots, m_1)$; ▶ Inversión del camino reconstruido
- 19 **devolver** $(\mathbf{m}, C(w, w))$;

En el algoritmo 1 se muestra la implementación en pseudocódigo de la técnica de alineamiento temporal dinámico mediante programación dinámica. Este algoritmo permite obtener el camino de alineamiento óptimo entre dos subsecuencias, q_n y q_{n-1}^c , así como su coste global, restringiendo la búsqueda a aquellos caminos de alineamiento $\mathbf{m} = (m_1, \dots, m_K)$, no necesariamente óptimos, en los que (m_1, \dots, m_{K-1}) sea un camino óptimo para las subsecuencias $(q_1, \dots, q_{x_{K-1}})$ y $(q_1^c, \dots, q_{y_{K-1}}^c)$ donde $m_{K-1} = (x_{K-1}, y_{K-1})$. Aquel que tenga

un menor coste global será el camino óptimo para q_n y q_{n-1}^c . Este razonamiento puede aplicarse de forma recursiva hasta alcanzar el camino de tamaño mínimo, que se corresponde con subsecuencias formadas por un único elemento y cuyo camino óptimo es el par $(1, 1)$, definido en la condición de frontera.

A partir de este camino óptimo inicial, se calcula el coste global del camino óptimo que finaliza en cada uno de los elementos (i, j) del espacio $(1, w) \times (1, w)$ (líneas 5 a 11). Para ello, debe tenerse en cuenta que únicamente es necesario conocer el coste de los caminos óptimos que finalizan en $(i - 1, j - 1)$, $(i, j - 1)$ y $(i - 1, j)$, ya que la condición de continuidad determina que las posibles diferencias entre elementos consecutivos de un camino están limitadas a: $(1, 1)$, $(1, 0)$ y $(0, 1)$. El cálculo se realiza siguiendo el orden necesario para que esté disponible el coste global del camino óptimo hasta cada uno de los posibles elementos precedentes.

Asociado a cada elemento (i, j) se almacena, además del coste global, el elemento previo de su camino óptimo en la posición (i, j) de la matriz M (líneas 3 y 9), de modo que al concluir el proceso iterativo, es posible recorrer de forma inversa el camino de alineamiento óptimo entre q_n y q_{n-1}^c partiendo del elemento $M(w, w)$ (líneas 12 a 17).

El algoritmo descrito proporciona una solución al problema del alineamiento cuya validez debe ser analizada en el ámbito de aplicación concreto, ya que las variaciones que se introducen en las secuencias generadas por el camino óptimo pueden resultar inaceptables. En particular, en el caso del problema abordado en esta tesis, las distorsiones son inaceptables cuando deforman la morfología de las ondas constituyentes del complejo QRS más allá de la variabilidad propia de un patrón de activación/propagación. La causa de dichas distorsiones reside en dos factores:

- Inexistencia de limitación al intervalo temporal que inicialmente separa las muestras que resultan alineadas por el algoritmo. Cualquier muestra i de un complejo QRS puede ser alineada con cualquier muestra j de otro. Como consecuencia, puede producirse una dilatación de la morfología que puede suponer desde un aumento de la anchura de una onda a la separación temporal de ondas contiguas. En la figura 2.16 se muestra el resultado de aplicar el algoritmo de alineamiento sobre tres pares de complejos QRS pertenecientes, todos ellos, a diferentes patrones de activación/propagación. La primera fila de subfiguras presenta los complejos sin alinear, y la segunda, los complejos alineados mediante DTW. En la subfigura 2.16(d)), puede observarse cómo el alineamiento

de dos complejos QRS introduce un intervalo temporal entre las ondas R y S de uno de ellos.

- Inexistencia de un límite al número de veces que una misma muestra de un complejo QRS puede repetirse en un camino de alineamiento (dentro de los límites impuestos por las condiciones de frontera y continuidad). Esto ocurre cuando la diferencia $m_{k+1} - m_k \in \{(1,0), (0,1)\}$ se mantiene para varios elementos consecutivos. Como consecuencia, la secuencia generada a partir de dicho camino presentará un segmento plano, como puede ilustrarse en las subfiguras 2.16(e) y 2.16(f), donde puede observarse la aparición de segmentos planos en el pico de algunas ondas que provoca un incremento en sus anchuras.

La combinación de ambos factores permite que un camino de alineamiento suponga la compresión o dilatación excesiva de cualquier región de los complejos, así como el alineamiento entre segmentos de señal que se encontraban muy distanciados en las subsecuencias de partida. Esto puede provocar que dos morfologías claramente diferentes se tornen artificialmente similares, como se muestra en 2.16(f).

Existen diferentes restricciones aplicables a la técnica de alineamiento temporal dinámico que permiten limitar el conjunto de caminos admisibles a una región del espacio $(1, w) \times (1, w)$, y que evitan, de este modo, que se produzcan efectos no deseados. Dichas restricciones se clasifican en *globales*, si establecen límites sobre los elementos permitidos en el espacio de índices, independientes del camino concreto, o *locales*, si el criterio de admisión de un determinado elemento depende de los elementos previos del camino.

La primera restricción que se ha adoptado es de carácter global y confina los caminos admitidos a una región denominada banda de Sakoe-Chiba [87]. Un camino de alineamiento m está contenido en la banda de Sakoe-Chiba de anchura δ si cumple la condición:

$$|x_k - y_k| \leq \delta, \quad (2.20)$$

por lo tanto, esta banda define la distancia temporal máxima admisible que dos muestras alineadas poseen en las subsecuencias iniciales. En la figura 2.17(a) se muestra un ejemplo de región asociada a la banda de Sakoe-Chiba aplicada a los mismos caminos de la figura 2.15. Obsérvese cómo en este caso, solamente el camino A sería admisible bajo esta restricción.

La segunda restricción es de carácter local y extiende los límites impuestos en la condición de continuidad, definidos para elementos adyacentes, a conjuntos de elementos consecutivos

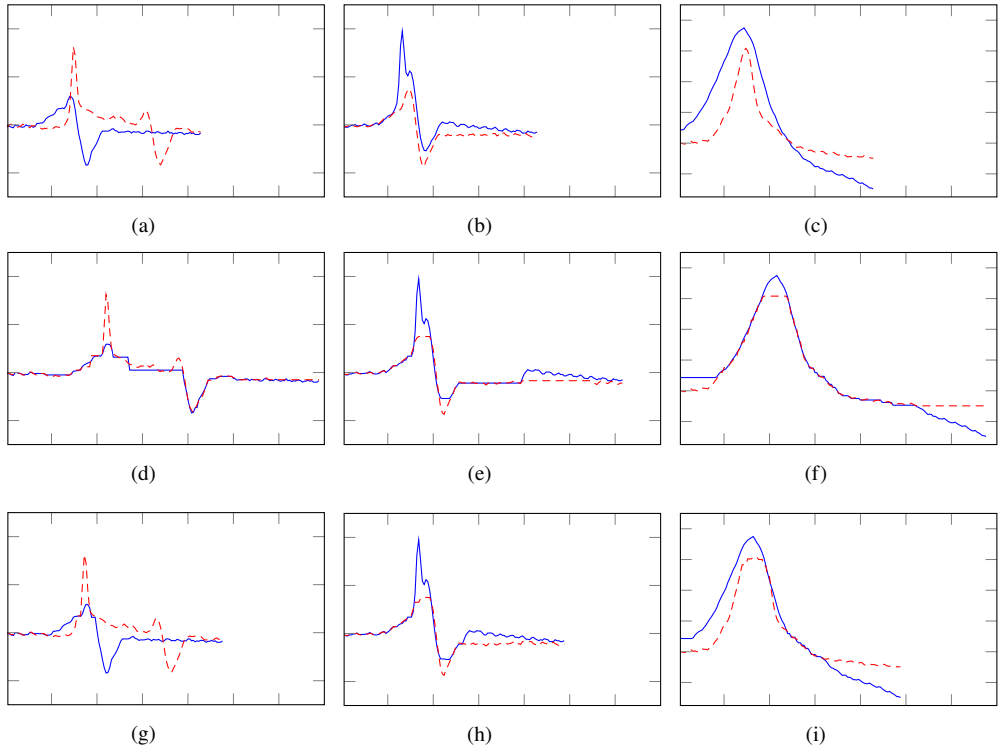


Figura 2.16: Resultado de aplicar del algoritmo DTW sobre pares de complejos QRS pertenecientes a diferentes patrones de activación/propagación. La primera fila muestra las subsecuencias no alineadas; la segunda, el resultado del alineamiento sin restricciones; y la tercera, el resultado aplicando restricciones (banda de Sakoe-Chiba y restricción de pendiente). Puede observarse cómo el alineamiento sin restricciones provoca la aparición de segmentos planos que distorsionan las morfologías originales de forma inaceptable. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. (a) R104.C2 [21:51.650], [21:58.094]. (b) R104.C2 [22:44.475], [22:51.661].(c) R214.C1 [3:32.050], [3:33.214]. Orden de los complejos: [—][- - -]

del camino. En la figura 2.17(b) se muestra un ejemplo de una definición habitual de diferencias admisibles. El efecto de esta restricción es la imposición de un límite sobre la pendiente de cada subconjunto de λ elementos del camino en el espacio $(1, w) \times (1, w)$, que debe encontrarse en el intervalo $(1/\lambda, \lambda)$. Por ello se suele denominar restricción de pendiente y permite excluir aquellos caminos que incluyan repeticiones excesivas de un mismo índice:

$$m_{k+a} - m_k \notin \{(0, a), (a, 0)\}, \forall a \geq \lambda. \quad (2.21)$$

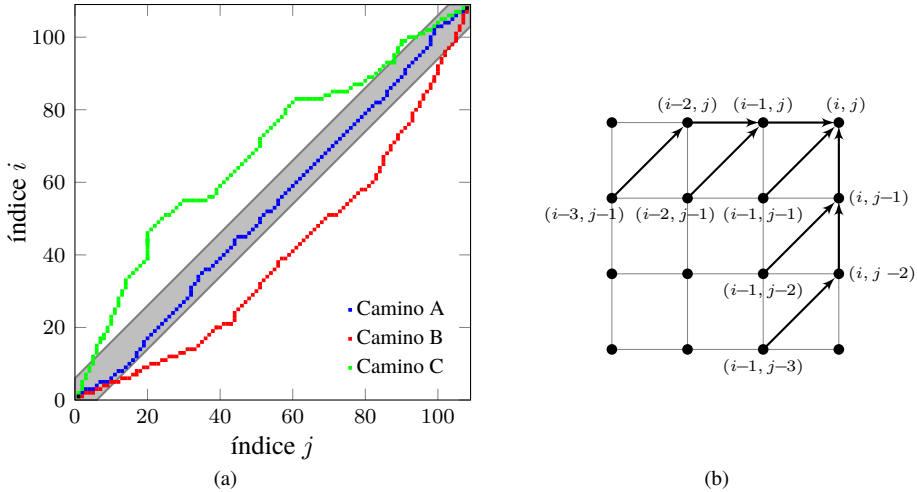


Figura 2.17: Representación de las restricciones aplicadas en la técnica DTW para evitar distorsiones inaceptables en las secuencias alineadas. En (a), se ilustra el efecto de la banda de Sakoe-Chiba, mostrando tres caminos sobre el espacio de índices $(1, w) \times (1, w)$, de los cuales solo uno transcurre en su totalidad dentro de la banda, definida con anchura $\delta = 5$. En (b) se muestra un ejemplo de restricción de pendiente ($\lambda = 3$) mediante la definición de las diferencias aceptadas entre cualquier subconjunto de elementos de un camino para que sea considerado válido. Un punto $(x_k, y_k) = (i, j)$ solo puede estar precedido por una secuencia de pares cuyas diferencias encajen en alguno de los patrones de la figura.

En la última fila de la figura 2.16 se muestra el resultado del alineamiento de los complejos representados en (a), (b) y (c) aplicando las restricciones representadas en la figura 2.17. Puede observarse como las distorsiones no deseadas han desaparecido en su totalidad en los complejos alineados de las figuras (g), (h) e (i).

En el algoritmo 2 se muestra la implementación en pseudocódigo del alineamiento con las restricciones mencionadas. La principal diferencia respecto al algoritmo 1 reside en la necesidad de mantener un coste infinito para los caminos asociados a elementos (i, j) situados fuera de la banda de Sakoe-Chiba (ver límites de lazo en la línea 6) y en el criterio de selección del camino óptimo asociado a cada par (i, j) (líneas 7 a 9).

El alineamiento mediante DTW con restricciones mejora notablemente los resultados, en tanto que no produce distorsiones inaceptables en las secuencias generadas, permite corregir el efecto del desalineamiento entre las marcas fiduciales de los latidos e, incluso, es capaz de compensar las variaciones de anchura de los componentes de un complejo QRS, todo ello dentro de los límites impuestos por la restricción de pendiente, como se muestra en la figura

Algoritmo 2: Algoritmo DTW con restricción de pendiente y banda de Sakoe-Chiba

Entrada: Subsecuencias q_n y q_{n-1}^c de longitud w , anchura δ de la banda de Sakoe-Chiba y parámetro λ de restricción de pendiente.

Salida: Par $(m, \mathcal{G}(m, q_n, q_{n-1}^c))$ donde $m \in ([1, w] \times [1, w])^K$ es el camino de alineamiento óptimo y $\mathcal{G}(m, q_n, q_{n-1}^c) \in \mathbb{R}$, su coste global.

```

1  $C \leftarrow \text{array}[-\lambda+1..w, -\lambda+1..w]$ ;
   ▶ Matriz de coste global. Tamaño  $(w+\lambda) \times (w+\lambda)$ 
2  $M \leftarrow \text{array}[1..w, 1..w]$ ;
   ▶ Matriz de camino óptimo de dimensión  $w \times w$ .
   Cada elemento es un par  $((x, y), ruta)$  donde
    $ruta$  es un conjunto ordenado de pares  $(a, b)$ 
3  $C(-\lambda + 1..w, -\lambda + 1..w) \leftarrow \infty$ ;  $M(1..w, 1..w) \leftarrow ((0, 0), ((0, 0)))$ ;
4  $C(0, 0) \leftarrow 0$ ;
   ▶ Condición de frontera
   ▶ Asignación de coste a cada par  $(i, j)$  bajo la condición de continuidad.
5 para  $i \leftarrow 1$  a  $w$  hacer
6   para  $j \leftarrow \max(1, i - \delta)$  a  $\min(w, i + \delta)$  hacer
7     ▶ Restricción de pendiente: patrones en formato  $((x, y), ruta)$ 
        $P \leftarrow \{ ((i - 1, j - 1), ((i, j))),$ 
        $((i - 2, j - 1), ((i - 1, j), (i, j))),$ 
        $\dots$ 
        $((i - \lambda, j - 1), ((i - \lambda + 1, j), \dots, (i - 1, j), (i, j))),$ 
        $((i - 1, j - 2), ((i, j - 1), (i, j))),$ 
        $\dots$ 
        $((i - 1, j - \lambda), ((i, j - \lambda + 1), \dots, (i, j - 1), (i, j))) \}$ 
8     ▶ Cálculo del coste global de la trayectoria óptima  $(1, 1) \rightarrow (i, j)$ 
        $C(i, j) \leftarrow \min_{((x, y), ruta) \in P} (C(x, y) + \sum_{(a, b) \in ruta} \mathcal{G}_l(q_a, q_b^c))$ ;
9      $M(i, j) \leftarrow \arg \min_{((x, y), ruta) \in P} (C(x, y) + \sum_{(a, b) \in ruta} \mathcal{G}_l(q_a, q_b^c))$ ;
10   fin
11 fin
   ▶ Se reconstruye el camino de alineamiento a partir del elemento  $(w, w)$ 
12  $k \leftarrow 1, x \leftarrow w, y \leftarrow w$ ;
13  $((x, y), ruta) \leftarrow M(x, y)$ ;
14 mientras  $(x, y) \neq (0, 0)$  hacer
15   para  $i \leftarrow 1$  a  $\text{Num\_elementos}(ruta)$  hacer
16      $m_k \leftarrow ruta(i)$ ;  $k \leftarrow k + 1$ ;
17   fin
18    $((x, y), ruta) \leftarrow M(x, y)$ ;
19 fin
20  $m \leftarrow (m_k, \dots, m_1)$ ;
   ▶ Inversión del camino reconstruido
21 devolver  $(m, C(w, w))$ ;

```

2.16. A pesar de ello, todavía no cubre en su totalidad el objetivo inicial planteado, ya que no permite corregir el desplazamiento en magnitud entre las subsecuencias ni compensar las variaciones de altura de los componentes de cada complejo. Además, la compensación de anchura se produce mediante la introducción de segmentos planos escalonados de longitud reducida (en el caso de la restricción de pendiente empleada en el ejemplo, se limita a 2 el número máximo de repeticiones de una misma muestra), dando lugar a secuencias con morfologías artificiales como se muestra en la figura 2.16(i).

Alineamiento Temporal Dinámico de Derivada

Con el objetivo de superar las limitaciones descritas, se ha optado por el uso de una variante de DTW denominada Alineamiento Temporal Dinámico de Derivada (DDTW por sus siglas en inglés: *Derivative Dynamic Time Warping*) [43], basada en la aplicación de DTW sobre la derivada de las subsecuencias. Este planteamiento, además de suplir las carencias de la propuesta anterior, posee una ventaja adicional, ya que el uso de la derivada elimina la necesidad de corregir el desalineamiento en magnitud, no resuelto mediante la técnica de DTW.

El procedimiento a seguir para la obtención de los complejos alineados mediante la técnica DDTW se compone de tres pasos:

1. Obtención de la derivada de las subsecuencias q_n y q_{n-1}^c , denotadas por \dot{q}_n y \dot{q}_{n-1}^c .
2. Alineamiento de las secuencias \dot{q}_n y \dot{q}_{n-1}^c mediante DTW para obtener las derivadas alineadas, denotadas por:

$$\begin{aligned}\hat{\dot{q}}_n &= (\dot{q}_1, \dots, \dot{q}_{x_k}, \dots, \dot{q}_{x_K}) \\ \hat{\dot{q}}_{n-1}^c &= (\dot{q}_1^c, \dots, \dot{q}_{y_k}^c, \dots, \dot{q}_{y_K}^c)\end{aligned}\quad (2.22)$$

3. Obtención de las secuencias que representan los complejos alineados, denotadas por \hat{q}_n y \hat{q}_{n-1}^c . Para ello, se aplica la integración de las derivadas alineadas $\hat{\dot{q}}_n$ y $\hat{\dot{q}}_{n-1}^c$.

En tanto que la derivada no está definida para una señal digital, es necesario emplear una aproximación. Para elegir la aproximación idónea, han de tenerse en cuenta las características del ámbito de aplicación concreto. En el presente caso, dado que se va a realizar la comparación entre plantillas de latido y grupo empleando las secuencias resultantes del alineamiento, la opción elegida debe cumplir las siguientes condiciones:

- Debe permitir recuperar la secuencia original a partir de la aproximación de su derivada, salvo por una constante de desplazamiento en magnitud.
- Las transformaciones de la derivada como consecuencia del alineamiento no deben alterar la estructura morfológica de las secuencias originales, esto es, no debe variar el número y la disposición de las ondas del complejo que representa.

Se han analizado múltiples alternativas para el cálculo aproximado de la derivada con el objetivo de verificar el cumplimiento de las condiciones descritas:

- *Keogh et al. [43]*: en el trabajo de presentación de la técnica de DDTW, se propone el uso de la aproximación:

$$\dot{q}_i = \frac{(q_i - q_{i-1}) + \frac{(q_{i+1} - q_{i-1})}{2}}{2}$$

por ser más robusta ante la presencia de valores anómalos. Su principal inconveniente es que no permite la reconstrucción de la secuencia original.

- *Diferencias centrales*: engloba un conjunto de aproximaciones que emplean las diferencias entre elementos equidistantes anteriores y posteriores al punto cuya derivada se desea aproximar. Su expresión más simple es:

$$\dot{q}_i = \frac{(q_{i+1} - q_{i-1})}{2}$$

La demás variantes proporcionan mayor precisión a costa de incrementar el número de puntos necesarios para su cálculo. Todas ellas permite la reconstrucción, pero para ello, requieren conocer al menos dos puntos de la secuencia original. Además, generan distorsiones en el pico de una onda si el elemento asociado en la secuencia original (cuya derivada se aproxima como $\dot{q}_i = 0$) resulta duplicado en la secuencia generada por el alineamiento.

- *Diferencias laterales*: la derivada se aproxima a partir de las diferencias entre el punto cuya derivada se desea calcular y uno o más elementos, todos ellos o bien posteriores o bien anteriores. Estas aproximaciones son fácilmente invertibles, aunque solamente la aproximación mediante la primera diferencia cumple la condición de recuperación, al ser la única que requiere un solo valor de la secuencia original para ello. Este tipo de aproximaciones, además, garantizan la conservación de la estructura morfológica tras el

alineamiento, ya que la duplicación de elementos en las secuencias alineadas no genera distorsiones en la morfología de la señal más allá de un posible incremento de amplitud y anchura de las ondas.

Teniendo en cuenta lo expuesto anteriormente, se ha optado por emplear esta última aproximación de la derivada mediante la primera diferencia hacia adelante:

$$\begin{aligned}\dot{q}_i &= q_{i+1} - q_i \\ \dot{q}_j^c &= q_{j+1}^c - q_j^c\end{aligned}\quad (2.23)$$

de modo que la derivada de las subsecuencias quedan definidas por:

$$\begin{aligned}\dot{\mathbf{q}}_n &= (\dot{q}_1, \dots, \dot{q}_i, \dots, \dot{q}_{w-1}) \\ \dot{\mathbf{q}}_{n-1}^c &= (\dot{q}_1^c, \dots, \dot{q}_j^c, \dots, \dot{q}_{w-1}^c)\end{aligned}\quad (2.24)$$

Una vez definida la aproximación de la derivada, para obtener las señales alineadas $\hat{\mathbf{q}}_n$ y $\hat{\mathbf{q}}_{n-1}^c$ a partir del camino de alineamiento óptimo \mathbf{m} , basta con aplicar su inversa sobre $\hat{\mathbf{q}}_n$ y $\hat{\mathbf{q}}_{n-1}^c$, de modo que cada coordenada viene dada por:

$$\hat{q}_{k+1} = \hat{q}_k + \dot{q}_{x_k} \quad (2.25)$$

$$\hat{q}_{k+1}^c = \hat{q}_k^c + \dot{q}_{y_k}^c \quad (2.26)$$

para $k \in [1, K]$, donde $\hat{q}_1 = q_1$ y $\hat{q}_1^c = q_1^c$.

Restricciones sobre el alineamiento DDTW.

El efecto de DDTW sobre las subsecuencias originales difiere respecto al de DTW en tanto que la replicación de una muestra en una de las secuencias de derivada, por ejemplo \dot{q}_n , se traslada a la secuencia final, $\hat{\mathbf{q}}_n$, en forma de un aumento de la anchura y altura de la desnivelación que presenta en dicho punto la subsecuencia original, \mathbf{q}_n . Si esto ocurre tanto en el flanco de subida como en el de descenso de una onda, su anchura y altura se verán amplificadas. Por ello, al igual que en el caso de DTW, es necesario establecer restricciones para lograr que dichas distorsiones se mantengan dentro de ciertos límites aceptables en la morfología de los complejos alineados.

El objetivo de las restricciones es limitar las modificaciones de altura y anchura que el alineamiento puede provocar en las ondas de un complejo QRS. Por ello, deben elegirse

basándose en su capacidad para imponer valores máximos a la expansión que puede sufrir una onda del QRS tanto en anchura como en altura y, en consecuencia, las diferencias máximas, tanto en tiempo como en magnitud, que será posible compensar mediante DDTW entre ondas equivalentes de dos complejos QRS. Dado que nuestro interés se centra en la compensación de diferencias entre las ondas en las subsecuencias originales, y ambas pueden resultar expandidas tras el alineamiento, las diferencias compensables se evaluarán en términos de la expansión relativa entre ambas.

Se ha optado por aplicar una restricción global mediante un banda de Sakoe-Chiba de anchura $\delta = 5$ y una restricción local de pendiente $\lambda = 3$, cuyas transiciones se corresponden con las descritas en la figura 2.17. Como veremos a continuación, con ellas se establecen cotas superiores sobre las expansiones relativas de anchura ($+2\delta$) y altura ($\times \lambda$) de cualquier onda.

A efectos ilustrativos, en la figura 2.18 se muestra el resultado del alineamiento mediante DDTW, con las restricciones anteriores, de las subsecuencias \mathbf{q}_n y \mathbf{q}_{n-1}^c asociadas, respectivamente, a un complejo QRS y a una plantilla de grupo. En la subfigura 2.18(a) se muestran las subsecuencias originales y en la subfigura 2.18(b), la aproximación de sus respectivas derivadas. En la subfigura 2.18(c) se muestran las derivadas con el alineamiento óptimo y en 2.18(d) las subsecuencias $\hat{\mathbf{q}}_n$ y $\hat{\mathbf{q}}_{n-1}^c$ obtenidas a partir de las derivadas con alineamiento óptimo. Obsérvese la expansión temporal de las subsecuencia en las dos últimas subfiguras como resultado del proceso. En la figura 2.18(d), se puede apreciar cómo el algoritmo de alineamiento ha compensado tanto la alineación global de los complejos, como la variación en anchura y altura de las ondas. En la misma subfigura también cabe resaltar cómo la diferencia absoluta entre las secuencias alineadas, una vez optimizada la alineación en magnitud, se ve incrementada fuera de las regiones de soporte, aunque este efecto resulta despreciable, ya que dichas zonas no se tendrán en cuenta posteriormente para el agrupamiento.

Analizaremos en primer lugar los efectos de las restricciones elegidas en la compensación de diferencias, en anchura o posición temporal, entre ondas equivalentes de dos subsecuencias. La expansión temporal relativa máxima de una subsecuencia \mathbf{q}_n respecto a otra \mathbf{q}_n^c se obtiene partiendo de un intervalo $[a, b]$ de la primera, que equivale al intervalo $[a, b-1]$ en la secuencia derivada, $\dot{\mathbf{q}}_n$. Dicho intervalo se corresponde con el intervalo $[k_0, k_1]$ de las subsecuencias alineadas, $\hat{\mathbf{q}}_n$ y $\hat{\mathbf{q}}_n^c$, a través del camino \mathbf{m} , donde:

$$k_0 = \min\{k \mid m_k = (x_k, y_k) \wedge x_k = a\} \quad (2.27)$$

$$k_1 = \max\{k \mid m_k = (x_k, y_k) \wedge x_k = b - 1\} \quad (2.28)$$

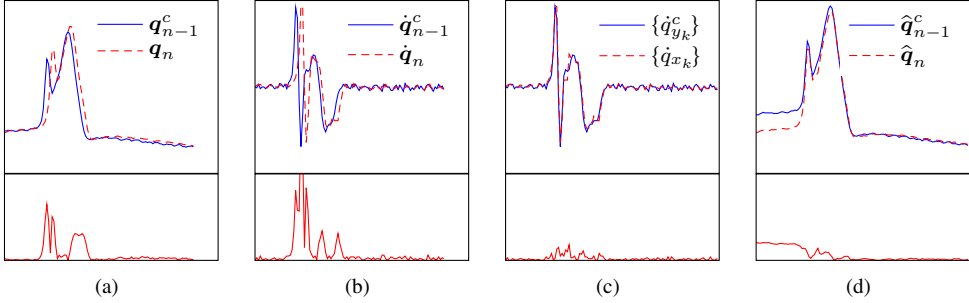


Figura 2.18: Ejemplo del proceso de alineamiento de un complejo QRS y una plantilla de grupo mediante DDTW. En cada subfigura, las líneas sólidas y discontinuas superiores representan datos asociados a la plantilla de grupo y la plantilla de latido, respectivamente; las líneas sólidas de la parte inferior representan el valor absoluto de su diferencia. (a) Muestra las subsecuencias q_n^c y q_{n-1}^c alineadas por sus respectivas marcas de latido y con alineación vertical óptima, (b) la aproximación de sus derivadas, (c) las derivadas alineadas y (d) las secuencias obtenidas a partir de las derivadas alineadas con alineación vertical óptima. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. R104.C1 [00:04.103] (—), [00:09.783](---).

Denotamos mediante $[y_{k_0}, y_{k_1}]$ al intervalo correspondiente de la secuencia q_n^c y, por simplicidad notacional, denotamos de igual modo al intervalo $[a, b - 1]$ como $[x_{k_0}, x_{k_1}]$. La diferencia entre ambos intervalos viene dada por:

$$\Delta t_{[k_0, k_1]} = |(x_{k_1} - x_{k_0}) - (y_{k_1} - y_{k_0})| = |(x_{k_1} - y_{k_1}) - (x_{k_0} - y_{k_0})| \quad (2.29)$$

y teniendo en cuenta la restricción global de Sakoe-Chiba ($|x_k - y_k| \leq \delta$) obtenemos:

$$\Delta t_{[k_0, k_1]} \leq 2\delta \quad (2.30)$$

Por lo tanto, bajo las restricciones impuestas, podrán compensarse diferencias temporales de hasta $\Delta t_{max} = 2\delta$ muestras. Debe tenerse en cuenta que este máximo es aplicable sobre cualquier intervalo de las subsecuencias alineadas, por lo que no es posible que exista dicha compensación en cada una de las ondas de un QRS, sino en la anchura global del mismo.

A continuación, se analizan los efectos de las restricciones sobre la amplificación en magnitud de los complejos QRS. Para ello, la notación empleada hace referencia a q_n , aunque todo lo expuesto es de aplicación a ambas subsecuencias.

Para determinar el límite de expansión relativa en altura, comenzaremos definiendo el factor de replicación de muestras η , que representa la fracción de expansión, en número de muestras, de cualquier intervalo. Posteriormente, obtendremos las cotas superiores que imponen las

restricciones del algoritmo de alineamiento y, por último, analizaremos los efectos de dichas cotas sobre señales con las características propias de un complejo QRS.

Definición 12. *Dado un camino de alineamiento m , definimos el factor de replicación del intervalo $[x_{k_0}, x_{k_1}]$ como:*

$$\eta_{[k_0, k_1]} = \frac{k_1 - k_0}{x_{k_1} - x_{k_0}} \quad (2.31)$$

La restricción de pendiente nos permite obtener una cota superior para dicho factor. Teniendo en cuenta las diferencias admisibles entre elementos consecutivos del camino, dadas por la condición de continuidad, podemos expresar $k_1 - k_0$ y $x_{k_1} - x_{k_0}$ como:

$$k_1 - k_0 = \left| E_{[k_0, k_1]}^{\{(1,0), (1,1), (0,1)\}} \right| \quad (2.32)$$

$$x_{k_1} - x_{k_0} = \left| E_{[k_0, k_1]}^{\{(1,0), (1,1)\}} \right| \quad (2.33)$$

donde $E_{[a,b]}^S = \{m_k \mid k \in [a, b) \wedge m_{k+1} - m_k \in S\}$. Aplicando las expresiones anteriores en la definición del factor de replicación se obtiene:

$$\eta_{[k_0, k_1]} = 1 + \frac{\left| E_{[k_0, k_1]}^{\{(0,1)\}} \right|}{\left| E_{[k_0, k_1]}^{\{(1,0), (1,1)\}} \right|} \quad (2.34)$$

A partir de esta expresión podemos deducir que el factor de replicación máximo se alcanza al maximizar $\left| E_{[k_0, k_1]}^{\{(0,1)\}} \right|$, ya que $\left| E_{[k_0, k_1]}^{\{(1,0), (1,1)\}} \right|$ está fijado por definición. Dicho valor se obtiene con aquellos patrones de diferencias con una mayor proporción de diferencias $(1, 0)$, respecto a $(0, 1)$ y $(1, 1)$. Teniendo en cuenta la condición 2.21 impuesta por la restricción de pendiente, dicha proporción podrá alcanzar un valor máximo $\lambda - 1$ en un patrón de diferencias. De ese modo queda establecida una primera cota superior para el factor de replicación:

$$\eta_{[k_0, k_1]} \leq \lambda \quad (2.35)$$

Esta cota contempla únicamente el efecto de la restricción de pendiente, por lo que es posible ajustarla teniendo en cuenta el efecto de la banda de Sakoe-Chiba sobre el factor de replicación. Para ello, partimos de la ecuación 2.29 y aplicando las equivalencias:

$$x_{k_1} - x_{k_0} = \left| E_{[k_0, k_1]}^{\{(1,0), (1,1)\}} \right| \quad (2.36)$$

$$y_{k_1} - y_{k_0} = \left| E_{[k_0, k_1]}^{\{(0,1), (1,1)\}} \right| \quad (2.37)$$

obtenemos una nueva expresión de la condición 2.30 en términos de diferencias:

$$\left| \left| E_{[k_0, k_1]}^{\{(1,0)\}} \right| - \left| E_{[k_0, k_1]}^{\{(0,1)\}} \right| \right| \leq 2\delta \quad (2.38)$$

de la que se deriva:

$$\left| E_{[k_0, k_1]}^{\{(0,1)\}} \right| \leq 2\delta + \left| E_{[k_0, k_1]}^{\{(1,0)\}} \right| \quad (2.39)$$

Esta condición establece un máximo para $\left| E_{[k_0, k_1]}^{\{(0,1)\}} \right|$ y, en consecuencia, una cota para el factor de replicación $\eta_{[k_0, k_1]}$ definido en 2.34, que depende de la secuencia de diferencias contenidas en el camino m :

$$\eta_{[k_0, k_1]} \leq 1 + \frac{2\delta + \left| E_{[k_0, k_1]}^{\{(1,0)\}} \right|}{\left| E_{[k_0, k_1]}^{\{(1,0), (1,1)\}} \right|} \quad (2.40)$$

Si calculamos el valor de dicha cota para el caso de un intervalo con el factor de replicación máximo permitido por la restricción de pendiente, $\eta_{[k_0, k_1]} = \lambda$, obtenemos:

$$\lambda \leq 1 + \frac{2\delta + \left| E_{[k_0, k_1]}^{\{(1,0)\}} \right|}{x_{k_1} - x_{k_0}} \quad (2.41)$$

Si se analizan los patrones de diferencias admitidos (véase la figura 2.17(b) para el caso de $\lambda = 3$), se observa que el patrón $(1, 1) \rightarrow (0, 1) \rightarrow \dots \rightarrow (0, 1)$ es el único que proporciona el factor de replicación máximo. Dicho patrón contiene $\lambda - 1$ diferencias $(0, 1)$ y una única diferencia $(1, 1)$, siendo $\left| E_{[k_0, k_1]}^{\{(1,0)\}} \right| = 0$. Sustituyendo en 2.41 se obtiene:

$$\lambda \leq 1 + \frac{2\delta}{x_{k_1} - x_{k_0}} \quad (2.42)$$

En consecuencia, un intervalo puede mantener $\eta_{[k_0, k_1]} = \lambda$ solo si su anchura cumple la condición:

$$x_{k_1} - x_{k_0} \leq \frac{2\delta}{\lambda - 1} \quad (2.43)$$

Como puede observarse, el efecto conjunto de ambas restricciones, 2.35 y 2.39, nos proporciona un supremo para el factor de replicación para intervalos que no alcanzan una determinada anchura, a partir de la cual y a medida que ésta aumenta, puede establecerse una cota cada vez menor. Para convertir las cotas del factor de replicación en cotas del factor de amplificación en magnitud debemos tener en cuenta que dicho factor depende no solo del número de muestras replicadas en cada una de las subsecuencias, sino también de sus valores concretos.

Partiendo del patrón de diferencias asociado al valor máximo admitido en 2.35, se puede deducir que la señal de la subsecuencia original q_n asociada al intervalo $[x_{k_0}, x_{k_1}]$ se puede amplificar en un factor λ en la secuencia resultante, ya que cada muestra de \hat{q}_n de dicho intervalo se replica $\lambda - 1$ veces. Este límite actúa como supremo del factor de amplificación en magnitud solo si la longitud del intervalo $[x_{k_0}, x_{k_1}]$ es inferior al límite establecido en 2.43. En el caso de que sea superior, se aplica la expresión general 2.40 para la cota dominante para el factor de replicación, que no permite determinar de forma precisa un límite para el factor de amplificación, al depender éste del valor concreto de las muestras replicadas. En cualquier caso, esta cota sí permite garantizar que el factor de amplificación del intervalo $[x_{k_0}, x_{k_1}]$ se encuentra por debajo de λ , por lo que podemos afirmar que la diferencia de amplitud entre los extremos del intervalo en la secuencia alineada alcanzará, como máximo, λ veces la original:

$$|\hat{q}_{x_{k_1}} - \hat{q}_{x_{k_0}}| \leq \lambda |q_{x_{k_1}} - q_{x_{k_0}}| \quad (2.44)$$

Además, la condición 2.39 establece que el número de muestras replicadas en el intervalo $[x_{k_0}, x_{k_1}]$ no puede exceder en más de 2δ de las replicadas en el intervalo $[y_{k_0}, y_{k_1}]$. Esto implica que la contribución principal al factor de amplificación en magnitud en el intervalo $[x_{k_0}, x_{k_1}]$ proviene del número de muestras replicadas en exceso respecto al intervalo $[y_{k_0}, y_{k_1}]$, ya que el efecto de las restantes se verá reducido al estar replicadas en igual número en el intervalo $[y_{k_0}, y_{k_1}]$.

Justificación fisiológica de las restricciones

Los valores asignados a los parámetros δ y λ deben determinarse a partir de la definición de distorsión aceptable. En nuestro caso, esta definición emana del conocimiento del dominio electrocardiográfico, ya que se corresponde con la variabilidad que presenta la morfología de los complejos QRS asociados a un mismo patrón de activación/propagación.

Para establecer el intervalo de variabilidad temporal de un patrón morfológico, se ha tenido en cuenta la dependencia entre el rango de valores que puede presentar la anchura de un complejo QRS y su origen dentro de la estructura cardíaca. Si el complejo tiene un origen auricular, el rango de anchuras asociado se extiende aproximadamente desde los 60ms hasta los 120ms; mientras que si tiene origen ventricular, su anchura se encuentra, casi con total probabilidad, entre los 120ms y los 200ms. Aunque un patrón morfológico puede evolucionar a lo largo del tiempo y provocar que su anchura varíe dentro de su respectivo rango, se asume que dicha evolución se produce de forma lenta, de modo que la variación de anchura entre la

plantilla del patrón y un nuevo ejemplar del mismo, en un instante dado, se limita a una fracción del rango total. Basándonos en este argumento, se ha asignado el valor $\delta = \lceil \frac{1}{2} \times 0.025 \times f_s \rceil$, que se corresponde con el número de muestras contenidas en un intervalo 2δ de 25ms y debe permitir compensar tanto una variación de esta cuantía respecto a la anchura del patrón, como un posible desalineamiento en las marcas de latido.

La variabilidad en magnitud de las ondas de un complejo es más difícil de acotar, dado que tiene una gran dependencia respecto al origen de éste. La amplitud de las ondas en complejos de origen ventricular presenta una gran variabilidad, pudiendo alcanzar incrementos, en términos relativos, superiores al 50 %. Pero la mayor variabilidad puede encontrarse en las ondas de baja amplitud, típicamente ondas Q de latidos con origen auricular, cuyas variaciones pueden ser superiores al 300 %. Asignando un valor $\lambda = 3$, se consiguen los niveles de amplificación necesarios para compensar dichas variaciones. En el caso de complejos con ondas de gran amplitud y anchura, el límite de muestras 2δ recogido en 2.39, tiene un efecto notable en la capacidad de amplificación del alineamiento, ya que la compensación en magnitud debe realizarse mediante la replicación de un número reducido de muestras, aunque replicando muestras asociadas a los puntos de máxima pendiente en los flancos ascendente y descendente de las ondas es posible alcanzar el porcentaje indicado.

Para concluir este apartado, se muestra en la figura 2.19 el resultado de aplicar el algoritmo de alineamiento descrito sobre los mismos complejos mostrados en la figura 2.14. Obsérvese cómo en este caso la compensación de amplitudes y anchuras de las diferentes ondas es manifiesta en todos los casos, aunque en uno de ellos, mostrado en la subfigura 2.19(f), también se aprecia cómo se alcanzan las limitaciones impuestas por las restricciones del alineamiento.

2.4.2. Mapeado de características

La comparación de dos subsecuencias asociadas a sendas plantillas, ya sean de latido o de grupo, está restringida a las regiones de soporte contenidas en su caracterización. Cada región de soporte se define sobre una de las subsecuencias, por lo que surge la necesidad de obtener el intervalo equivalente en la subsecuencia con la que se desea comparar, y que es aquél que se alinea con la región de soporte como resultado de aplicar el DDTW.

Sean \mathbf{q}_n y \mathbf{q}_{n-1}^c las dos subsecuencias a comparar. El procedimiento a seguir para proyectar sobre la subsecuencia \mathbf{q}_{n-1}^c la región de soporte contenida en un par $(p_j, [j^-, j^+]) \in P_n$ y definida sobre \mathbf{q}_n , sería el siguiente (ver figura 2.20):

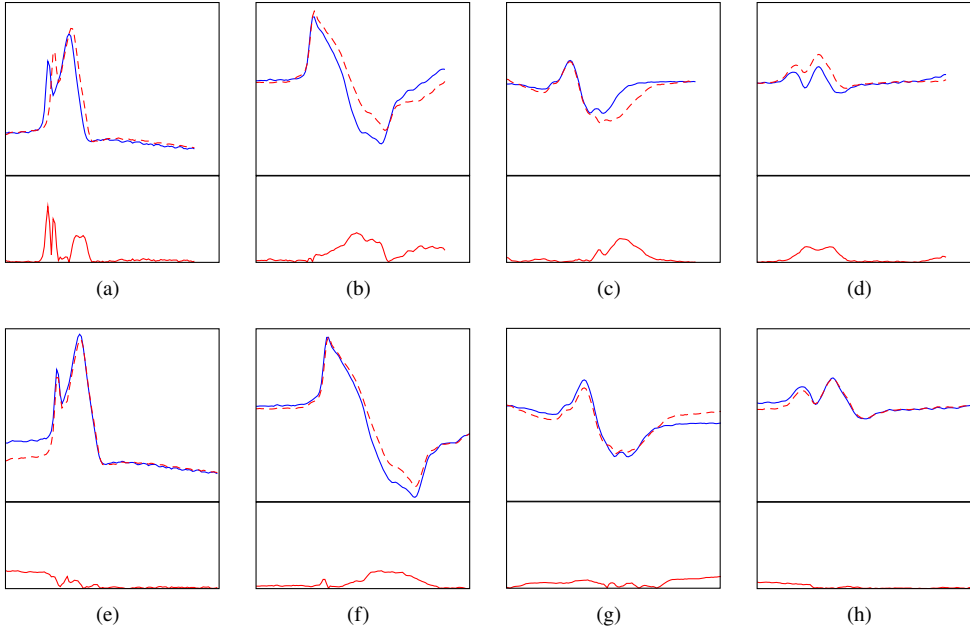


Figura 2.19: Ejemplos de alineamiento de complejos QRS mediante *Derivative Dynamic Time Warping* (DDTW). Cada subfigura muestra, en su parte superior, dos complejos procedentes del mismo registro y, en su parte inferior, el valor absoluto de su diferencia. En la primera fila, se muestran los complejos alineados por su marca temporal y en la segunda, el resultado de aplicar el algoritmo de alineamiento. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. (a) R104.C1 [00:04.103], [00:09.783]. (b) R107.C1 [02:41.503], [02:42.325]. (c) R109.C1 [23:39.844], [24:16.297]. (d) R111.C1 [2:28.669], [02:33.000]. Orden de los complejos: [—] [---]

1. Se obtienen los índices equivalentes para el punto relevante, p_j , y su región de soporte, $[j^-, j^+]$, en la secuencia \hat{q}_n , denotados por \hat{j} y $[\hat{j}^-, \hat{j}^+]$, respectivamente. Para ello se emplea el camino de alineamiento óptimo \mathbf{m} entre \hat{q}_n y \hat{q}_{n-1}^c :

$$\hat{j} = \min\{k | x_k = j\} \quad \hat{j}^- = \min\{k | x_k = j^-\} \quad \hat{j}^+ = \min\{k | x_k = j^+\} \quad (2.45)$$

donde $(x_k, y_k) \in \mathbf{m}$. La elección del mínimo está motivada por la necesidad de mantener la ubicación morfológica de los puntos en la secuencia \hat{q}_n (pico y extremos de onda).

2. A continuación, se selecciona el intervalo $[\hat{j}^-, \hat{j}^+]$ de \hat{q}_{n-1}^c , esto es, el mismo intervalo sobre el que se proyecta la región de soporte $[j^-, j^+]$ en \hat{q}_n . Se procede de igual modo con el punto \hat{j} .

3. Por último, a partir del intervalo $[\hat{j}^-, \hat{j}^+]$ de \hat{q}_{n-1}^c y el punto \hat{j} , se obtienen sus equivalentes en q_{n-1}^c , denotados por $[\check{j}^-, \check{j}^+]$ y \check{j} , respectivamente. Para ello, se utiliza en camino de alineamiento óptimo m entre las secuencias \hat{q}_n y \hat{q}_{n-1}^c :

$$\check{j}^- = 1 + y_{\hat{j}^- - 1} \quad \check{j} = 1 + y_{\hat{j} - 1} \quad \check{j}^+ = 1 + y_{\hat{j}^+ - 1} \quad (2.46)$$

donde $\forall k \in [1, K]$, $m_k = (x_k, y_k)$, $m_k \in m$, siendo K la longitud de las secuencias alineadas \hat{q}_n y \hat{q}_{n-1}^c . El uso de los índices $\hat{j}^- - 1$, $\hat{j} - 1$ y $\hat{j}^+ - 1$ se debe a la necesidad de convertir los índices de la secuencia de muestras \hat{q}_{n-1}^c a sus equivalentes en la secuencia de su derivada \hat{q}_n . Del mismo modo, para realizar la conversión inversa, se incrementa en una unidad los índices $y_{\hat{j}^- - 1}$, $y_{\hat{j} - 1}$ e $y_{\hat{j}^+ - 1}$, obteniendo los índices \check{j}^- , \check{j} y \check{j}^+ de la secuencia q_{n-1}^c .

Durante la comparación de las subsecuencias, la caracterización de q_n debe proyectarse sobre q_{n-1}^c y viceversa, es decir, este procedimiento se aplica $\forall (p_j, [j^-, j^+]) \in P_n \cup P_{n-1}^c$.

2.5. Selección de grupo morfológico

Cuando se detecta un nuevo latido en la señal de ECG, el método de agrupamiento, tras obtener la caracterización de su complejo QRS, lo compara con cada uno de los grupos morfológicos, $C_{n-1}^c \in C_{n-1}$, existentes en el momento de la detección. Dicha comparación se realiza a partir de sus respectivas plantillas, B_n y T_{n-1}^c , y tiene por objetivo seleccionar aquél que guarda una mayor similitud con la morfología del nuevo latido, aunque esto no supone necesariamente su asignación definitiva.

2.5.1. Cálculo de similitud

Para obtener una medida cuantitativa de la similitud entre dos plantillas, B_n y T_{n-1}^c , se ha diseñado un cálculo que tienen en consideración únicamente la diferencia que presentan sus respectivas subsecuencias, q_n y q_{n-1}^c , en la región de soporte de cada uno de sus puntos relevantes, restringiendo, de este modo, la comparación a las ondas constituyentes de cada complejo QRS. Este planteamiento tiene como objetivo medir la similitud de los complejos en las zonas morfológicamente más relevantes, descartando las restantes diferencias. Para ello, definimos una medida de similitud que se centra en dos aspectos:

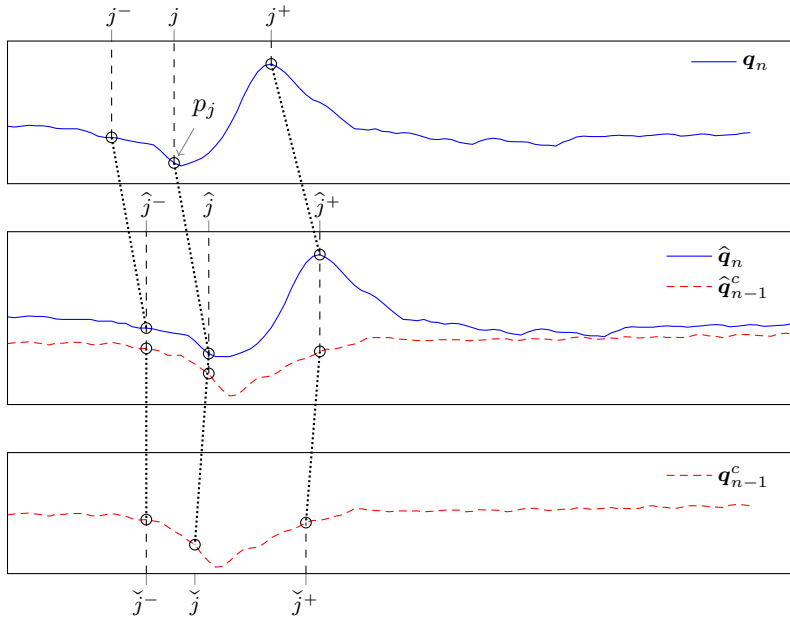


Figura 2.20: Ejemplo ilustrativo de la proyección, entre dos subsecuencias, q_n y q_{n-1}^c , de la región de soporte asociada a un punto relevante. En la figura superior se representa la subsecuencia q_n sobre la que se han marcado un punto relevante p_j y su región de soporte $[j^-, j^+]$. En la figura central, se representan las secuencias alineadas \hat{q}_n y \hat{q}_{n-1}^c con un desplazamiento vertical entre ambas para facilitar su visualización. Sobre ellas se ha marcado la proyección del punto dominante, \hat{j} , y de su región de soporte, $[\hat{j}^-, \hat{j}^+]$. Finalmente, en la figura inferior, se muestra la subsecuencia q_{n-1}^c , y sobre ella, las correspondientes proyecciones \check{j} y $[\check{j}^-, \check{j}^+]$. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. R105.C2 [02:39.206](—),[02:38.792](- - -).

- La concordancia de estructuras morfológicas: calculando el grado de coincidencia en número y ubicación de ondas en ambas subsecuencias.
- La disimilitud entre zonas morfológicamente relevantes: cuantificando la diferencia que presentan las subsecuencias en cada una de las regiones de soporte asociadas a sus puntos relevantes.

Ambos aspectos se evalúan tomando alternativamente la morfología de cada una de las plantillas como referencia, de modo que la medida de similitud final combina información sobre la similitud de cada plantilla respecto a la otra. Con ello se consigue que la medida definida sea simétrica.

A continuación se describe de forma detallada los distintos elementos que soportan la definición de la medida de similitud. Comenzaremos definiendo las medidas de concordancia y disimilitud entre dos subsecuencias en torno a un punto relevante, para, posteriormente, definir la similitud de una plantilla respecto a otra de referencia, que a efectos de notación se hará corresponder con B_n . Para concluir, tomando como base lo anterior, definiremos nuestra propuesta para la medida de similitud entre plantillas.

Concordancia morfológica

La medida de concordancia tiene por objeto verificar si, dada la onda asociada a un par $(p_j, [j^-, j^+]) \in P_n$ de la plantilla de referencia B_n , la subsecuencia q_{n-1}^c de la plantilla T_{n-1}^c presenta una onda similar en una ubicación equivalente del complejo QRS. Para ello, se definen las condiciones que debe cumplir la subsecuencia q_{n-1}^c en el intervalo $[\check{j}^-, \check{j}^+]$ alineado con $[j^-, j^+]$ a través del camino de alineamiento óptimo m :

Definición 13. Se dice que q_{n-1}^c **concuera** con q_n en p_j , denotado por $q_{n-1}^c \approx_{p_j} q_n$, si q_{n-1}^c contiene una deflexión en $[\check{j}^-, \check{j}^+]$ con altura $\Delta p_j^c > \rho_{\min}$. La altura Δp_j^c se define como:

$$\Delta p_j^c = \min(|q_{peak}^c - q_-^c|, |q_{peak}^c - q_+^c|), \quad (2.47)$$

donde

$$\begin{aligned} peak &= \arg \min_{i \in [\check{j}^-, \check{j}^+]} q_i^c & q_{peak}^c &= \min_{i \in [\check{j}^-, \check{j}^+]} q_i^c \\ q_-^c &= \max_{i \in [\check{j}^-, peak]} q_i^c & q_+^c &= \max_{i \in [peak, \check{j}^+]} q_i^c \end{aligned} \quad (2.48)$$

para p_j contenida en una onda convexa. En caso contrario, las funciones $\arg \min$, \min y \max se reemplazan, respectivamente, por $\arg \max$, \max y \min .

Según esta definición, la concordancia de una subsecuencia con otra en un punto relevante significa que ésta presenta una desnivelación compatible con la presencia de una onda contenida dentro del intervalo $[\check{j}^-, \check{j}^+]$.

A efectos de evaluar la similitud entre las subsecuencias en los intervalos $[j^-, j^+]$ y $[\check{j}^-, \check{j}^+]$, además de determinar la posible existencia de ondas en ambos, también resulta relevante obtener la relación entre sus alturas:

Definición 14. Se define la **ratio de concordancia** de q_{n-1}^c con respecto a q_n en p_j , denotado por $\mathcal{C}_{p_j}(q_{n-1}^c, q_n)$, como:

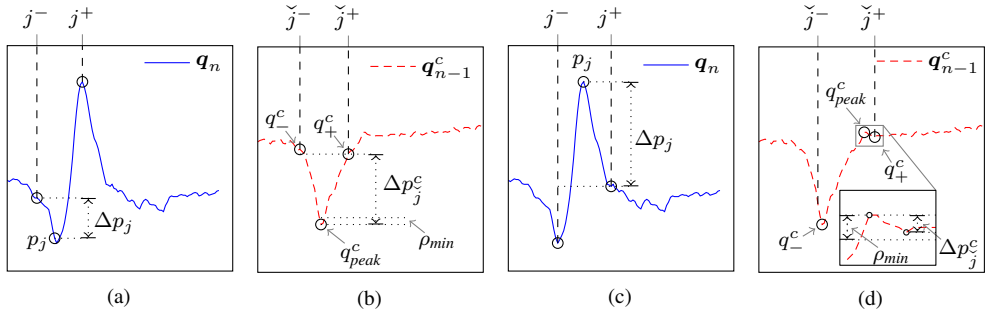


Figura 2.21: Ilustración de los parámetros implicados en el cálculo de concordancia de una subsecuencia, \mathbf{q}_{n-1}^c , con respecto a otra subsecuencia, \mathbf{q}_n , en un punto relevante p_j . En las subfigura (a) se muestra la subsecuencia de referencia \mathbf{q}_n ; sobre ella se ha marcado uno de sus dos puntos relevantes y su correspondiente región de soporte $[j^-, j^+]$. (b) Subsecuencia \mathbf{q}_{n-1}^c con los parámetros empleados en la comprobación de concordancia marcados sobre ella: el intervalo $[\check{j}^-, \check{j}^+]$ y los puntos q_{peak}^c , q_-^c y q_+^c . Las subfiguras (c) y (d) muestran los mismos parámetros que las anteriores sobre el segundo punto dominante de \mathbf{q}_n . Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. R105.C2 [02:39.206](—), [02:38.792](- - -).

$$C_{p_j}(\mathbf{q}_{n-1}^c, \mathbf{q}_n) = \begin{cases} \frac{\min(\Delta p_j, \Delta p_j^c)}{\max(\Delta p_j, \Delta p_j^c)} & \text{si } \mathbf{q}_{n-1}^c \approx_{p_j} \mathbf{q}_n \\ 0 & \text{si } \mathbf{q}_{n-1}^c \not\approx_{p_j} \mathbf{q}_n \end{cases} \quad (2.49)$$

donde $\mathbf{q}_{n-1}^c \not\approx_{p_j} \mathbf{q}_n$ denota que \mathbf{q}_{n-1}^c no concuerda con \mathbf{q}_n en p_j .

El valor del ratio de concordancia $C_{p_j}(\mathbf{q}_{n-1}^c, \mathbf{q}_n)$ se sitúa en el intervalo $[0, 1]$ y constituye un indicador de la posible existencia de una onda en \mathbf{q}_{n-1}^c , así como de su grado de correspondencia en altura con la onda presente en \mathbf{q}_n dentro de la región de soporte $[j^-, j^+]$.

En la figura 2.21 se ilustran los parámetros implicados en el cálculo de la ratio de concordancia de una subsecuencia, \mathbf{q}_{n-1}^c , con respecto a otra, \mathbf{q}_n , en cada uno de los puntos relevantes de ésta. En la subfigura 2.21(a), se muestra la subsecuencia de referencia \mathbf{q}_n y, representado sobre ella, uno de sus puntos relevantes con su respectiva región de soporte. En 2.21(b), se muestra la subsecuencia \mathbf{q}_{n-1}^c y, representados sobre ella, el intervalo $[\check{j}^-, \check{j}^+]$, los puntos q_{peak}^c , q_-^c y q_+^c y la altura Δp_j^c derivada de estos. Obsérvese que $\Delta p_j^c > \rho_{min}$, lo cual permite afirmar que, en este caso, \mathbf{q}_{n-1}^c concuerda con \mathbf{q}_n en p_j , con un ratio de concordancia $C_{p_j}(\mathbf{q}_{n-1}^c, \mathbf{q}_n)$ positivo que puede estimarse visualmente próximo a 0.5. En la subfigura 2.21(c) se representa el segundo punto relevante de \mathbf{q}_n , y en 2.21(d), los parámetros para el cálculo del ratio de concordancia de \mathbf{q}_{n-1}^c en dicho punto. En este caso, el punto q_-^c no se sitúa en el extremo del intervalo $[\check{j}^-, \check{j}^+]$, lo que implica que la posible onda tendría

una menor anchura que la presente en \mathbf{q}_n . Por último, en la región ampliada en la subfigura 2.21(d), puede observarse como $\Delta p_j^c < \rho_{min}$, por lo que, en el caso de este segundo punto, \mathbf{q}_{n-1}^c no concuerda con \mathbf{q}_n en p_j y su ratio de concordancia es $\mathcal{C}_{p_j}(\mathbf{q}_{n-1}^c, \mathbf{q}_n) = 0$.

Disimilitud local

Para determinar la similitud entre una subsecuencia, \mathbf{q}_{n-1}^c , y otra de referencia, \mathbf{q}_n , en una determinada región de soporte, $[j^-, j^+]$, asociada a un punto relevante p_j de ésta última, no es suficiente con comparar la ubicación y altura de una posible onda, también debe tenerse en cuenta la morfología que presenta cada subsecuencia en dicha región. Con este fin, se define una medida de disimilitud que cuantifica las diferencias que presentan ambas subsecuencias sobre el intervalo equivalente, $[\hat{j}^-, \hat{j}^+]$, de las secuencias alineadas $\hat{\mathbf{q}}_{n-1}^c$ y $\hat{\mathbf{q}}_n$. Para diseñar esta medida, tomamos como base la distancia L_1 entre ambas secuencias, adaptándola para tener en cuenta las características de las señales a comparar, ya que su disimilitud depende no solo de la magnitud y distribución de sus diferencias, sino también de las características de la secuencia de referencia. Para ilustrar este punto, en la figura 2.22, se muestran dos ejemplos de secuencias alineadas, $\hat{\mathbf{q}}_n$ y $\hat{\mathbf{q}}_{n-1}^c$, en las que se han ampliado las regiones de soporte de la secuencia de referencia. En ellas se pueden observar varios aspectos a tener en cuenta para lograr que la medida diseñada otorgue mayor peso a las diferencias que resultan más relevantes desde la perspectiva morfológica de la señal:

- Distribución de diferencias: la distancia L_1 entre las secuencias $\hat{\mathbf{q}}_n$ y $\hat{\mathbf{q}}_{n-1}^c$, cuantifica la magnitud global de sus diferencias, con independencia de su distribución temporal. Un mismo valor de distancia, obtenido para una determinada región de soporte, puede representar una distorsión apreciable entre ambas secuencias, si ésta se concentra en un intervalo reducido, o mínima, si se distribuye a lo largo de toda la región. En la figura 2.22 se ilustra este hecho a través de la región de soporte derecha de ambas subfiguras. En la primera, se pueden apreciar dos ondas de forma similar, con una distribución de diferencias casi uniforme. En la segunda, las diferencias se concentran en el flanco derecho donde existe una disparidad evidente en la morfología de ambas ondas. Obviamente, la medida de disimilitud debería ser mayor para el segundo caso, aún cuando la suma global de sus diferencias fuese igual.
- Alineamiento en magnitud: el proceso de alineamiento de las subsecuencias mediante DDTW minimiza la suma global de sus diferencias; sin embargo, puede persistir

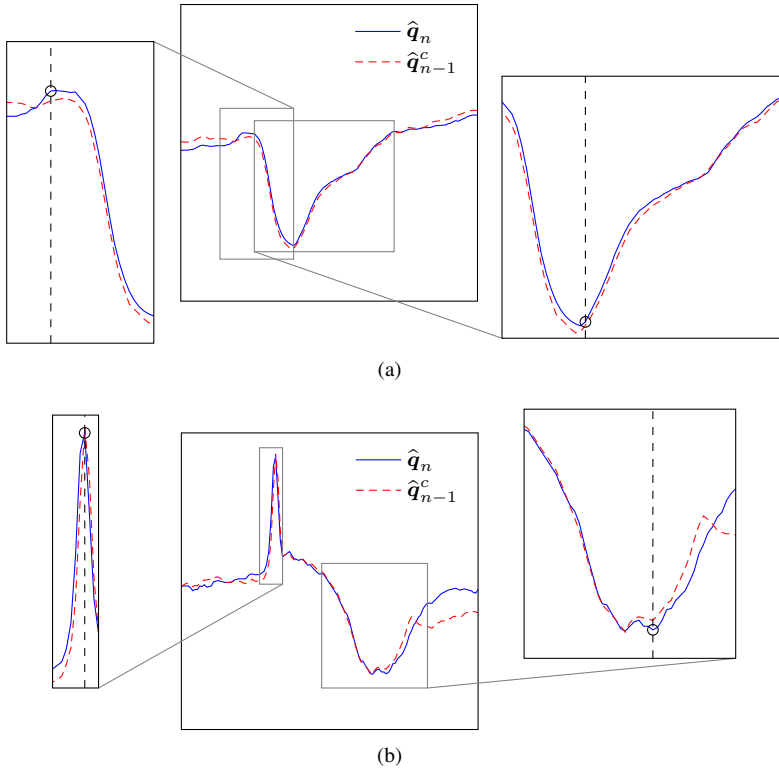


Figura 2.22: Ilustración de los factores que influyen en el diseño de la medida de disimilitud local. Cada subfigura presenta, en su parte central, las secuencias alineadas de dos plantillas y, a ambos lados, sendas ampliaciones de los intervalos asociados a las regiones de soporte de q_n . En (a) puede apreciarse un ejemplo de una onda con flancos descompensados en altura (región de soporte izquierda) y el efecto del desalineamiento vertical sobre las diferencias entre ambas secuencias (región de soporte derecha). En (b) se muestra un ejemplo de distribución de diferencias no uniforme asociada a una variación morfológica (región de soporte derecha). Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. (a) R200.C1 [05:01.481](—),[04:50.369](---). (b) R104.C1 [06:48.572](—),[06:47.733](---).

un desalineamiento en magnitud dentro de cada región de soporte, que conlleva una contribución a la disimilitud local no relacionada con diferencias morfológicas. Este efecto puede apreciarse en la región de soporte derecha de la figura 2.22(a), donde la práctica totalidad de las diferencias entre ambas secuencias se debe a esta causa. La medida diseñada debería minimizar la influencia del desalineamiento en el valor de la disimilitud.

- Dimensión de las ondas del complejo QRS: la anchura y amplitud de las ondas constituyentes de un complejo están comprendidas en rangos muy amplios. En un complejo QRS normal, la duración de una onda puede alcanzar desde los $20ms$ hasta los $100ms$, mientras su amplitud puede encontrarse entre los $50\mu V$ y los $3mV$ [58]; rangos que se amplían para el caso de complejos anormales. Esto implica que, dentro de un mismo complejo, pueden existir ondas con dimensiones muy dispares, como se muestra en el ejemplo de la figura 2.22(a). Por ello, la relevancia de las diferencias asociadas a una región de soporte no puede determinarse a partir de sus valores absolutos, sino en términos relativos a las dimensiones de la deflexión contenida en la secuencia de referencia. Esta situación debe abordarse en el diseño de la medida, de tal modo que los valores que proporcione sigan el criterio de relevancia mencionado.
- Influencia de ondas adyacentes: las regiones de soporte asociadas a un complejo QRS no siempre se corresponden con los intervalos definidos por el comienzo y fin de cada una de sus ondas constituyentes. De hecho, en los casos donde existen ondas adyacentes, la región de soporte que engloba cada una de ellas puede incluir uno de los flancos de su adyacente. En la figura 2.22(a) se muestra un ejemplo de ello: la región de soporte izquierda incluye no solo la onda R del complejo, sino también el flanco descendente de la onda S. Esta situación tiene una doble consecuencia: por una parte, una descompensación entre las magnitudes de ambos flancos; y por otra, la inclusión de diferencias procedentes de dos ondas dentro de una región de soporte.

La medida de disimilitud debe evitar que esta situación pueda enmascarar diferencias morfológicas relevantes, como las que presenta el mencionado ejemplo, donde la morfología de la secuencia \hat{q}_{n-1}^c es claramente diferente (no contiene onda R), a pesar de que gran parte de la región de soporte apenas presente diferencias. En este caso, la diferencia en el flanco izquierdo es mayor en términos relativos a la magnitud de la desnivelación que presenta la secuencia de referencia en dicho flanco y, por lo tanto, la medida debería otorgarle mayor relevancia.

Todos los aspectos anteriores han servido de guía para el diseño de la medida de disimilitud local definida a continuación:

Definición 15. Definimos la **disimilitud local** de \mathbf{q}_{n-1}^c con respecto a \mathbf{q}_n en p_j , denotada por $\mathcal{D}_{p_j}(\mathbf{q}_{n-1}^c, \mathbf{q}_n)$, como:

$$\mathcal{D}_{p_j}(\mathbf{q}_{n-1}^c, \mathbf{q}_n) = \left(\frac{\Delta A_j^-}{A_j^-} \times \Delta A_j^- + \frac{\Delta A_j^+}{A_j^+} \times \Delta A_j^+ \right) \times \frac{1}{\Delta A_j^- + \Delta A_j^+} \quad (2.50)$$

Los términos A_j^- y A_j^+ , representan las áreas delimitadas por la onda que contiene $\hat{\mathbf{q}}_n$, en los intervalos $[\hat{j}^-, \hat{j}]$ y $[\hat{j}, \hat{j}^+]$. Los términos ΔA_j^- y ΔA_j^+ representan las áreas contenidas en dichos intervalos, bajo las curvas $\mathbf{a}^- = |\hat{\mathbf{q}}_n - \hat{\mathbf{q}}_{n-1}^c - M^-|$ y $\mathbf{a}^+ = |\hat{\mathbf{q}}_n - \hat{\mathbf{q}}_{n-1}^c - M^+|$, respectivamente, donde M^- y M^+ representan sendos factores de alineamiento en magnitud que minimizan el área de cada intervalo. Teniendo en cuenta que el valor que minimiza el área es igual a la mediana de la secuencia de diferencias $\hat{\mathbf{q}}_n - \hat{\mathbf{q}}_{n-1}^c$ en el intervalo correspondiente, definimos los factores M^- y M^+ como:

$$\begin{aligned} M^- &= \text{mediana}\{\hat{q}_k - \hat{q}_k^c \mid k \in [\hat{j}^-, \hat{j}]\} \\ M^+ &= \text{mediana}\{\hat{q}_k - \hat{q}_k^c \mid k \in [\hat{j}, \hat{j}^+]\} \end{aligned} \quad (2.51)$$

Esta medida posee ciertas características que permiten centrar el cálculo de la disimilitud en las diferencias morfológicas más relevantes, compensando, en cierta medida, los factores que podrían reducir su capacidad de discriminación:

- Su cálculo está basado en la distancia L_1 entre las secuencias alineadas, $\hat{\mathbf{q}}_{n-1}^c$ y $\hat{\mathbf{q}}_n$, acotada al intervalo $[\hat{j}^-, \hat{j}^+]$ correspondiente a la región de soporte; esto es, el área contenida bajo la curva definida por $\mathbf{a} = |\hat{\mathbf{q}}_n - \hat{\mathbf{q}}_{n-1}^c|$ en dicho intervalo.
- Su valor depende de la distribución temporal de diferencias. El cálculo contempla la división de la región de soporte en el punto relevante que la define, dando lugar a los subintervalos $[\hat{j}^-, \hat{j}]$ y $[\hat{j}, \hat{j}^+]$. Cada subintervalo se procesa de forma independiente, de modo que es posible ponderar su contribución al valor de disimilitud en función del peso de sus diferencias en el conjunto de diferencias de la región.
- Compensa el posible desalineamiento en magnitud de las subsecuencias. Para ello, minimiza el área bajo la curva $\mathbf{a} = |\hat{\mathbf{q}}_n - \hat{\mathbf{q}}_{n-1}^c|$. Dicha minimización se realiza de forma independiente para los subintervalos $[\hat{j}^-, \hat{j}]$ y $[\hat{j}, \hat{j}^+]$ mencionados en el punto anterior, abordando con ello los desalineamientos que presenten diferente magnitud en cada uno de los flancos de la onda contenida en la región de soporte.

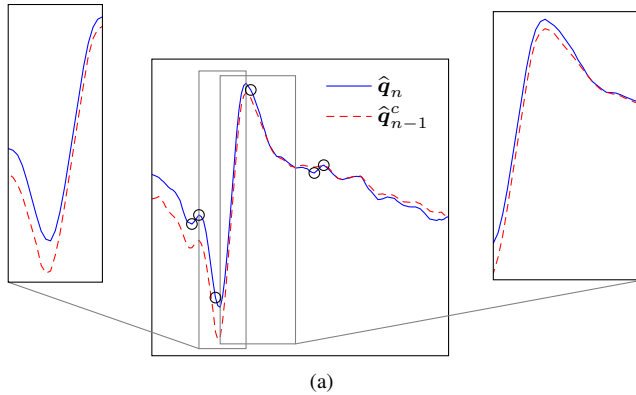


Figura 2.23: Efecto de las ondas adyacentes sobre la disimilitud de dos secuencias en una región de soporte. En la parte central se muestran las secuencias alineadas de dos plantillas. La secuencia de referencia posee seis puntos relevantes; para dos de ellos, se han ampliado los intervalos asociados a sus regiones de soporte. En la región de la izquierda, puede apreciarse como, en cada flanco de la onda de referencia, existe una desnivelación en magnitud diferente. La región de la derecha es un claro ejemplo de la influencia que ejerce sobre la disimilitud la diferencia de amplitud en la onda previa. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. R118.C2 [08:14.133](—),[07:40.989](- - -).

- Proporciona un valor de disimilitud independiente de las dimensiones de la onda que presenta el complejo QRS de referencia. Para ello, se normalizan las diferencias en entre ambas secuencias respecto al área de dicha onda.
- Compensa los efectos de las ondas adyacentes. La división de la región en dos subintervalos, a efectos de compensar el desalineamiento en magnitud entre secuencias y de normalizar sus diferencias, permite abordar los efectos de la descompensación de amplitudes introducida por las ondas adyacentes entre ambos flancos de la onda de referencia.

Para ilustrar la importancia de esta última característica, en la figura 2.23 se muestra un ejemplo de dos secuencias que poseen una morfología claramente similar. Sin embargo, la diferencia de amplitud que ambas presentan en sus respectivas ondas Q, cuya región de soporte se muestra en la parte izquierda, provoca un desalineamiento de diferente magnitud en cada uno de sus flancos. En la parte derecha de la figura, puede observarse como esta diferencia de amplitudes induce un desalineamiento entre ambas secuencias en la región correspondiente a la onda R, que contribuye a incrementar sus diferencias.

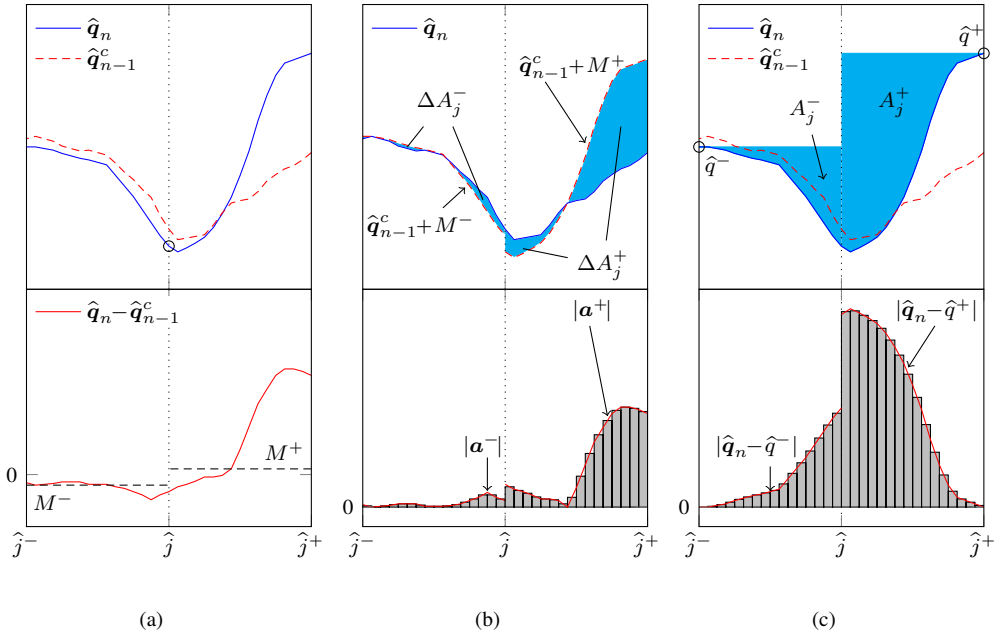


Figura 2.24: Ilustración de los parámetros y las áreas implicadas en el cálculo de la disimilitud local de una secuencia q_{n-1}^c con respecto a otra de referencia, q_n , en una región de soporte $[j^-, j^+]$. En (a) se muestran, en su parte superior, los segmentos de señal contenidos en el intervalo $[\hat{j}^-, \hat{j}^+]$ para las secuencias alineadas \hat{q}_n y \hat{q}_{n-1}^c . En la parte inferior, se representa su diferencia, con los valores de la mediana asociados a los intervalos $[\hat{j}^-, \hat{j}]$ y $[\hat{j}, \hat{j}^+]$ señalados mediante líneas horizontales discontinuas. En (b) se muestran, en su parte superior, las secuencias \hat{q}_n y \hat{q}_{n-1}^c ; ésta última, alineada verticalmente en los intervalos $[\hat{j}^-, \hat{j}]$ y $[\hat{j}, \hat{j}^+]$ con sus respectivos factores M^- y M^+ . Las zonas sombreadas se corresponden con las áreas ΔA_j^- y ΔA_j^+ . En la parte inferior, se representa el área calculada para cada intervalo. En (c) se muestran, en la parte superior, las áreas A^- y A^+ asociadas a la onda contenida en la secuencia de referencia y, en la inferior, una representación de las áreas calculadas. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. R105.C2 [02:39.206](—), [02:38.792](- - -).

Para concluir, detallaremos a continuación el cálculo de las diferentes áreas empleadas para obtener la disimilitud local y que se ilustran, sobre un ejemplo, en la figura 2.24. En la parte superior de la subfigura 2.24(a), se representan las secuencias de partida, \hat{q}_n y \hat{q}_{n-1}^c , en el intervalo asociado a una región de soporte de la subsecuencia de referencia, q_n . En la parte inferior, se muestra la curva $\hat{q}_n - \hat{q}_{n-1}^c$, señalando sobre ella, mediante líneas horizontales punteadas, los valores de M^- y M^+ .

El cálculo de las áreas ΔA_j^- y ΔA_j^+ se realiza aplicando la regla del trapecio, que permite obtener dichas áreas mediante las expresiones:

$$\begin{aligned}\Delta A_j^- &= \sum_{k \in [\hat{j}^-, \hat{j}]} \frac{1}{2} (a_k^- + a_{k+1}^-) \\ \Delta A_j^+ &= \sum_{k \in [\hat{j}, \hat{j}^+]} \frac{1}{2} (a_k^+ + a_{k+1}^+)\end{aligned}\quad (2.52)$$

donde a_k^- y a_k^+ son, respectivamente, el elemento k -ésimo de \mathbf{a}^- y \mathbf{a}^+ . Aplicando sus definiciones, podemos expresar las áreas como:

$$\begin{aligned}\Delta A_j^- &= \sum_{k \in [\hat{j}^-, \hat{j}]} \frac{1}{2} (|\hat{q}_k - (\hat{q}_k^c + M^-)| + |\hat{q}_{k+1} - (\hat{q}_{k+1}^c + M^-)|) \\ \Delta A_j^+ &= \sum_{k \in [\hat{j}, \hat{j}^+]} \frac{1}{2} (|\hat{q}_k - (\hat{q}_k^c + M^+)| + |\hat{q}_{k+1} - (\hat{q}_{k+1}^c + M^+)|)\end{aligned}\quad (2.53)$$

En la parte superior de la subfigura 2.24(b) se representa la secuencia de referencia \hat{q}_n y, sobre ella, la secuencia \hat{q}_{n-1}^c desplazada, en cada intervalo, su respectivo factor de alineamiento. Las áreas sombreadas se corresponden con ΔA_j^- y ΔA_j^+ ; obsérvese como se han reducido respecto al área que presentan las secuencias originales, especialmente en el intervalo izquierdo, $[\hat{j}^-, \hat{j}]$. En la parte inferior, se muestran las curvas $|\mathbf{a}^-|$ y $|\mathbf{a}^+|$, así como el área calculada mediante la expresión anterior.

Para el cálculo de las áreas A_j^- y A_j^+ es necesario determinar un punto de referencia que se toma como base de la onda. Dicho punto se define de forma independiente para cada subintervalo como el valor con mayor diferencia en magnitud respecto al punto \hat{j} , y se denota por \hat{q}_- y \hat{q}_+ , respectivamente. Por la propia definición de región de soporte, dichos puntos se corresponden con los extremos de la región de soporte: $\hat{q}_- = \hat{q}_{\hat{j}^-}$ y $\hat{q}_+ = \hat{q}_{\hat{j}^+}$. De este modo, las áreas dependen de la altura de su respectivo flanco de onda. Para el cálculo de dichas áreas se aplica nuevamente la regla del trapecio, y se obtienen las expresiones:

$$\begin{aligned}A_j^- &= \sum_{k \in [\hat{j}^-, \hat{j}]} \left| \frac{1}{2} (\hat{q}_k + \hat{q}_{k+1}) - \hat{q}_- \right| \\ A_j^+ &= \sum_{k \in [\hat{j}, \hat{j}^+]} \left| \frac{1}{2} (\hat{q}_k + \hat{q}_{k+1}) - \hat{q}_+ \right|\end{aligned}\quad (2.54)$$

En la subfigura 2.24(c) se muestran, en su parte superior, la secuencia de referencia, \hat{q}_n , y, sobre ella, los puntos de referencia \hat{q}_- y \hat{q}_+ y las áreas que éstos delimitan en cada uno de los intervalos. En la parte inferior, se ilustra el área resultante de la expresión anterior, que observada en conjunto con las áreas mostradas en la subfigura 2.24(b) permite apreciar la relación entre ambas para cada intervalo.

Una vez completada la definición de los elementos necesarios para el cálculo de la similitud local, vamos a analizar el comportamiento de ésta sobre el ejemplo de la figura 2.24. Si observamos la morfología de las secuencias originales, resulta evidente que poseen una gran similitud en el intervalo izquierdo, pero muestran grandes diferencias en su intervalo derecho. El tratamiento independiente de ambos intervalos, permite que la medida proporcione el resultado esperado: mediante el alineamiento en magnitud, la diferencia en el flanco izquierdo, ΔA_j^- , es casi despreciable y representa una ratio respecto al área de referencia, $\frac{\Delta A_j^-}{A_j^-}$, baja. Por el contrario, el flanco derecho presenta una diferencia ΔA_j^+ mucho mayor, dando lugar a una ratio $\frac{\Delta A_j^+}{A_j^+}$ elevada. Cada ratio representa la contribución de su respectivo intervalo a la disimilitud local, que será ponderada en función de la distribución de diferencias entre ambos intervalos, $\frac{\Delta A_j^-}{\Delta A_j^- + \Delta A_j^+}$ y $\frac{\Delta A_j^+}{\Delta A_j^- + \Delta A_j^+}$. En este caso, el intervalo que concentra la práctica totalidad de las diferencias es el derecho, que coincide con el de mayor ratio respecto al área de referencia. En consecuencia, como era de esperar, la contribución del flanco derecho, $\frac{\Delta A_j^+}{A_j^+}$, se aproximará al valor calculado de disimilitud local.

Similitud respecto a una plantilla de referencia

Las medidas de concordancia y disimilitud local constituyen los elementos de base que empleamos para definir la similitud de una plantilla respecto a otra de referencia. En dicha definición, se combinan los valores que proporcionan ambas medidas para cada uno de los puntos relevantes de la plantilla de referencia, de modo que la similitud se obtiene a partir de la comparación de las plantillas entorno a dichos puntos.

Definición 16. Dadas dos plantillas T_{n-1}^c y B_n , definimos la **similitud a trozos** de T_{n-1}^c con respecto a B_n , denotada por $\mathcal{PS}(T_{n-1}^c, B_n)$, como:

$$\mathcal{PS}(T_{n-1}^c, B_n) = \sum_{p_j \in R_n} C_{p_j}(\mathbf{q}_{n-1}^c, \mathbf{q}_n) \cdot (1 - \text{sigm}(\mathcal{D}_{p_j}(\mathbf{q}_{n-1}^c, \mathbf{q}_n))) - \max_{p_j | \mathbf{q}_{n-1}^c \approx_{p_j} \mathbf{q}_n} \text{sigm} \mathcal{D}_{p_j}(\mathbf{q}_{n-1}^c, \mathbf{q}_n) \quad (2.55)$$

donde $\text{sigm}(x)$ es la función sigmoideal:

$$\text{sigm}(x) = \frac{\alpha x}{\sqrt{1 + (\alpha x)^2}} \quad (2.56)$$

Es conveniente resaltar que la notación empleada para las plantillas, T_{n-1}^c y B_n , tiene un carácter meramente ilustrativo. La definición es aplicable a cualquier tipo de plantilla formada por una subsecuencia y su respectivo conjunto de puntos relevantes y regiones de soporte, independientemente de que represente a un latido o a un grupo.

El cálculo definido en 2.55 está compuesto compuesto por dos términos diferenciados:

- El primero representa la contribución del conjunto de regiones de soporte asociadas a los puntos relevantes en los que q_{n-1}^c concuerda con q_n . Nótese que el sumatorio se extiende sobre todo el conjunto de puntos relevantes, pero debido a la ponderación por sus respectivos ratios de concordancia, solo aquellos donde existe concordancia positiva aportan una contribución neta. El resultado final de este término depende directamente del número de puntos relevantes en los que existe concordancia.
- El segundo término representa la contribución del conjunto de regiones en cuyos puntos relevantes la concordancia es nula. Su aportación a la similitud es negativa y se cuantifica a partir de la disimilitud local máxima obtenida para las regiones del conjunto, por lo que su valor no depende del número de puntos que éste contiene. La elección del máximo tiene por objeto penalizar la magnitud de las diferencias morfológicas en lugar de su extensión temporal, de modo que, el valor de la similitud a trozos de una plantilla con respecto a diferentes plantillas de referencia, se vea penalizada en mayor medida ante diferencias de mayor magnitud, aunque afecten a un menor número de regiones.

La función $\text{sigm}(x)$ se introduce para convertir la medida de disimilitud local de cada región de soporte en una contribución a la similitud acotada al intervalo $[0, 1]$, donde el valor mínimo representa la contribución de una región con disimilitud nula. Esta conversión supone la proyección no lineal del intervalo $[0, \infty]$, correspondiente al dominio de la disimilitud local, sobre el intervalo $[0, 1]$. La función $\text{sigm}(x)$ realiza dicha proyección de forma exponencial, como se muestra en la figura 2.25, donde se representa la función para varios valores del parámetro α . Como consecuencia, cualquier intervalo en la imagen de la función está generado por un intervalo finito de su dominio, cuya anchura puede reducirse hasta el valor deseado mediante el parámetro α . Por ejemplo, en la figura, puede observarse como, para $\alpha = 8$, el 95% del conjunto imagen, correspondiente al intervalo $[0, 0.95]$, se genera a partir del

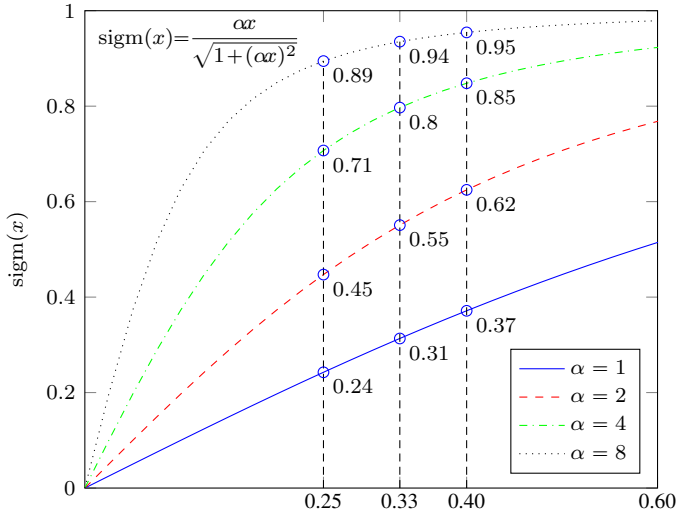


Figura 2.25: Representación de la función sigmoide $\text{sigm}(x)$ para múltiples valores de parámetro α .

conjunto $[0, 0.4]$ del dominio. Bajo estas condiciones, las regiones con disimilitud superior a 0.4 tendrían una contribución a la similitud muy próxima y, en todo caso, irrelevante.

La estrategia seguida para determinar el valor asignado a α se basa en definir un intervalo de valores de disimilitud aceptables y su correspondencia en el conjunto imagen de $\text{sigm}(x)$, de tal modo que las contribuciones a la similitud a trozos de las regiones con diferencias morfológicas significativas sean despreciables. El fin que se persigue es limitar las contribuciones de menor cuantía a aquellos valores de disimilitud que puedan presentar las secuencias que comparten un mismo patrón morfológico. En este punto cabe destacar que la elección de un intervalo no comporta un tratamiento diferenciado de los valores incluidos frente a los excluidos de él, sino un ajuste de la rapidez con la que decrece la contribución de una región de soporte a medida que aumenta su disimilitud. Por ello, no es necesario determinar con precisión el intervalo de valores admitidos, siendo suficiente una estimación aproximada. Para obtener dicha estimación, planteamos un escenario en el que la variabilidad temporal y en amplitud entre dos complejos QRS es anulada en su totalidad mediante DDTW, salvo por una variación temporal en anchura de una única muestra. Los valores de disimilitud local obtenidos en dicha situación servirán de referencia para definir el límite superior del intervalo. Simulamos este escenario empleando una aproximación triangular para modelar las ondas de los complejos,

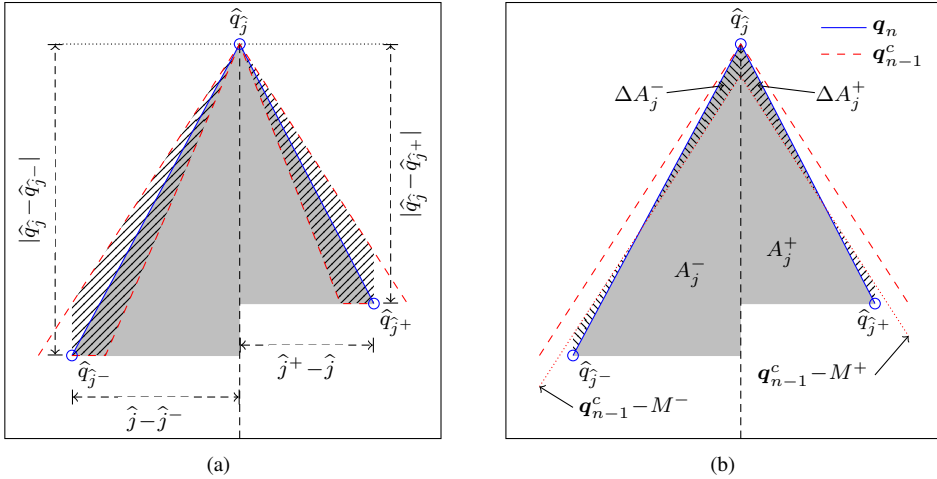


Figura 2.26: Cálculo de la disimilitud local sobre dos ondas triangulares. En la subfigura (a) se muestra la secuencia triangular de referencia, q_n , con sus respectivos parámetros de anchura y altura en cada flanco. Las regiones sombreadas indican el desplazamiento que pueden sufrir los flancos ante variaciones en anchura de hasta una muestra, ya sea positiva o negativa. En la subfigura (b) se muestra la secuencia de referencia y, sobre ella, q_{n-1}^c , que denota aquella variación de entre las permitidas en (a) que maximiza la diferencia de áreas ΔA_j^- y ΔA_j^+ .

donde cada flanco se representa mediante una recta de pendiente constante. En la figura 2.26, puede observarse el esquema planteado. La onda triangular de referencia, q_n , se muestra en la subfigura 2.26(a), con anchura y altura diferentes para cada flanco. Las zonas sombreadas se corresponden con los cambios que sufriría cada flanco ante una variación de su anchura de una muestra, ya sea ésta positiva o negativa. En la subfigura 2.26(b) se muestra la situación en la que una segunda secuencia triangular, q_{n-1}^c , presenta un incremento de anchura de una muestra en ambos flancos, y que se corresponde con la que genera una mayor disimilitud.

Bajo estas condiciones, las diferentes áreas empleadas para el cálculo de la disimilitud local, en cada uno de sus flancos, pueden expresarse como:

$$\Delta A_j^- = \frac{|\hat{q}_j - \hat{q}_j^-|}{2} \quad A_j^- = \frac{|\hat{q}_j - \hat{q}_j^-|(\hat{j} - \hat{j}^-)}{2} \quad (2.57)$$

$$\Delta A_j^+ = \frac{|\hat{q}_j - \hat{q}_j^+|}{2} \quad A_j^+ = \frac{|\hat{q}_j - \hat{q}_j^+|(\hat{j}^+ - \hat{j})}{2} \quad (2.58)$$

A partir de ellas obtenemos el valor de disimilitud local para esta aproximación:

$$\mathcal{D}_{p_j}(\mathbf{q}_{n-1}^c, \mathbf{q}_n) = \frac{1}{\hat{j} - \hat{j}^-} \cdot \frac{\Delta A_j^-}{\Delta A_j^- + \Delta A_j^+} + \frac{1}{\hat{j}^+ - \hat{j}} \cdot \frac{\Delta A_j^+}{\Delta A_j^- + \Delta A_j^+} \quad (2.59)$$

Obsérvese que el valor de la disimilitud tiene una dependencia directa con la anchura de cada flanco de onda, mientras que su altura solo influye en términos relativos, para la ponderación de la contribución de cada flanco al valor final. En consecuencia, el valor máximo de disimilitud local se obtiene con la anchura mínima establecida para una onda del complejo QRS, que en nuestro caso, según comentamos en la subsección 2.3.1, hemos fijado en 20ms ($\theta_{m\dot{m}} = 10\text{ms}$ por flanco). Expresando dicho valor en número de muestras a través la frecuencia de muestreo (f_s) obtenemos:

$$\mathcal{D}_{p_j}(\mathbf{q}_{n-1}^c, \mathbf{q}_n) = \left[\frac{f_s}{100} \right]^{-1} \quad (2.60)$$

que para las frecuencias empleadas en las bases de datos de referencia se corresponde con:

$$\mathcal{D}_{p_j}(\mathbf{q}_{n-1}^c, \mathbf{q}_n) = 0.25 \quad \text{para } f_s = 360\text{Hz} \quad (2.61)$$

$$\mathcal{D}_{p_j}(\mathbf{q}_{n-1}^c, \mathbf{q}_n) = 0.33 \quad \text{para } f_s = 250\text{Hz} \quad (2.62)$$

Simulamos el escenario descrito empleando dos complejos idénticos que presentan un desfase temporal, introducido artificialmente al desplazar la marca fiducial del latido. La magnitud del desfase es superior, en una muestra, a la que puede compensar el alineamiento mediante DDTW, de modo que las secuencias alineadas presentan una desalineación de una única muestra.

En la figura 2.27 se muestran varios ejemplos de complejos QRS cuyas ondas son representativas de la diversidad morfológica que podemos encontrar en una señal de ECG, presentando diferentes combinaciones de anchuras y alturas. En la parte superior de las subfiguras, se muestra el complejo original, denotado por \mathbf{q}_n , y la secuencia obtenida tras desplazar la marca fiducial $\delta + 1$ muestras, denotada por \mathbf{q}_{n-1}^c . En la parte inferior, se muestran las secuencias alineadas que, como puede observarse, presentan un desalineamiento temporal de una muestra. En la parte central de cada subfigura, se representa el valor de disimilitud obtenido para la región de soporte de cada uno de los puntos relevantes presentes en la secuencia de referencia. Dichos valores se encuentra en todos los casos por debajo de 0.25, salvo uno, que se aproxima a 0.40. Esta excepción está asociada a una onda estrecha y de gran amplitud, que, en este caso, se corresponde con el pulso generado por la activación de un marcapasos. Se trata de

un resultado esperable, ya que, para una onda con una altura dada, una disminución de su anchura, reduce las áreas de referencia A^- y A^+ y, al mismo tiempo, aumenta la pendiente de los flancos, lo que produce un aumento de las diferencias ΔA^- y ΔA^+ . Por lo tanto, podemos esperar disimilitudes semejantes para cualquier onda de igual anchura.

A partir de los resultados expuestos, tomamos el intervalo de disimilitud $[0, 0.40]$ como referencia para la elección del valor de α , cuyo valor quedará determinado por el intervalo de contribuciones correspondiente en el conjunto imagen $[0, 1]$. Si observamos el comportamiento de la función $\text{sigm}(x)$ para distintos valores α en la figura 2.25, se aprecia que los valores más bajos, $\alpha = 1$ y $\alpha = 2$, generan contribuciones demasiado bajas para valores de disimilitud excluidos del intervalo de referencia. Por otra parte, con $\alpha = 8$, se generan valores demasiado elevados para disimilitudes superiores a 0.25, que, como hemos visto, podrían presentarse entre morfologías similares. Por ello, elegimos un valor intermedio entre ambos extremos, $\alpha = 4$, que otorga contribuciones en el rango $[0, 0.71]$ para las disimilitudes menores de 0.25, donde se ubican la práctica totalidad de las medidas de los ejemplos mostrados; intervalo que se extiende hasta $[0, 0.85]$ para el intervalo de referencia $[0, 0.40]$.

Además, con este valor, los valores de disimilitud superiores, pero próximos, al límite superior generan contribuciones de escasa magnitud, lo cuál es deseable, habida cuenta que en los ejemplos mostrados, las morfologías de los complejos eran idénticas, y se espera que los valores de disimilitud aumenten entre complejos diferentes.

A efectos de ilustrar la idoneidad de los intervalos seleccionados, en la figura 2.28 se muestra el resultado de la medida de disimilitud local sobre tres pares de complejos QRS donde se han tomado como referencia las mismas secuencias q_n de la figura 2.27. Los complejos QRS se corresponden con los mostrados previamente en las figuras 2.22 y 2.23 para ilustrar las situaciones a las que debe dar solución la medida de disimilitud; por lo tanto, la figura también sirve como ejemplo de la bondad de los resultados que proporciona la medida diseñada.

En la subfigura 2.28(a) podemos observar como la medida compensa la influencia de las ondas adyacentes, proporcionando un valor elevado de disimilitud para la región de soporte de la izquierda debido a la ausencia de onda R en la subsecuencia q_{n-1}^c ; en consecuencia, el valor de similitud a trozos respecto a q_n será bajo. En la siguiente región de soporte, se muestra el efecto de la alineamiento vertical, haciendo que la disimilitud sea prácticamente nula. En la subfigura 2.28(b) también se puede apreciar el efecto de alineamiento vertical. Obsérvese cómo a pesar de la disparidad existente en la magnitud de las diferencias entre

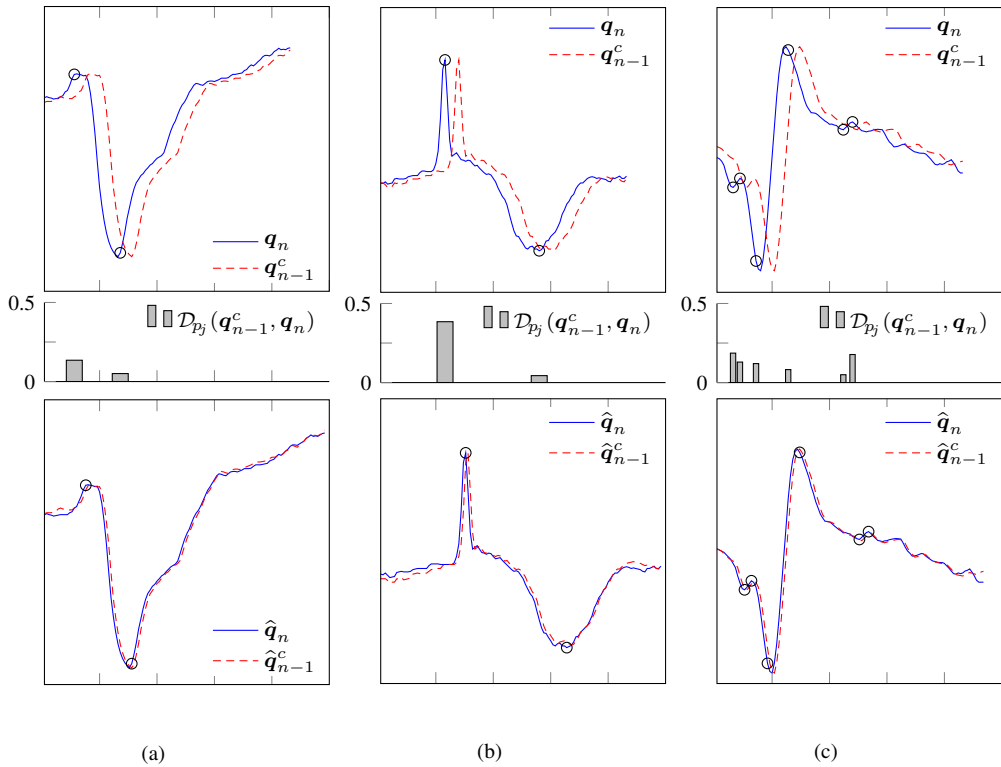


Figura 2.27: Ejemplo de valores de disimilitud local entre secuencias idénticas con desalineamiento temporal. En cada subfigura se representan, en su parte superior, dos secuencias del mismo complejo QRS, desplazadas temporalmente entre sí $\delta + 1$ muestras. Y en su parte inferior, las secuencias alineadas; obsérvese como el desfase temporal se reduce a una única muestra. Por último, la zona central muestra los valores de disimilitud obtenidos para las regiones dominantes de la subsecuencia de referencia. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. (a) R200.C1 [05:01.481], (b) R104.C1 [06:48.572], (c) R118.C2 [08:14.133].

ambas regiones de soporte, la disimilitud en ambas es similar. En este ejemplo, el valor de la disimilitud para la región derecha puede parecer incorrecto, dado que existe una clara diferencia morfológica entre ambas secuencias, pero hay que tener en cuenta que la secuencia de referencia, q_n , posee en dicha región una única onda, que también está presente en la otra. La diferencia morfológica se manifestará cuando se tome la secuencia q_{n-1}^c como referencia, ya que en ella existe un tercer punto relevante para el que no existe correspondencia en q_n . Por último, en la subfigura 2.28(c), se muestra cómo la medida compensa las diferentes dimensiones de las ondas constituyentes del QRS. En ella pueden apreciarse seis puntos

2.5. Selección de grupo morfológico

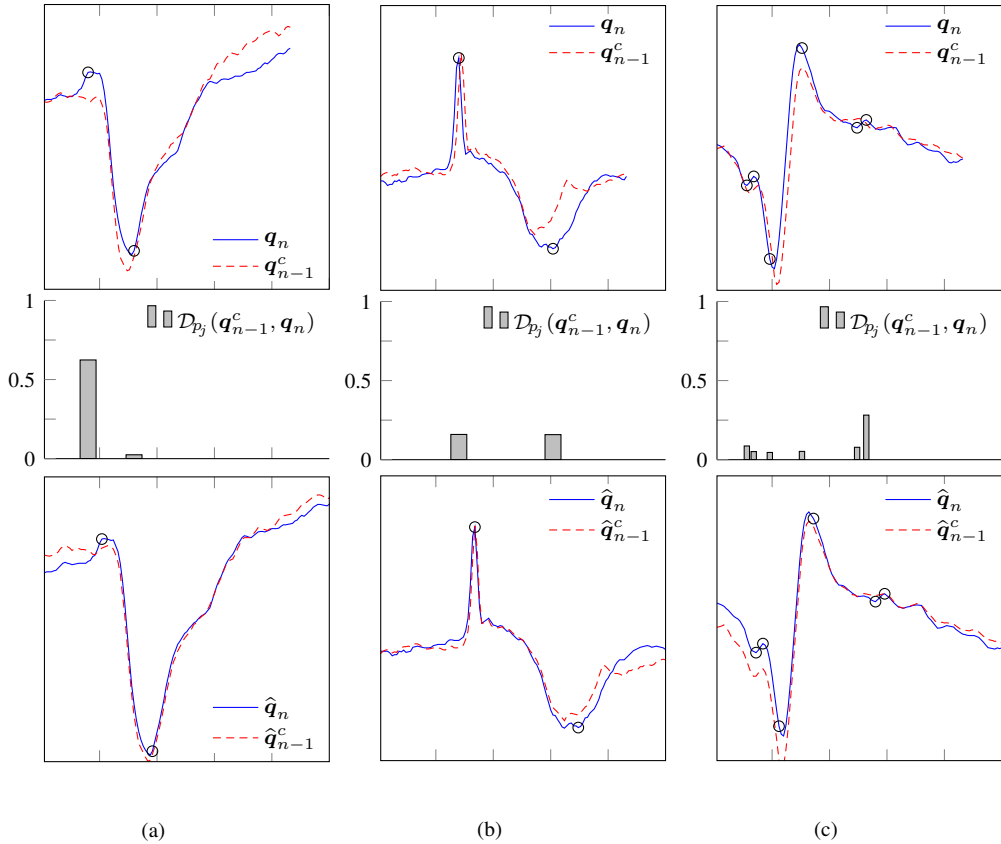


Figura 2.28: Ejemplos de disimilitud local sobre tres pares complejos. En la parte superior de cada subfigura se muestran las subsecuencias originales; en su parte inferior, las secuencias alineadas, y en el centro, los valores de disimilitud obtenidos para cada región de soporte de la subsecuencia de referencia. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. (a) R200.C1 [05:01.481], [04:50.369], (c) R104.C1 [06:48.572], [06:47.733], (c) R118.C2 [08:14.133], [07:40.989]. Orden de los complejos: (—)(- - -).

relevantes, dos de ellos de amplitud claramente superior al resto. Gracias al alineamiento vertical y a la ponderación empleada, los valores de disimilitud son bajos y similares, salvo en una región que presenta mayores diferencias morfológicas; en todo caso, aunque más elevada, la disimilitud se encuentra dentro del intervalo admitido.

Similitud entre subsecuencias

La medida de similitud a trozos depende de los puntos relevantes y regiones de soporte de una de las secuencias y, por lo tanto, es asimétrica. Teniendo en cuenta que la medida de similitud empleada para el agrupamiento debe ser simétrica, definimos la siguiente medida de similitud entre subsecuencias:

Definición 17. Se define la *similitud* entre B_n y T_{n-1}^c como:

$$\mathcal{S}(B_n, T_{n-1}^c) = \mathcal{PS}(T_{n-1}^c, B_n) + \mathcal{PS}(B_n, T_{n-1}^c) \quad (2.63)$$

De este modo se obtiene un valor que captura la concordancia, similitud y complejidad morfológica de ambos segmentos de señal. Esta medida nos permite seleccionar la plantilla más similar a otra dentro de un conjunto, pero todavía no nos permite determinar cuál es el grado de similitud que presentan.

La figura 2.28 nos sirve de base para abrir la discusión sobre la necesidad de una medida que tengan en cuenta el número de puntos relevantes del complejo QRS. En 2.28(a) y 2.28(c) se muestran dos casos en los que la similitud a trozos podría proporcionar un valor similar, a pesar de que en el primer caso la diferencia morfológica es manifiesta, mientras que en el segundo es irrelevante. En este caso, el problema podría persistir incluso tras calcular la similitud entre subsecuencias definida en 2.63. El origen del problema reside en el efecto acumulativo del número de regiones relevantes en el valor de similitud, que contrarresta la menor disimilitud que presenta cada una de ellas en comparación con las de 2.28(a). Con este ejemplo se busca ilustrar la necesidad de una medida que proporcione valores comparables e indicativos del grado de similitud entre plantillas. Para ello, definimos dos medidas normalizadas:

Definición 18. Se define la *similitud a trozos normalizada* como:

$$\overline{\mathcal{PS}}(T_{n-1}^c, B_n) = \frac{\mathcal{PS}(T_{n-1}^c, B_n)}{|R_n|} \quad (2.64)$$

Definición 19. Se define la *similitud normalizada* como:

$$\overline{\mathcal{S}}(B_n, T_{n-1}^c) = \frac{\mathcal{S}(B_n, T_{n-1}^c)}{(|R_n| + |R_{n-1}^c|)}, \quad (2.65)$$

donde R_{n-1}^c es el conjunto de puntos relevantes asociado a T_{n-1}^c .

Estas medidas nos proporcionan una valor promedio de similitud por región relevante, de forma que partiendo de los intervalos de disimilitud admitidos para una región es posible establecer una escala indicativa del grado de similitud entre dos plantillas.

2.5.2. Selección del grupo más similar

Una vez definidas las medidas necesarias para la comparación morfológica entre plantillas, es necesario establecer los criterios para elegir cuál es el grupo que presenta una morfología más similar a un determinado latido.

La presencia de diferentes morfologías de QRS en un segmento de señal de ECG está asociada a la existencia de un conjunto de puntos de activación y rutas de propagación que se alternan en el tiempo. Dicho conjunto es generalmente reducido, llegando en el caso de una situación de normalidad cardíaca a contener un único elemento. Por este motivo, es muy probable que la mayoría de los complejos QRS de un registro de ECG compartan su morfología con alguno de los complejos QRS presentes en un breve intervalo temporal previo. Basándonos en esta premisa y teniendo en mente el objetivo de proporcionar un agrupamiento en tiempo real, la búsqueda del grupo $C_{n-1}^{win} \in C_{n-1}$ que presenta la mejor correspondencia con un latido B_n se realiza, en primer lugar, dentro del conjunto de grupos presentes en su contexto temporal. Con ello se pretende reducir el número de comparaciones necesarias para asignar un latido a un grupo:

Definición 20. Definimos el *contexto temporal* de un latido B_n , denotado por $\tau\text{-ctx}^-(B_n)$, como el conjunto de τ latidos previos

$$\tau\text{-ctx}^-(B_n) = \{B_{n-i} \mid 1 \leq i \leq \tau\} \quad (2.66)$$

A partir de esta definición, obtenemos el conjunto de grupos presentes en el contexto de B_n , denotado por $C_{n-1}^{ctx} \subset C_{n-1}$, como

$$C_{n-1}^{ctx} = \{C_{n-1}^c \mid C_{n-1}^c \in C_{n-1} \wedge \exists B_i \in \tau\text{-ctx}^-(B_n) \wedge B_i \in C_{n-1}^c\}. \quad (2.67)$$

La duración del contexto se fija en $\tau = 15$ latidos, el número de latidos mostrados en la típica tira de 10s de ECG utilizada por los cardiólogos para una frecuencia cardíaca de 80 latidos/min. Consideramos que este contexto es suficientemente largo para incluir todas las morfologías presentes en una arritmia multifocal. A lo largo de esta sección, se hará uso de todas derivaciones disponibles en la señal de ECG, por lo que se utiliza el superíndice l para denotar la derivación.

Para identificar el grupo más similar del contexto, denotado por sim , se hace uso de las medidas de similitud y similitud normalizada entre plantillas. En el algoritmo 3 se muestra el procedimiento a seguir para su obtención. En primer lugar se busca, para cada derivación,

entre todas las plantillas de grupo del contexto temporal, $T_{n-1}^{c,l} \in C_{n-1}^{ctx}$, aquella que presenta mayor similitud:

$$Smax^l = \arg \max_c \mathcal{S}(B_n^l, T_{n-1}^{c,l}) \quad (2.68)$$

A continuación, se obtiene el conjunto de grupos más similares mediante una votación por mayoría:

$$Smax = \text{mode}\{Smax^l \mid l \in [1, L]\} \quad (2.69)$$

Si resulta elegido un único grupo, se considera el más similar: $sim = Smax$. En caso contrario, se realiza una segunda votación empleando la similitud normalizada y teniendo en cuenta únicamente aquellos grupos elegidos en la votación anterior:

$$\bar{S}max^l = \arg \max_{c \in Smax} \bar{\mathcal{S}}(B_n^l, T_{n-1}^{c,l}) \quad (2.70)$$

$$\bar{S}max = \text{mode}\{\bar{S}max^l \mid l \in [1, L]\} \quad (2.71)$$

Si en esta ocasión resulta elegido un único grupo: $sim = \bar{S}max$. En caso de producirse un segundo empate, el último criterio de decisión será el máximo valor de similitud promedio sobre todos los canales:

$$sim = \arg \max_{c \in \bar{S}max} \frac{\sum_{l=1}^L \mathcal{S}(B_n^l, T_{n-1}^{c,l})}{L} \quad (2.72)$$

Una vez elegido el grupo más similar, C_{n-1}^{sim} , para el latido B_n dentro de su contexto temporal, debe decidirse si se asigna a dicho grupo o si, por el contrario, es necesario continuar la búsqueda fuera del contexto. En la figura 2.29 se muestra el procedimiento completo de selección de grupo y asignación de latido.

El latido B_n se asigna al grupo C_{n-1}^{sim} y, en consecuencia, $C_{n-1}^{win} = C_{n-1}^{sim}$, si se cumple:

$$\bar{\mathcal{S}}(B_n^l, T_{n-1}^{sim,l}) > \gamma, \forall l \in [1, L]. \quad (2.73)$$

Se fija un valor $\gamma = 0.30$ que corresponde con el doble de la máxima contribución a la similitud de un punto con una disimilitud local de 0.40, límite del rango fijado como admisible. De este modo, se impide la asignación de latidos en los que todas sus regiones tengan disimilitudes próximas a dicho límite.

Cuando B_n y C_{n-1}^{sim} no son suficientemente similares, se realiza una nueva comparación dentro del subconjunto $C_{n-1} - C_{n-1}^{ctx}$, del que se obtiene el grupo más similar C_{n-1}^{sim*} siguiendo el procedimiento descrito en el algoritmo 3. Si B_n y C_{n-1}^{sim*} son suficientemente similares (cumplen la condición 2.73), el latido se asigna y $C_{n-1}^{win} = C_{n-1}^{sim*}$. En caso contrario, el latido no

Algoritmo 3: Algoritmo para selección de la plantilla grupo más similar a un latido.

Entrada: $B_n^l, l \in [1, L]$: Plantilla de latido.
 $T_{n-1}^{c,l}, l \in [1, L]$: conjunto de plantillas de grupo.

Salida: sim : Índice de la plantilla más similar a B_n^l .

- ▶ Buscar, para cada derivación, la plantilla con mayor similitud:

```

1 para  $i \leftarrow 1$  a  $L$  hacer
2   |  $Smax^l = \arg \max_c \mathcal{S}(B_n^l, T_{n-1}^{c,l})$ 
3 fin
  ▶ Seleccionar el grupo o grupos más similares mediante votación por
  mayoría:
4  $Smax = \text{mode}\{Smax^l \mid l \in [1, L]\}$ 
5 si  $|Smax| = 1$  entonces
6   |  $sim = Smax$ 
7 en otro caso
  ▶ Realizar segunda votación empleando la similitud normalizada:
8   para  $i \leftarrow 1$  a  $L$  hacer
9     |  $\bar{Smax}^l = \arg \max_{c \in Smax} \bar{\mathcal{S}}(B_n^l, T_{n-1}^{c,l})$ ;
10    fin
11     $\bar{Smax} = \text{mode}\{\bar{Smax}^l \mid l \in [1, L]\}$ ;
12    si  $|\bar{Smax}| = 1$  entonces
13      |  $sim = \bar{Smax}$ 
14    en otro caso
15      |  $sim = \arg \max_{c \in \bar{Smax}} \sum_{l=1}^L \mathcal{S}(B_n^l, T_{n-1}^{c,l}) / L$ 
16    fin
17 fin
18 devolver ( $sim$ );

```

se asigna a ningún grupo y el grupo más similar C_{n-1}^{win} se elige entre C_{n-1}^{sim} y C_{n-1}^{sim*} aplicando el mismo algoritmo de selección.

2.6. Actualización de grupos

Para responder de forma adaptativa al comportamiento cambiante del ECG, los grupos deben crearse, modificarse o fusionarse de forma dinámica en respuesta a la incorporación de cada nuevo latido. El tipo de actualización a llevar a cabo dependerá de la decisión de asignar o no dicho latido al grupo con el que guarda mayor similitud. A continuación detallaremos

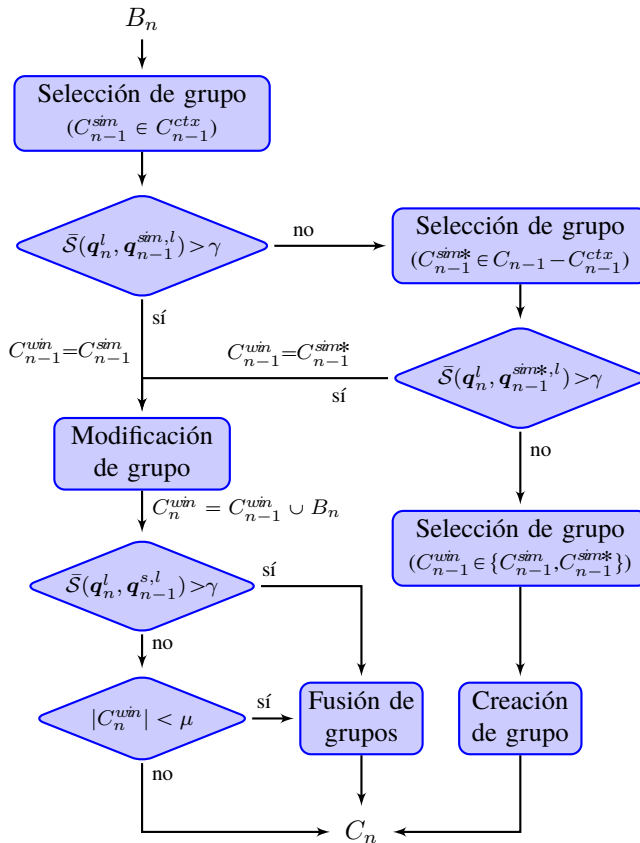


Figura 2.29: Diagrama de flujo de los procesos de selección de grupo y actualización del conjunto de grupos.

las implicaciones de cada una de las posibles operaciones: creación, modificación y fusión de grupos.

2.6.1. Creación de un nuevo grupo

Si B_n no se asigna a C_{n-1}^{win} , se crea un nuevo grupo C_n^{new} y su plantilla se inicializa para cada derivación utilizando la representación del latido: $T_n^{new,l} = B_n^l$. Entonces el conjunto de grupos se actualiza a $C_n = C_{n-1} \cup \{C_n^{new}\}$.

2.6.2. Modificación de un grupo

Si B_n se asigna a C_{n-1}^{win} , entonces el nuevo latido se incorpora al grupo que se actualiza a:

$$C_n^{win} = C_{n-1}^{win} \cup \{B_n\} \quad (2.74)$$

La plantilla actual del grupo, $T_{n-1}^{win,l} = \langle \mathbf{q}_{n-1}^{win,l}, P_{n-1}^{win,l} \rangle$, también debe actualizarse, generando una nueva plantilla, $T_n^{win,l}$, para cada derivación. Para ello, es necesario calcular la nueva secuencia que representa la morfología del grupo, $\mathbf{q}_n^{win,l}$, a partir de \mathbf{q}_n^l y $\mathbf{q}_{n-1}^{win,l}$:

$$\dot{q}_{y,n}^{win,l} = (1 - \beta) \dot{q}_{y,n-1}^{win,l} + \beta \text{media}(\{\dot{q}_{x,n}^l \mid (x, y) \in \mathbf{m}\}) \quad (2.75)$$

$$q_{y,n}^{win,l} = q_{y-1,n}^{win,l} + \dot{q}_{y,n}^{win,l} \quad (2.76)$$

donde $q_{1,n}^{win,l} = q_{1,n-1}^{win,l}$. El término β es el coeficiente de la actualización exponencial. Asignar un valor para β implica establecer un compromiso entre plasticidad y estabilidad de la plantilla del grupo. Fijamos $\beta = 1/8$ de modo que los últimos 16 latidos asignados al grupo proporcionan el 90% de las contribuciones a la plantilla actual. Esto permite que la plantilla se adapte a evoluciones rápidas del patrón morfológico correspondiente al complejo QRS, considerando rápidas como aquellas que se producen en tiempos del orden de decenas de segundos.

A continuación, se obtiene el conjunto de puntos relevantes y sus respectivas regiones de soporte $P_n^{win,l}$ a partir de la nueva secuencia $\mathbf{q}_n^{win,l}$, dando lugar a la plantilla:

$$T_n^{win,l} = \langle \mathbf{q}_n^{win,l}, P_n^{win,l} \rangle. \quad (2.77)$$

2.6.3. Fusión de grupos

A lo largo del proceso de agrupamiento, los patrones morfológicos representados por los grupos evolucionan a causa de las operaciones de modificación descritas en el punto anterior. Cuando dos grupos diferentes evolucionan de tal forma que pasan a representar la misma morfología de complejo QRS, éstos deberían fusionarse. Esta situación es frecuente cuando los complejos QRS sufren distorsiones transitorias en su morfología debidas a la variabilidad intrínseca tanto del proceso de activación/propagación del latido como del de adquisición del ECG; dichas distorsiones provocan una reducción, por debajo del umbral de asignación, de la similitud de los complejos con los grupos que mejor representarían su patrón morfológico. Como consecuencia, en cada uno de estos casos, se crea un nuevo grupo que está sujeto a un periodo transitorio inicial durante el cual la plantilla para cada derivación puede evolucionar aproximándose a su grupo más similar.

Para detectar esta situación, definimos una relación *closest* que enlaza cada grupo con su grupo más similar entre los creados con anterioridad a él. La relación se establece para cada grupo C_n^{new} en el momento de su creación como:

$$C_n^{win} = closest(C_n^{new}) \quad (2.78)$$

donde C_n^{win} es el grupo más similar al latido B_n causante de la creación del nuevo grupo. Durante la evolución de las plantillas por la asignación de nuevos latidos, la relación podría tener que actualizarse.

Cuando un latido B_n se asigna a C_{n-1}^{win} , el grupo se actualiza a C_n^{win} y su grupo más similar podría cambiar. Resultaría costoso e innecesario revisar la relación *closest* siempre que se diese esta situación, por lo que se añade una segunda condición. La relación se revisa si:

$$\exists C_{n-1}^s \mid C_{n-1}^s \neq C_{n-1}^{win} \wedge \bar{S}(B_n^l, T_{n-1}^{s,l}) > \gamma, \forall l \in [1, L] \quad (2.79)$$

donde C_{n-1}^s pertenece al mismo subconjunto de C_n que C_{n-1}^{win} , ya sea C_{n-1}^{ctx} o $C_{n-1} - C_{n-1}^{ctx}$. Esto significa que la condición de asignación 2.73 se cumple para más de un grupo. En este caso, se revisan las correspondencias establecidas en la relación *closest* según se indica a continuación:

1. Dado que C_n^{win} ha sido actualizado, volviéndose más similar a B_n , se selecciona el grupo más próximo C_{n-1}^s a B_n dentro del subconjunto de grupos restante:

$$C_{n-1}^s = \arg \max_{C_{n-1}^c \neq C_{n-1}^{win}} \left(\sum_{l=1}^L \mathcal{S}(B_n^l, T_{n-1}^{c,l}) / L \right) \quad (2.80)$$

2. Si el último latido asignado a C_{n-1}^{win} es posterior al de C_{n-1}^s se modifica la correspondencia de C_n^{win} :

$$C_n^s = closest(C_n^{win}) \quad (2.81)$$

3. En caso contrario, se modifica la de ambos:

$$C_n^p = closest(C_n^{win}) \quad C_{n-1}^{win} = closest(C_n^s) \quad (2.82)$$

donde $C_{n-1}^p = closest(C_{n-1}^s)$ y $C_n^p = C_{n-1}^p$.

Una vez actualizada la relación *closest*, se evalúa la posible fusión de los grupos C_n^{win} y C_n^s , dado que sus plantillas han evolucionado llegando a ser suficientemente similares al último

latido. La condición para fusionar dichos grupos será análoga a la condición para asignación de latidos:

$$\bar{S}(T_n^{s,l}, T_n^{win,l}) > \gamma', \quad (2.83)$$

donde $\gamma' = 0.40$, que corresponde a la contribución máxima de un punto con disimilitud local de 0.20, aproximadamente; esto supone que, en promedio, las disimilitudes de las regiones en ambas plantillas deben estar en la mitad inferior del rango fijado como admisible. El motivo por el que se incrementa el umbral con respecto a γ es que los segmentos de señal de ambas plantillas representan un complejo QRS promedio con una tasa de señal/ruido mejorada.

Posteriormente, se considera el caso especial de aquellos grupos que se encuentran en su periodo transitorio. Establecemos la duración de este estado transitorio en términos del número de latidos asignados, de modo que, si se asigna B_n a C_{n-1}^{win} y $|C_n^{win}| < \mu$, se evalúa la posible fusión del grupo (condición 2.83) con su grupo más similar $C_n^s = closest(C_n^{win})$ (véase figura 2.29). El parámetro μ se corresponde con el número mínimo de latidos que deben ser asignados a un grupo para confirmar que representa una morfología independiente y consideramos $\mu = 10$ suficiente para este propósito.

Cuando dos grupos C_n^{win} y C_n^c se fusionan, el conjunto de grupos, la plantilla de grupo y la relación *closest* se actualizan en consecuencia (suponemos que $C_n^c = closest(C_n^{win})$ a efectos de notación):

1. C_n^c se actualiza a $C_n^c = C_n^c \cup C_n^{win}$.
2. $q_n^{c,l}$ se modifica fusionándose con $q_n^{win,l}$:

$$\dot{q}_{y,n}^{c,l} = (1-\beta)\dot{q}_{y,n}^{c,l} + \beta \sum (\{q_{x,n}^{win,l} \mid (x,y) \in \mathbf{m}\}) \quad (2.84)$$

$$q_{y,n}^{c,l} = q_{y-1,n}^{c,l} + \dot{q}_{y,n}^{c,l} \quad (2.85)$$

donde $q_{1,n}^{c,l}$ permanece inalterado.

3. La plantilla se modifica a $T_n^{c,l} = \langle q_n^{c,l}, P_n^{c,l} \rangle$, donde $P_n^{c,l}$ es el conjunto de puntos relevantes y regiones de soporte obtenidos a partir de $q_n^{c,l}$.
4. La relación *closest* se actualiza eliminando el par (C_n^c, C_n^{win}) y reemplazando C_n^{win} por C_n^c en todos los pares en los que aparezca el primero.

Tras la fusión del grupo C_n^{win} , se comprueba la posible fusión de cada uno de los pares modificados en la relación *closest*.

2.7. Control de proliferación de grupos

La creación dinámica de grupos conlleva el problema de identificar aquellos complejos QRS contaminados por ruido que podrían causar la proliferación de grupos. Cuando aparece ruido en una derivación de ECG, el QRS puede mostrar diferentes cambios. En algunos casos, segmentos de ECG con una baja relación señal/ruido presentan un elevado número de ondas y estas pueden ser detectadas a través de un número anormal de puntos dominantes. En otros casos, es necesario conocimiento del dominio para discernir si los cambios corresponden a una nueva morfología de QRS o a una versión ruidosa de una previa. Algunas alteraciones son bien conocidas y están descritas en la bibliografía, pero otras pueden representar un desafío incluso para un cardiólogo experto, que necesita comparar cada latido con aquellos presentes en su contexto temporal para identificar si está relacionado con un cambio morfológico repetitivo, un intervalo de ruido o un latido ruidoso aislado. En el método propuesto se sigue una aproximación con dos frentes, uno a nivel de latido y otro basado en contexto, para detectar complejos QRS ruidosos. El ruido puede estar presente en una o más derivaciones y a continuación se analizará como influye cada una de ellas en el agrupamiento de un latido concreto.

Se define una variable de estado $lead_noise_n^l$ para denotar la existencia de un *intervalo ruidoso* en la derivación l que contiene el latido n -ésimo. Dicho intervalo comienza con el primer latido ruidoso detectado en esa derivación justo después de una secuencia de latidos previos libres de ruido. Un intervalo ruidoso puede contener tanto latidos ruidosos como libres de ruido en la derivación l . Dicha condición se representa como un atributo del latido denotado por $beat_noise_n^l$.

Una vez iniciado un intervalo de ruido en la derivación l y mientras éste persista, la caracterización de cualquier nuevo latido B_n puede incluir en dicha derivación no solo ondas QRS sino también artefactos de ruido. Por este motivo, se modifican las reglas de selección y asignación de grupo (subsección 2.5) de modo que no se tengan en cuenta los puntos relevantes del latido para el cálculo de la similitud en la derivación afectada:

- $\mathcal{S}(B_n^l, T_{n-1}^{c,l})$ se sustituye por $\mathcal{PS}(B_n^l, T^{c,l})$
- $\bar{\mathcal{S}}(B_n^l, T_{n-1}^{c,l})$ se sustituye por $\bar{\mathcal{PS}}(B_n^l, T^{c,l})$.

En consecuencia, la condición para asignar un latido a un grupo existente en una derivación l durante un intervalo de ruido pasa a ser:

$$\bar{\mathcal{PS}}(B_n^l, T_{n-1}^{win,l}) > \gamma. \quad (2.86)$$

Un intervalo de ruido en la derivación l finaliza cuando tengamos $\kappa = 3$ latidos contiguos que sean considerados libres de ruido en dicha derivación. El final del intervalo se fija en el latido inmediatamente anterior al primero libre de ruido. Un latido B_n se considera *libre de ruido* si, tras completar su agrupamiento, cumple alguna de las siguientes condiciones:

- Es asignado a su grupo más similar y cumple la condición de asignación 2.73:

$$B_n \in C_n^{win} \wedge \bar{S}(B_n^l, T_{n-1}^{win,l}) > \gamma. \quad (2.87)$$

- Es asignado a un nuevo grupo y no ha sido etiquetado como ruidoso por los métodos de detección que se describirán a continuación:

$$B_n \in C_n^{new} \wedge beat_noise_n^l = false. \quad (2.88)$$

2.7.1. Detección de ruido basada en latido

La *detección de ruido a nivel de latido* se activa cuando se detecta un nuevo latido B_n . En ese instante, se estima el número de ondas presentes en el QRS como $|D_n^l|$ para cada derivación l . A partir del resultado se determina si B_n se considera ruidoso en la derivación l aplicando la siguiente regla:

$$Si |D_n^l| > \eta \Rightarrow beat_noise_n^l = true. \quad (2.89)$$

El término η es el máximo número de ondas que podrían estar presentes en un QRS libre de ruido. Establecemos $\eta = 6$ para admitir complejos con ondas Q, R y S, combinadas con R', S' o espigas como ocurre en los latidos de marcapasos, fusión de marcapasos y normal o que presentan bloqueo de rama.

Adicionalmente, si $|R_n^l| > \eta$, el complejo QRS se considera distorsionado por ondas relevantes causadas por ruido. Si esto ocurre en algunas derivaciones pero no en todas, se ignoran dichas derivaciones durante la asignación y actualización de grupos, pero si ocurren en todas las derivaciones, el latido se considera fallido y se asigna a su grupo más similar sin que éste actualice su plantilla.

2.7.2. Detección de ruido basada en contexto

La *detección de ruido basada en contexto* se activa con la creación un nuevo grupo para un latido B_n . Entonces se exploran dos posibles explicaciones:

- Hipótesis de ruido: existe un intervalo de ruido que distorsiona la morfología del latido. Bajo esta hipótesis cada latido se asigna a su grupo más similar.
- Cambio morfológico: la morfología del latido presenta un cambio respecto a los patrones previos. Bajo esta hipótesis se permite la creación de nuevos grupos.

La evaluación de estas hipótesis se realiza a lo largo de un contexto temporal de τ latidos con una duración suficiente para comprobar la evolución de la diversidad de grupos. Se define el contexto temporal posterior a B_n como:

$$\tau\text{-ctx}^+(B_n) = \{B_{n+i} \mid 0 \leq i < \tau\} \quad (2.90)$$

Se establece una hipótesis de ruido, denotada por hyp_noise_{n+i}^l , sobre cada derivación y para cada latido $B_{n+i} \in \tau\text{-ctx}^+(B_n)$. La hipótesis se inicializa utilizando el estado de ruido actual para el primer latido y el valor del latido previo para cada nuevo latido:

$$\text{hyp_noise}_n^l = \text{lead_noise}_{n-1}^l \quad \text{hyp_noise}_{n+i}^l = \text{hyp_noise}_{n+i-1}^l \quad (2.91)$$

El valor de la hipótesis para el latido B_{n+i} puede modificarse posteriormente bajo tres circunstancias:

- Si B_{n+i} se considera ruidoso en la derivación l como resultado de la detección de ruido a nivel de latido, la hipótesis de ruido se establece como cierta, independientemente de su valor anterior:

$$\text{Si } \text{beat_noise}_{n+i}^l = \text{true} \Rightarrow \text{hyp_noise}_{n+i}^l = \text{true} \quad (2.92)$$

- Si se crea un nuevo grupo para B_{n+i} , definimos el conjunto de derivaciones responsables de su creación, denotado por L_{n+i}^{noise} , que son las candidatas a ser consideradas ruidosas:

$$L_{n+i}^{\text{noise}} = \{l \mid \bar{S}(B_{n+i}^l, T_{n+i-1}^{\text{win},l}) \leq \gamma\} \cup \{l \mid \text{lead_noise}_{n+i}^l = \text{true} \wedge \bar{PS}(B_{n+i}^l, T_{n+i-1}^{\text{win},l}) \leq \gamma\} \quad (2.93)$$

Para cada una de estas derivaciones, se comprueba la posibilidad de asignar el latido a un grupo C_{n-1}^c bajo las condiciones de intervalo ruidoso, $\bar{PS}(B_{n+i}^l, T_{n+i-1}^{c,l}) > \gamma$. Si la condición de asignación se cumple para todas las derivaciones, significa que la señal todavía se parece a una morfología de QRS previa y, por ello, se establece la hipótesis como cierta en todas las derivaciones:

$$\text{Si } \forall l \in L_{n+i}^{\text{noise}}, \exists c \mid \bar{PS}(B_{n+i}^l, T_{n+i-1}^{c,l}) > \gamma \Rightarrow \text{hyp_noise}_{n+i}^l = \text{true}, \forall l \in L_{n+i}^{\text{noise}} \quad (2.94)$$

- Si B_{n+i} es el último de κ latidos consecutivos libres de ruido en la derivación l , establecemos la hipótesis como falsa en dicha derivación para los κ latidos:

$$\text{Si } B_{n+i-j}^l \text{ libre de ruido, } \forall j \in [0, \kappa-1] \Rightarrow \text{hyp_noise}_{n+i-j}^l = \text{false}, \forall j \in [0, \kappa-1]. \quad (2.95)$$

Tras haber procesado los τ latidos, se aborda la detección de derivaciones ruidosas. Para ello se contemplan dos fases que determinan la validez de la hipótesis de ruido en cada una de las derivaciones y para cada uno de los latidos del contexto temporal analizado:

- *Intervalos de ruido*: en esta primera fase se determina qué derivaciones se consideran ruidosas en la totalidad del intervalo temporal. Para ello se define el conjunto de nuevos grupos creados en $\tau\text{-ctx}^+(B_n)$, denotado por $C_{n+\tau-1}^{\text{ctx-new}}$, y el conjunto de latidos causantes de su creación, denotado por $\text{ctx-new}(B_n)$. Si $|C_{n+\tau-1}^{\text{ctx-new}}| > \tau/3$ se considera que existe una proliferación anormal de grupos dado que la aparición de más de 5 morfologías de QRS nuevas en un intervalo de 15 latidos es una situación extremadamente rara. Entonces cualquier derivación que sea una causa común de creación de todos los nuevos grupos se considera ruidosa y se establece la hipótesis como cierta para ella:

$$\text{Si } |C_{n+\tau-1}^{\text{ctx-new}}| > \tau/3 \Rightarrow \text{hyp_noise}_{n+i}^l = \text{true}, \forall i \in [0, \tau-1], \forall l \in L_n^{\tau\text{-ctx}} \quad (2.96)$$

donde $L_n^{\tau\text{-ctx}}$ se define como:

$$L_n^{\tau\text{-ctx}} = \{l \mid \forall B_{n+i} \in \text{ctx-new}(B_n), l \in L_{n+i}^{\text{noise}}\} \quad (2.97)$$

- *Latidos ruidosos*: en esta segunda fase se valora la presencia de ruido en cada latido de forma individual. Para ello se revisa el estado de la hipótesis de ruido en cada latido $B_{n+i} \in \text{ctx-new}(B_n)$. Un latido B_{n+i} se considera ruidoso si la hipótesis es cierta en todas las derivaciones $l \in L_{n+i}^{\text{noise}}$; esto implica la eliminación del grupo al que había sido asignado y la asignación de cada uno de los latidos de éste a su respectivo grupo más próximo:

$$\begin{aligned} \text{Si } \text{hyp_noise}_{n+i}^l = \text{true}, \forall l \in L_{n+i}^{\text{noise}} \Rightarrow & \text{beat_noise}_{n+i}^l = \text{true}, \forall l \in L_{n+i}^{\text{noise}} \wedge \\ & C_{n+\tau-1}^{\text{win}} = C_{n+\tau-1}^{\text{win}} \cup C_{n+\tau-1}^{\text{noise}} \wedge \\ & C_{n+\tau-1} = C_{n+\tau-1} - \{C_{n+\tau-1}^{\text{noise}}\} \end{aligned} \quad (2.98)$$

donde $B_{n+i} \in C_{n+\tau-1}^{\text{noise}} B_{n+i}$ y $C_{n+\tau-1}^{\text{win}} = \text{closest}(C_{n+\tau-1}^{\text{noise}})$.

Finalmente, una vez concluida la detección de latidos ruidosos, la información sobre intervalos de ruido recogida en la variable $lead_noise_{n+i}^l$ se actualiza para la totalidad de $\tau - ctx^+(B_n)$. El estado de $beat_noise_{n+i}^l$ se utiliza para establecer el principio y el fin de los intervalos de ruido para cada derivación siguiendo los criterios descritos al comienzo del apartado 2.7. El $lead_noise_{n+\tau-1}^l$ resultante es el nuevo estado de ruido utilizado en el análisis de los latidos posteriores.

CAPÍTULO 3

VALIDACIÓN DE RESULTADOS

En este capítulo se detalla el procedimiento seguido para validar los resultados producidos por el método propuesto. El objetivo que se persigue es obtener resultados comparables con las propuestas existentes en la bibliografía y al mismo tiempo establecer un procedimiento que sirva como marco de validación para futuras propuestas. Para ello, se han utilizado como fuentes de datos las señales procedentes de dos bases de datos electrocardiográficas estándar que se describen a continuación.

3.1. Bases de datos de ECG ambulatorio

Para realizar la validación se han seleccionado las bases de datos de ECG recomendadas por el estándar ANSI/AAMI EC57 [3] para documentar el desempeño de detectores de arritmias: La *MIT-BIH Arrhythmia Database* [29][66] y la base de datos AHA ECG.

3.1.1. MIT-BIH Arrhythmia Database

La *MIT-BIH Arrhythmia Database* puede considerarse el estándar de oro para las tareas de agrupamiento y clasificación de latidos y se emplea como base de datos de referencia en la práctica totalidad de la bibliografía existente en este ámbito. Esta base de datos está compuesta por 48 registros de ECG ambulatorio, obtenidos de 47 pacientes diferentes, que abarca un conjunto muy completo de ejemplos tanto de arritmias comunes como infrecuentes. Cada registro tiene una duración de 30 minutos e incluye dos canales que en casi todos los casos contienen las mismas derivaciones: la derivación II modificada (MLII) en el primero y

la derivación V1 en el segundo. Hay una excepción en el primer canal de tres registros, en el que la derivación MLII se ha sustituido por la V5; en el segundo canal, la derivación V1 se ha reemplazado en ocho ocasiones por una de las siguientes: MLII, V2, V4 o V5. Las señales originales analógicas se han acondicionado mediante un filtro pasabanda con frecuencias de corte en 0.1 y 100Hz y posteriormente digitalizadas a una frecuencia $f_s = 360\text{Hz}$, de este modo se evita tanto el aliasing como la saturación del conversor. Todos los latidos de la base de datos han sido anotados por al menos dos cardiólogos expertos, asignándoles una etiqueta de clase del conjunto de 16 etiquetas mostrado en la tabla 3.1. Esta base de datos está disponible de forma libre y gratuita a través del portal web de la iniciativa Physionet[29].

3.1.2. Base de datos AHA ECG

Esta base de datos fue recopilada por la *American Heart Association* (AHA) y está compuesta por 155 registros de ECG ambulatorio digitalizados a una frecuencia $f_s = 250\text{Hz}$, y que contienen los tipos más relevantes de arritmias ventriculares. Cada registro incluye dos canales y tiene una duración de tres horas, pero solo los últimos 30 minutos están anotados manualmente por expertos.

3.2. Análisis del ritmo cardíaco

El agrupamiento de latidos basado en la morfología del complejo QRS conlleva la imposibilidad de discriminar latidos prematuros, normales y/o ectópicos que comparten una morfología del complejo QRS común. La información necesaria para poder discriminar correctamente estos tipos de latidos puede obtenerse de dos fuentes: la primera es el análisis de la onda P, que representa la presencia de actividad auricular; y la segunda, el análisis del ritmo cardíaco, derivado de la secuencia de intervalos temporales entre latidos.

Aquellas propuestas de la bibliografía que reivindican su capacidad para separar dichos tipos de latidos omiten el análisis de la onda P, debido a su complejidad y baja fiabilidad, e incluyen información de ritmo en sus respectivas caracterizaciones de latido. En nuestra propuesta, hemos seguido el mismo planteamiento e incluimos una etapa de procesamiento con el objetivo de separar los diferentes tipos de latidos presentes en un grupo morfológico a partir de sus características de ritmo. Para ello, se ha empleado una clasificación del ritmo de cada latido basada en la estimación de la frecuencia cardíaca media asociada al ritmo de normalidad y su relación con la frecuencia cardíaca instantánea.

Tabla 3.1: Distribución de las diferentes clases de latidos en la *MIT-BIH Arrhythmia Database* y en la base de datos AHA ECG utilizando las etiquetas de latidos MIT-BIH.

Tipos de latidos MIT-BIH		Número de latidos	
Descripción del latido	Etiqueta	MIT-BIH	AHA
Normal	N	75053	319163
Bloqueo de rama izquierda	L	8074	–
Bloqueo de rama derecha	R	7259	–
Auricular prematuro aberrante	a	150	–
Auricular prematuro	A	2544	–
Nodal prematuro	J	83	–
Supraventricular prematuro	S	2	–
Auricular de escape	e	16	–
Nodal de escape	j	229	–
Contracción ventricular prematura	V	7129	32739
Ventricular de escape	E	106	12
Fusión de ventricular y normal	F	803	1266
Marcapasos	\	7028	3169
Fusión de marcapasos y normal	f	982	–
Sin clasificar	Q	33	572
Onda de aleteo ventricular	!	472	–
Total		109963	356921

En los siguientes apartados describiremos, en primer lugar, el modelo propuesto para estimar el ritmo de normalidad y , a continuación, el sistema de reglas empleado para clasificar el ritmo de un latido a partir de dicha estimación.

3.2.1. Estimación del ritmo de normalidad

El intervalo temporal entre dos latidos normales, denominado intervalo NN , es el resultado de la observación de un proceso estocástico no estacionario regulado por la actividad conjunta de los sistemas nerviosos simpático y parasimpático, en el que además influye, tanto a corto como a largo plazo, la actividad de otros múltiples sistemas de control y regulación corporal, y factores como la edad, el sexo o algunas características genéticas [58]. Esto implica que

el valor del intervalo RR asociado a un determinado latido B_n , denotado por RR_n , debería ponerse en contexto utilizando al menos la información de ritmo de los latidos circundantes para analizar su normalidad. Obsérvese el uso de la notación RR para denotar el intervalo temporal entre latidos de cualquier clase.

Con el fin de realizar el mencionado análisis, modelamos la serie de intervalos NN como un proceso estocástico con distribución marginal $\mathcal{N}(\widehat{NN}_n, \sigma_n^2)$ asociada al latido n -ésimo[74]. Esta distribución se emplea para determinar la normalidad del intervalo RR_n asociado a dicho latido, siguiendo el procedimiento que se detalla en el siguiente apartado. Para la estimación del valor de la media, denotada por \widehat{NN}_n , se emplea el método de suavizado exponencial simple, de tal modo que con cada nuevo latido se actualiza el valor de la estimación, dependiendo de si éste resulta clasificado como normal o no. El uso de una ponderación exponencial está motivado por su capacidad para modelar procesos cuya media puede mostrar variaciones rápidas como las que pueden darse en la frecuencia cardíaca instantánea dentro de un ritmo de normalidad. Definimos, por lo tanto, la estimación del valor medio de la distribución marginal asociada al latido n -ésimo como:

$$\widehat{NN}_n = \begin{cases} \theta RR_{n-1} + (1-\theta)\widehat{NN}_{n-1} & \text{si el ritmo de } B_{n-1} \text{ es normal} \\ \widehat{NN}_{n-1} & \text{en otro caso} \end{cases} \quad (3.1)$$

donde θ es el factor de actualización. Asignamos el valor $\theta = 0.2$ de modo que la contribución principal a la estimación de la media ($> 96\%$) provenga del conjunto de los últimos τ latidos cuyo ritmo haya sido clasificado como normal, denotado por $\tau-N(B_n)$. Donde $\tau = 15$ según se indicó en el apartado 2.5.2. La varianza se estima a partir de dicho conjunto mediante:

$$\hat{\sigma}_n^2 = \sum_{B_i \in \tau-N(B_n)} (NN_i - \widehat{NN}_i)^2 \frac{1}{\tau - 1} \quad (3.2)$$

A efectos de ilustrar el comportamiento del modelo anterior, en la figura 3.1 se muestra la evolución de la secuencia de intervalos RR correspondientes a un fragmento del registro 117 de la base de datos MIT-BIH. Los puntos representan la secuencia RR_n y la línea sólida, la estimación de \widehat{NN}_n . Las dos líneas discontinuas acotan el intervalo $[\widehat{NN}_n - 3\hat{\sigma}_n, \widehat{NN}_n + 3\hat{\sigma}_n]$ que ilustra la estimación de la desviación estándar. Puede observarse un punto fuera de dicho intervalo correspondiente a un latido auricular prematuro presente en el segmento.

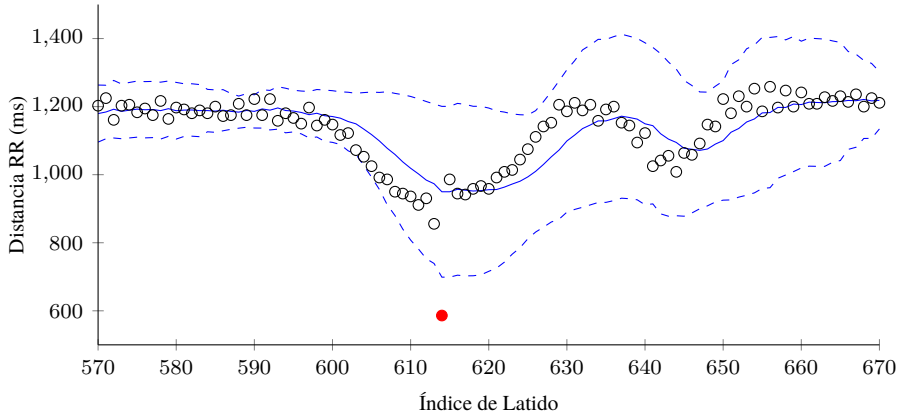


Figura 3.1: Representación de la evolución temporal de la distancia RR en un fragmento de un registro de la base de datos MIT-BIH. Los puntos representan el valor de RR asociado a los latidos del fragmento. El único punto con interior coloreado se corresponde con un latido auricular prematuro. La línea sólida representa la estimación \widehat{NN}_n y las líneas punteadas delimitan el intervalo $\widehat{NN}_n \pm 3\hat{\sigma}_n$ para cada uno de los latidos. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. R117 [11:17.500,13:10.086]

Valores iniciales de la estimación

El cálculo de las estimaciones \widehat{NN}_n y $\hat{\sigma}_n$ requiere el uso de valores previos \widehat{NN}_i , por lo que resulta necesario realizar un proceso de inicialización. Para el cálculo de dichos valores se realiza la búsqueda, desde el comienzo del registro, de un conjunto de latidos que cumplan ciertos criterios que permitan considerarlos de ritmo normal. El objetivo es obtener el contexto inicial, $\tau\text{-ctx}^-(B_{\tau+1})$ que se utilizará para obtener las estimaciones $\widehat{NN}_{\tau+1}$ y $\hat{\sigma}_{\tau+1}$ que se aplicarán a todos los latidos previos (los τ primeros latidos) para determinar su normalidad. A continuación se detalla la secuencia seguida para su obtención:

1. **Análisis del contexto inicial.** Una vez que el primer contexto completo de τ latidos, $\tau\text{-ctx}^-(B_{\tau+1})$, está disponible, se analizan los valores de RR con el objetivo de determinar su estabilidad, es decir, si la dispersión de los valores se encuentra dentro de un determinado umbral. Se calcula la media y varianza muestrales sobre una ventana deslizante de dimensión $w = 4$:

$$\widehat{RR}_{K_n} = \frac{1}{w} \sum_{i=0}^{w-1} RR_{n+i} \quad \hat{\sigma}_{K_n}^2 = \frac{1}{w-1} \sum_{i=0}^{w-1} (RR_{n+i} - \widehat{RR}_{K_n})^2 \quad (3.3)$$

donde $K_n = \{B_i \mid i \in [n, n+w-1]\}$ es el subconjunto de w latidos consecutivos a partir de B_n que está contenido en $\tau-ctx^-(B_{\tau+1})$.

Se considera que los latidos de una ventana K_n mantienen un ritmo estable si su coeficiente de variación, $C_v = \widehat{\sigma}_{K_n} / \widehat{RR}_{K_n}$, cumple la siguiente condición:

$$C_v = \frac{\widehat{\sigma}_{K_n}}{\widehat{RR}_{K_n}} < \chi_{min} \quad (3.4)$$

donde χ_{min} es un valor umbral que limita la variabilidad admitida en los valores de RR para considerar que existe un ritmo normal estable. Con el uso del coeficiente de variación de la desviación estándar se tiene en cuenta que la tasa de variación de la frecuencia cardíaca disminuye con el aumento de esta. Aunque en la bibliografía pueden encontrarse estudios que indican tasas de variación relativa del RR entre latidos normales de hasta un 0.20, hemos optado por un valor $\chi_{min} = 0.10/3$ para garantizar que nos encontramos en una situación de ritmo estable. El ritmo RR_n de un latido $B_n \in \tau-ctx^-(B_{\tau+1})$ se considera estable si la condición anterior se cumple en alguna de las ventanas K_i , $1 < i \leq \tau+1-W$, que contienen a B_n .

2. **Cálculo de las estimaciones \widehat{NN}_n y $\widehat{\sigma}_n$.** El resultado del análisis del contexto inicial permite definir el conjunto de latidos cuyo ritmo se considera estable como:

$$\tau-ctx^N(B_{\tau+1}) = \{B_n \mid 1 < n \leq \tau \wedge RR_n \text{ es estable}\} \quad (3.5)$$

A partir de este conjunto se calculan las estimaciones de \widehat{NN}_n y $\widehat{\sigma}_n^2$:

$$\begin{aligned} \widehat{NN}_n &= \frac{1}{|\tau-ctx^N(B_{\tau+1})|} \sum_{B_n \in \tau-ctx^N(B_{\tau+1})} RR_n \\ \widehat{\sigma}_n^2 &= \frac{1}{|\tau-ctx^N(B_{\tau+1})| - 1} \sum_{B_n \in \tau-ctx^N(B_{\tau+1})} (RR_n - \widehat{NN}_n)^2 \end{aligned} \quad (3.6)$$

Puede darse la situación de que el primer contexto contenga un ritmo tan irregular que se considere que ningún latido presenta ritmo estable ($\tau-ctx^N(B_{\tau+1}) = \emptyset$), entonces las definiciones anteriores no son aplicables y la estimación de los valores \widehat{NN}_n y $\widehat{\sigma}_n$ se realiza en dos fases. En primer lugar, se obtiene una estimación de \widehat{NN}_n a partir del conjunto $\tau-ctx^-(B_{\tau+1})$ y se asigna un rango de desviación admisible para el ritmo, δNN_n :

$$\widehat{NN}_n = \frac{1}{\tau} \sum_{B_n \in \tau-ctx^-(B_{\tau+1})} RR_n \quad \delta NN_n = 2\chi_{min}\widehat{NN}_n \quad (3.7)$$

y los valores obtenidos se emplean para seleccionar aquellos latidos de $\tau\text{-ct}x^-(B_{\tau+1})$ cuyo RR se encuentre dentro del rango $\widehat{NN}_n \pm 2\delta NN_n$:

$$\tau\text{-ct}x^N(B_{\tau+1}) = \{B_n \mid 1 < n \leq \tau \wedge RR_n \in [\widehat{NN}_n - 2\delta NN_n, \widehat{NN}_n + 2\delta NN_n]\} \quad (3.8)$$

Dada la irregularidad del ritmo en el contexto analizado, se ha restringido el intervalo de variación del ritmo normal a $\widehat{NN}_n \pm 2\delta NN_n$ para reducir la probabilidad de incluir algún latido con ritmo anormal. Este nuevo subconjunto se emplea para obtener la estimación de \widehat{NN}_τ y $\hat{\sigma}_\tau$ según la definición 3.6.

Si el contexto $\tau\text{-ct}x^-(B_{\tau+1})$ contiene únicamente una combinación de latidos prematuros y retardados, podría darse de nuevo una situación en la que $\tau\text{-ct}x^N(B_{\tau+1}) = \emptyset$, en cuyo caso se mantendría la estimación proporcionada por la expresión 3.7 para \widehat{NN}_τ y se asignaría como valor inicial de desviación estándar $\hat{\sigma}_\tau = \delta NN_\tau$.

Una vez establecidos los valores iniciales de \widehat{NN}_τ y $\hat{\sigma}_\tau$, éstos se actualizarían según lo indicado en 3.1 y 3.2, respectivamente. Nótese que, en el caso de la estimación de la desviación estándar, es necesario que exista el conjunto $\tau\text{-}N(B_n)$ definido al comienzo de este apartado, por lo que la primera actualización tiene lugar una vez que se han detectado τ latidos considerados de ritmo normal.

Comportamiento ante intervalos prolongados de ritmo anormal

El modelo propuesto para representar el comportamiento de la frecuencia cardíaca en un contexto de latidos con origen normal parte del siguiente supuesto: el proceso estocástico subyacente puede aproximarse mediante una distribución marginal normal asociada a un instante temporal. Los parámetros de dicha distribución se estiman a partir de los datos de frecuencia cardíaca del entorno temporal previo, por lo que resulta imprescindible que en dicho entorno se encuentren latidos de origen normal. Según se deriva de 3.1 y 3.2, la estimación de los parámetros del modelo se actualizan con la detección de nuevos latidos cuyo ritmo se clasifique como normal, ya que, en caso contrario, los valores se mantienen.

Cuando se produce un episodio de ritmo anormal sostenido, las estimaciones previas del modelo de ritmo normal pueden perder su vigencia y, en consecuencia, cuando finalice dicho episodio, deberán revisarse. En nuestro caso, consideramos que existe un episodio de ritmo anormal si ninguno de los últimos τ latidos presenta un ritmo considerado normal:

$$\tau\text{-}N(B_n) \cap \tau\text{-ct}x^-(B_n) = \emptyset \quad (3.9)$$

Ante esta situación se descartan los latidos de ritmo normal previos y se asignan los siguientes valores a los parámetros del modelo:

$$\widehat{NN}_n = \widehat{NN}_{n-1} \quad \widehat{\sigma}_n = \Delta \widehat{NN}_n \quad (3.10)$$

De esta forma, el valor de $\widehat{\sigma}_\tau$ se adaptará a la dispersión que presenten los latidos cuyo ritmo se considere de normalidad tras el episodio de ritmo anormal en curso.

3.2.2. Clasificación del ritmo de latido

El objetivo del procesamiento del ritmo es la separación de los valores de RR asociados a latidos arrítmicos respecto de aquellos que se consideran de ritmo normal. Para ello, se caracteriza el ritmo del latido B_n mediante un vector

$$\mathbf{r}r_n = (RR_n, RR_n^-, RR_n^+, \widehat{NN}_n, \widehat{\sigma}_n) \quad (3.11)$$

donde RR_n^- y RR_n^+ son los valores de RR para el latido previo y siguiente, respectivamente. Entonces, se utiliza el modelo descrito en la sección previa para establecer un rango de validez para el valor de RR_n que nos permite identificar cualquier alteración del ritmo normal. Se utilizan siete etiquetas para clasificar el ritmo de cada latido en cinco tipos. La asignación de una determinada etiqueta a un latido se realiza mediante el conjunto de reglas contenidas en la tabla 3.2 y que modelan el conocimiento de dominio explícito que relaciona, para cada tipo de ritmo, el valor de RR con el ritmo normal de su contexto temporal. Las reglas también reflejan la dependencia del tipo de ritmo asociado a un valor de RR con el tipo de ritmo de sus latidos adyacentes. A continuación se detalla el significado de cada uno de los cinco tipos de ritmo contemplados:

- Prematuro (etiqueta P): se corresponde con un ritmo adelantado respecto al ritmo actual de normalidad. Está asociado a los latidos ectópicos ventriculares, supraventriculares o nodales aislados y se caracteriza por presentar un intervalo RR por debajo del límite asociado al ritmo de normalidad para el latido actual, pero no en el siguiente.
- Secuencia de prematuros (etiqueta SP): al igual que en el ritmo prematuro, representa un ritmo adelantado respecto al ritmo actual de normalidad pero, en este caso, las distancias RR de varios latidos consecutivos se mantienen fuera del intervalo asociado al ritmo de normalidad actual. Está asociado a una secuencia de latidos ectópicos ventriculares, supraventriculares o nodales.

Tabla 3.2: Reglas para la selección de la etiqueta de ritmo. ΔRR_n representa $RR_n - \widehat{NN}_n$. Los superíndices hacen referencia a las condiciones listadas en la parte inferior. Éstas se aplican cuando existen varias etiquetas de ritmo alternativas para un latido. Dichas reglas imponen una distancia mínima entre latidos normales, prematuros y retardados. El orden de aparición en la tabla establece la precedencia de las etiquetas candidatas.

ΔRR_n	Etiqueta de ritmo de B_{n-1}						
	SP	P	N ₋	N	N ₊	C	D
$\in (3\hat{\sigma}_n, \infty]$	D^6 C	$D^{2,6}$ C	D	$D^{1 10}$ N_+	$D^{2 11}$ N_+	D	D
$\in (2\hat{\sigma}_n, 3\hat{\sigma}_n]$	C	C	N_+	N_+	N_+	$D^{5,6}$ N_+	$D^{6 9}$ N_+
$\in [-2\hat{\sigma}_n, 2\hat{\sigma}_n]$	N	N	N	N	N	N	N
$\in [-3\hat{\sigma}_n, -2\hat{\sigma}_n)$	SP^8 N_-	N_-^1 SP	N_-	$P^{3,4,6}$ $SP^{3,8}$ N_-	N_-	P^6 SP^8 N_-	P^4 N_-
$\in [-\infty, -3\hat{\sigma}_n)$	SP	SP	$P^{3,4,7}$ $SP^{3,12}$ N_-	$P^{3,4,7}$ SP^3 N_-	P^4 SP	$P^{4,7}$ SP	P^4 SP

1. $RR_n > RR_n^- + 4\hat{\sigma}_n$
2. $RR_n > RR_n^- + 3\hat{\sigma}_n$
3. $RR_n < RR_n^- - 3\hat{\sigma}_n$
4. $RR_n < RR_n^+ - 3\hat{\sigma}_n$
5. $RR_n^- > \widehat{NN}_n + 3\hat{\sigma}_n$
6. $RR_n^+ > \widehat{NN}_n + 3\hat{\sigma}_n$
7. $RR_n^+ > \widehat{NN}_n - 3\hat{\sigma}_n$
8. $RR_n^+ < \widehat{NN}_n - 3\hat{\sigma}_n$
9. $RR_n^+ < \widehat{NN}_n - 2\hat{\sigma}_n$
10. $RR_n^+ > RR_n^- + 4\hat{\sigma}_n$
11. $RR_n^+ > RR_n^- + 3\hat{\sigma}_n$
12. $RR_n^+ < RR_n^- - 3\hat{\sigma}_n$

- Normal (etiquetas N , N^- , N^+): representa un ritmo con un intervalo RR que se mantienen dentro de los límites esperados para los latidos con origen normal (nodo sinoauricular). La etiqueta de cada latido se asigna en función de la proximidad de su intervalo RR a los extremos del intervalo asociado al ritmo de normalidad actual.
- Normal con pausa compensatoria (etiqueta C): se corresponde con el ritmo que puede mostrar un latido de origen normal (nodo sinoauricular) que sigue a un latido prematuro de origen ventricular. En este caso, el intervalo RR se encuentra por encima del intervalo de valores asociado al ritmo de normalidad actual. Este aumento se produce de forma puntual y se conoce como pausa compensatoria; su aparición se debe a la recuperación

del ritmo de activación normal previo al latido ectópico. Como consecuencia se obtiene una media de los intervalos RR actual y anterior que se encuentra dentro de los límites asociados al ritmo de normalidad actual.

- Retardado (etiqueta D): este último tipo se asocia a latidos cuyo intervalo RR se encuentra por encima del límite asociado al ritmo de normalidad para el latido actual. Está vinculado a situaciones en las que el nodo sinoauricular no se activa en el plazo esperado y otro foco de automaticidad actúa como punto de activación del latido, dando lugar a latidos de escape auriculares, nodales o ventriculares.

Este modelo permite asignar una etiqueta de ritmo al latido B_n basándose en los valores del vector \mathbf{r}_n y la etiqueta de ritmo del latido previo. A efectos de inicialización, el ritmo previo al primer latido se considera normal (N), ya que no se dispone de información ni del ritmo de normalidad previo ni del ritmo del latido anterior.

3.3. Validación

Se ha aplicado el método de agrupamiento a todos los registros de la *MIT-BIH Arrhythmia Database*. Los valores de los parámetros y los umbrales del método no han sido entrenados ni sintonizados a esta base de datos. Estos valores se han justificado mediante razones fisiológicas, o basándonos en el conocimiento o intuición de cardiólogos experimentados. El método muestra una baja sensibilidad a pequeñas variaciones en los valores de los parámetros; los resultados mejoran o empeoran ligeramente. Aunque podrían obtenerse mejores resultados por medio de una sintonización fina de dichos parámetros para cada base de datos específica, este no es el objetivo de esta tesis, sino probar la validez de la aproximación planteada en la monitorización continua del ECG.

Como resultado del procesamiento de cada registro, se obtiene un conjunto de grupos que refleja las morfologías del complejo QRS presentes en él (grupos morfológicos). A continuación, se emplean las etiquetas de ritmo para dividir cada grupo morfológico en grupos de latidos con el mismo tipo de ritmo (grupos con morfología y ritmo similares). Con el objetivo de comparar nuestros resultados con los obtenidos en otras propuestas de la bibliografía como [50] o [62] bajo condiciones equivalentes, establecemos un número máximo de grupos igual al número fijo de grupos que emplean (25). De modo que, si se excede dicho límite en un registro, se aplica un proceso de fusión para obtener un conjunto reducido de grupos con los ritmos y morfologías más prevalentes. El procedimiento seguido es el siguiente:

Tabla 3.3: Número de grupos por registro en la base de datos MIT-BIH. La columna N indica el número de grupos creados utilizando la morfología del QRS; N_{RR} , el número de grupos tras emplear las etiquetas de ritmo; y N_{RR}^f , el número de grupos después del proceso de fusión.

Registro	N	N_{RR}	N_{RR}^f	Registro	N	N_{RR}	N_{RR}^f
100	4	7	7	201	15	33	9
101	3	6	6	202	8	14	14
102	10	13	13	203	28	83	25
103	9	12	12	205	12	20	20
104	17	25	25	207	61	93	25
105	6	11	11	208	24	52	21
106	24	42	17	209	5	10	10
107	9	18	18	210	27	64	13
108	21	35	11	212	4	7	7
109	11	17	17	213	16	27	11
111	5	7	7	214	22	39	11
112	4	7	7	215	14	32	10
113	3	7	7	217	31	55	19
114	8	14	14	219	16	25	25
115	3	4	4	220	1	4	4
116	11	16	16	221	12	22	22
117	4	5	5	222	5	12	12
118	5	11	11	223	30	56	16
119	5	10	10	228	15	26	8
121	6	7	7	230	2	4	4
122	1	1	1	231	4	6	6
123	3	6	6	232	4	8	8
124	16	20	20	233	22	45	15
200	22	45	12	234	3	6	6

1. Si el número total de grupos es superior al máximo, se fusionan todos los grupos morfológicos que no alcancen el número mínimo necesario para considerar que representan una morfología estable ($|C_n^c| < \mu$). La fusión se lleva a cabo con el grupo morfológico más similar ($closest(C_n^c)$). A continuación se procesan las etiquetas de ritmo en los grupos morfológicos resultantes para separarlos en grupos basados en morfología y ritmo y actualizar el conjunto de grupos.

2. Si el número total de grupos sigue siendo superior al máximo, se fusionan aquellos grupos que no alcancen el número de latidos mínimo (μ). En este caso, la fusión

se realiza con aquel grupo procedente del mismo grupo morfológico cuyo ritmo sea mayoritario entre los latidos del grupo morfológico de origen.

3. Si el número total de grupos sigue siendo superior al máximo, se repiten los pasos previos incluyendo el siguiente grupo con menor número de latidos asignados hasta que se reduzca hasta el máximo admitido (25).

En la tabla 3.3 se muestran los resultados antes y después del proceso de fusión. Puede observarse que solo en 15 de los 48 registros ha sido necesario aplicar el procedimiento descrito.

Para validar los resultados de agrupamiento obtenidos, cada grupo se etiqueta con la etiqueta de clase, procedente de la base de datos, mayoritaria entre los latidos asignados al mismo. Un latido se considera correctamente agrupado si la etiqueta de clase que tiene asignada en la base de datos coincide con la etiqueta del grupo al que pertenece. Al comparar ambas etiquetas para cada latido se obtiene una matriz de confusión para cada registro. Dichas matrices se suman para obtener la matriz de confusión global del conjunto de validación completo mostrada en la tabla 3.4. La tabla 3.5 muestra los resultados sobre la *MIT-BIH Arrhythmia Database* empleando las etiquetas de clase propuestas por la AAMI. Dichas etiquetas se obtienen de las etiquetas MIT-BIH según se describe en el estándar AAMI EC57-2008 [3]. En la tabla 3.6 se muestran los resultado sobre la base de datos AHA ECG.

3.3.1. Consideraciones sobre el tiempo real

El método de agrupamiento propuesto procesa un registro de ECG con un retardo temporal acotado compuesto de una latencia intrínseca y el tiempo de computación empleado en las diferentes etapas. Solo las etapas de filtrado de la deriva de línea base y de etiquetado de ritmo presentan una latencia intrínseca debido a su carácter no causal: 400ms y un latido, respectivamente. Dado que ambas puede ejecutarse de forma concurrente, su contribución al retardo viene dado por el máximo de ambas. El tiempo de computación del algoritmo puede ser evaluado por medio de su complejidad temporal que es constante en todas las etapas salvo en dos: el alineamiento de complejos QRS y la comparación de plantillas. En ambos casos, la complejidad temporal es constante para el mejor caso, lo cual corresponde con los latidos asignados a un grupo de su contexto; esto ocurre para el 95.35 % de latidos totales en la base de datos MIT-BIH. La complejidad temporal es lineal ($\mathcal{O}(|C_n|)$) para el peor de los casos, que se corresponde con latidos asignados a un grupo fuera del contexto o nuevo, lo cual representa

Tabla 3.4: Matriz de confusión resultante tras el agrupamiento de todos los registros de la base de datos de arritmias MIT-BIH. La primera fila contiene las etiquetas de anotación procedentes de la base de datos, y la primera columna, las etiquetas dominantes en los grupos. *Se*, *+P* y *FPR* denotan la Sensibilidad, Predictividad Positiva y Tasa de Falsos Positivos para cada clase de latido respectivamente.

	N	L	R	a	V	F	J	A	S	E	j	/	e	f	Q	!
N	74633	0	2	26	166	123	12	205	2	1	71	3	15	72	16	0
L	0	8059	0	0	4	2	0	1	0	0	0	0	0	0	2	0
R	72	0	7242	0	1	3	29	6	0	12	6	0	0	0	0	0
a	2	0	0	98	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
V	111	3	0	20	6839	70	0	19	0	0	0	0	0	0	2	7
F	15	0	0	2	74	603	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0
J	1	0	0	0	0	0	42	0	0	0	0	0	0	0	0	0
A	51	9	7	4	13	0	0	2311	0	0	0	0	1	0	0	9
S	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
E	0	0	2	0	0	0	0	0	0	91	0	0	0	0	0	1
j	121	0	0	0	0	0	0	0	0	0	152	0	0	0	0	0
/	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	6997	0	78	2	0
e	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
f	16	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	24	0	832	10	0
Q	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
!	0	1	2	0	24	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	455
Se	99.48	99.84	99.85	65.33	95.96	75.19	50.60	90.81	0.00	85.85	66.38	99.62	0.00	84.73	3.03	96.40
+P	99.05	99.89	98.25	94.23	96.72	86.51	97.67	96.09	-	98.91	55.68	98.84	-	94.22	100.00	94.01
FPR	2.05	0.01	0.13	0.01	0.23	0.09	0.00	0.09	0.00	0.00	0.11	0.08	0.00	0.05	0.00	0.03

Tabla 3.5: Matriz de confusión para la base de datos MIT-BIH utilizando las etiquetas de clase de la AAMI.

	N	S	V	F	Q
N	90008	373	184	128	93
S	191	2608	16	1	0
V	114	39	6930	70	2
F	15	5	74	603	0
Q	16	0	3	0	7944
Se	99.63	86.21	96.16	75.19	98.82
+P	99.14	92.61	96.86	86.51	99.76
FPR	4.08	0.20	0.22	0.09	0.02

Tabla 3.6: Matriz de confusión resultante tras el agrupamiento de la base de datos AHA ECG. Se omiten las clases del conjunto de etiquetas MIT-BIH que no contienen latidos asignados.

	N	V	F	E	/	Q
N	318650	382	155	6	17	155
V	263	32280	291	0	16	86
F	99	50	755	0	3	3
E	0	0	0	6	0	0
/	3	9	65	0	3133	2
Q	2	11	0	0	0	326
Se	99.88	98.62	59.64	50.00	98.86	56.99
+P	99.78	98.01	82.97	100.00	97.54	96.17
FPR	1.89	0.20	0.04	0.00	0.02	0.00

el restante 4.65 % del número total de latidos. Dado el alto grado de paralelismo en ambas etapas y el coste computacional de procesar un único grupo, puede garantizarse que el método permite agrupar un latido antes de recibir el siguiente incluso en presencia de un conjunto de cientos de grupos. Para respaldar esta afirmación, se ha procesado la *MIT-BIH Arrhythmia Database* con una implementación del método de agrupamiento en MATLAB no optimizada y sin paralelización utilizando un único núcleo de una CPU Intel Q9550. Se obtuvieron los siguientes tiempos de computación por latido: caracterización del QRS (máximo, medio): 4ms, 3ms; selección de grupo (máximo, medio): 323ms, 16ms; actualización del conjunto

de grupos (máximo, medio): 110ms, 5ms; análisis de ruido (máximo, medio): 9ms, <1ms; y etiquetado basado en ritmo (máximo, medio): 10ms, 5ms. Globalmente, el método completo sumó un máximo de 358ms y 32ms de media. Adicionalmente, la reducción de grupos para validación empleó un máximo de 190ms.

En escenarios reales, resulta necesario un detector de latidos, lo cual afectará a la calidad de los resultados. En cualquier caso, prácticamente no aumenta la complejidad computacional ya que la detección de QRS representa una pequeña fracción de la misma. El retardo global tampoco se verá afectado, ya que la detección puede ser realizada de forma concurrente con el filtrado de la deriva de línea base y con un retardo menor.

3.3.2. Medidas de rendimiento

La medida de puridad se emplea habitualmente para evaluar la bondad de un método de agrupamiento. Sin embargo, en un problema con múltiples clases como este, después de caracterizar los grupos, también deberían proporcionarse, tal y como se hace en las tablas, los valores de sensibilidad (Se), predictividad positiva (+P) y tasa de falsos positivos (FPR) asociados a cada clase, para obtener una medida multidimensional de la calidad de los resultados desde la perspectiva de cada una de las clases implicadas. Para la *MIT-BIH Arrhythmia Database* se obtuvo una puridad global del 98.58 % (98.78 % empleando las etiquetas de clase de la AAMI) y un 99.55 % para la base de datos AHA ECG (tanto con las etiquetas MIT-BIH como AAMI). El resto de valores se muestran en la última fila de la tablas 3.4–y 3.6.

3.4. Discusión de los resultados

El rendimiento de la técnica de agrupamiento de QRS sin uso de la información de ritmo muestra una puridad global del 97.22 % y 99.08 % para las bases de datos MIT-BIH y AHA ECG, respectivamente. Esto confirma la validez de nuestra aproximación, dado que ningún método, hasta donde nosotros conocemos, ni en tiempo real ni en diferido, alcanza este rendimiento sin el uso de información derivada del *RR*. Como era de esperar, la principal fuente de error es el grupo de clases que representan latidos supraventriculares A, N, J, j, y e, que únicamente pueden ser diferenciadas utilizando la onda P y la información de ritmo. Esta es la razón de la diferencia entre los resultados de ambas bases de datos, dado que la base de datos AHA ECG no contiene este tipo de latidos.

Los resultados de validación tras emplear las etiquetas de ritmo muestran una alta sensibilidad y predictividad positiva para casi todas las clases, al mismo tiempo que la pureza se incrementa. Se puede observar, en concordancia con [50],[104] y [62], que el mayor número de errores en la tabla 3.4 se debe a latidos con morfología similar. Latidos de fusión (F) de ventriculares (V) y normales (N) se incluyen en grupos N o V y viceversa. Lo mismo ocurre con latidos normales (N), de marcapasos (*l*) y de fusión entre ambos (*f*). Finalmente, latidos con puntos de activación supraventricular o nodal (A, N, J, *j*, y *e*), que presentan un QRS similar, se agrupan de forma errónea cuando la información de ritmo no resulta determinante para su discriminación. Este tipo de errores representa el 69 % del total.

Más allá del rendimiento del agrupamiento, el análisis del número de grupos morfológicos (N) generado para cada registro muestra que permanece reducido: 33 registros (69 %) tienen 15 o menos grupos; 13 registros (27 %) tienen entre 16 y 30 grupos, ambos incluidos, y solo dos registros (4 %) tienen más de 30 grupos. El alto número de grupos para el registro 207 se debe a la presencia de un episodio de flutter ventricular en el cual los complejos QRS son reemplazados por ondas irregulares. Los resultados del agrupamiento mejorarían si se emplease algún método específico de detección de este tipo de arritmias con ausencia de complejos QRS.

La columna N_{RR} de la tabla 3.3 muestra un incremento generalizado del número de grupos para todos los registros, con una media de 23 grupos por registro. Este incremento refleja la presencia de diferentes etiquetas de ritmo en los latidos previamente asignados a los grupos, aunque no siempre pertenezcan a clases de latido diferentes. Los registros con un ritmo irregular, como aquellos que presentan fibrilación auricular o cambios bruscos de ritmo, provocan que la información de RR sea inservible para discriminar latidos prematuros o retardados. En esos casos, el RR no proporciona información sobre el punto de activación del latido y la distinción no puede realizarse sin un análisis de la onda P.

Dado que no se ha publicado ningún otro método de agrupamiento en tiempo real, comparamos el rendimiento del método presentado en esta tesis con las propuestas existentes que operan en diferido. El alcance de la comparación se limita a los trabajos de Rodríguez-Sotelo y col. [84], Plesinger y col. [75], Lagerholm y col. [50] y Márquez y col. [62], cuya validación se ha realizado de forma completa, según se comenta en el apartado 1.5. Por lo tanto, se omiten aquellos trabajos que presentan métodos diseñados para tratar un subconjunto concreto de tipos de latidos o sobre una fracción seleccionada de registros o latidos de la *MIT-BIH Arrhythmia Database*. También se ha omitido en la comparación el trabajo de Wen y col. [104], a pesar de

realizar una validación sobre toda la base de datos, por tratarse de un método semi-supervisado con optimización de parámetros para cada registro y que ha sido validado sobre una única derivación (normalmente la que presenta una menor contaminación por ruido) tomando como conjunto de prueba solo dos tercios de los latidos de cada registro.

En [84], se proporciona información sobre los valores medios por registro de la sensibilidad para cada clase de latido, lo cual aporta una visión distorsionada del rendimiento, debido al desequilibrio que presenta la distribución de las diferentes clases entre los registros. En todo caso, su método proporciona un valor de puridad global del 89.84 %, muy alejado del 98.58 % obtenido en esta tesis.

En el caso de [75], el nivel de puridad global que alcanza es del 96.69 %, aunque para su cálculo descartan todos aquellos grupos que contienen menos de 3 representantes. Dichos grupos se unifican en uno solo denominado residual, que contiene, de media, un 9.09 % de los latidos de cada registro, llegando a alcanzar un máximo del 27.65 %. Aplicando dicha restricción, la puridad global que indican es un 1.89 % inferior a la obtenida por nuestro método. En cuanto al número de grupos generado, alcanza una media de 23.77 grupos con una desviación estándar de 17.89, que casi duplica a los 12.19 grupos de media con una desviación estándar de 6.26 obtenidos por el método descrito en esta tesis.

Los trabajos [50, 62] proporcionan información detallada de sus validaciones, que incluyen su matriz global de confusión para las 16 etiquetas de latidos contempladas en las anotaciones de la base de datos, por lo que es posible hacer un análisis pormenorizado que se resume en la tabla 3.7.

En comparación con [50], nuestro método proporciona una puridad ligeramente superior (98.58 % frente a 98.49 %), mejora la sensibilidad para 10 de las 16 clases de latido y empeora ligeramente para 4. Debe hacerse una mención especial de las clases a, A, R, j y E para las que la mejora es destacable. Recordemos que [50] hace uso de una mapa auto-organizado (SOM) con 25 grupos para representar las diferentes clases de latido. Esta aproximación tiene dos inconvenientes principales, en primer lugar, los grupos se saturan con las morfologías dominantes presentes en la etapa de aprendizaje, mientras que las morfologías más infrecuentes se ignoran al igual que las nuevas morfologías que aparecen con posterioridad. En segundo lugar, los grupos generados son redundantes en aquellos registros que contienen un número reducido de morfologías. Por el contrario, en el método propuesto en esta tesis el número de grupos se adapta dinámicamente al número de morfologías detectadas. Por último, cabe destacar que en [50] se emplea un detector de latidos propio con una precisión del 99,7 %;

Tabla 3.7: Tabla comparativa con los valores de Sensibilidad y Predictividad Positiva de los algoritmos más relevantes existentes en la bibliografía. Se emplean las etiquetas de clase de la *MIT-BIH Arrhythmia Database*.

		N	L	R	a	V	F	J	A	S	E	j	/	e	f	Q	!
†	Se	99.48	99.84	99.85	65.33	95.96	75.19	50.60	90.81	0.00	85.85	66.38	99.62	0.00	84.73	3.03	96.40
	+P	99.05	99.89	98.25	94.23	96.72	86.51	97.67	96.09	-	98.91	55.68	98.84	-	94.22	100.00	94.01
	FPR	2.05	0.01	0.13	0.01	0.23	0.09	0.00	0.09	-	0.00	0.11	0.08	-	0.05	0.00	0.03
[50]	Se	99.79	99.83	98.01	52.29	95.79	75.06	56.63	87.19	0.00	62.26	64.47	98.97	0.00	82.23	6.06	97.38
	+P	99.00	99.84	98.66	96.61	97.86	87.32	79.66	91.26	-	97.06	82.58	97.69	-	90.76	100.00	90.47
	FPR	2.17	0.01	0.09	0.00	0.15	0.08	0.01	0.20	-	0.00	0.03	0.16	-	0.08	0.00	0.04
[62]	Se	99.87	100.0	99.39	88.00	96.86	81.20	60.24	74.57	0.00	95.28	19.65	99.03	0.00	94.50	15.15	96.82
	+P	98.87	98.61	97.86	94.96	98.53	86.13	98.04	95.71	-	98.06	70.31	99.36	-	91.88	100.00	98.70
	FPR	2.46	0.11	0.15	0.01	0.10	0.10	0.00	0.08	-	0.00	0.02	0.04	-	0.08	0.00	0.01

Tabla 3.8: Tabla comparativa con los valores de Sensibilidad (Se), Predictividad Positiva (P+) y Tasa de Falsos Positivos (FPR) para cada clase y Puridad global de los algoritmos más relevantes existentes en la bibliografía. Se emplean las etiquetas de clase recomendadas por la AAMI.

	N			S			V			F			Q			Puridad
	Se	P+	FPR	Se	P+	FPR	Se	P+	FPR	Se	P+	FPR	Se	P+	FPR	
†	99.62	99.14	3.98	86.21	92.32	0.20	96.29	97.02	0.22	75.19	86.51	0.09	98.82	99.76	0.02	98.78
Lagerholm[50]	99.66	99.05	4.42	83.10	90.89	0.23	96.05	98.01	0.15	75.06	87.32	0.08	99.56	99.95	0.00	98.77
Marquez[62]	99.85	98.77	5.76	70.73	95.66	0.09	97.09	98.80	0.09	81.20	86.13	0.10	99.68	99.96	0.00	98.71

esto implica que se ignoran más de 300 latidos que se corresponden con morfologías de difícil detección y que, en caso de incluirlos, podrían empeorar los resultados obtenidos.

En comparación con [62], nuestro método proporciona una pureza ligeramente superior (98.58 % frente a 98.56 %) y ofrece una diferencia notable en la sensibilidad para 8 de las 16 clases de latido (en 2 de ellas mejora y en 6 empeora). En el resto de clases las diferencias son menores del 1 % (mejora en 2 clases y empeora en 4). Los peores valores de sensibilidad se obtienen para las clases de latidos prematuros a y J, de ectópicos ventriculares (E), de fusión (f y F) y de latidos inclasificables (Q); sin embargo, para todas ellas, los valores de predictividad positiva y tasa de falsos positivos se mantienen en valores similares. Cabe destacar que las clases a, J y E son las que cuentan con un menor número de latidos (≤ 150) y, por tanto, las diferencias porcentuales en la sensibilidad resultan poco representativas, ya que cada latido erróneamente agrupado supone una variación porcentual de elevada magnitud. En cuanto a las clases de latido de fusión f y F, ya se ha comentado que constituyen una de las mayores fuentes de error en nuestro método al asignar sus latidos a grupos con etiqueta mayoritaria correspondiente a uno de los tipos de latido que se combinan en la fusión (N y / o N y V, respectivamente). Por último, la clase Q engloba todos los latidos que no pueden encuadrarse en ninguna de las restantes clases, ya sea por su morfología aberrante o por la presencia de ruido. El mal comportamiento de nuestro método, en este caso, es debido a que la mayoría de los latidos incluidos en esta clase son detectados como ruidosos por el mecanismo de control de proliferación de grupos y, en consecuencia, son asignados al grupo que se considera más similar, sin permitir la creación de un grupo propio. En contraposición, hay que destacar la gran diferencia en la sensibilidad de las clases A y j, que presenta un incremento del 16 % y 46 %, respectivamente. El correcto agrupamiento de los latidos auriculares prematuros (A) permite la detección de arritmias supraventriculares y, en este caso, el método descrito en [62] agrupa erróneamente más de un 25 % en grupos con mayoría de latidos normales. Por otra parte, nuestro método muestra una baja sensibilidad para la clase j (66.38 %), que presenta un número muy bajo de latidos en la base de datos (<260), al igual que ocurre para las clases a y J. A pesar de ello, alcanza la mayor diferencia respecto a [62], que no alcanza el 20 %, mostrando de nuevo la dificultad que supone la correcta separación de latidos con morfología del complejo QRS similar sin información de la onda P. El método presentado en [62], al igual que el de [50], emplea un número fijo de grupos para representar los diferentes tipos de latidos contenidos en un registro. Por ello, presenta el mismo inconveniente de grupos redundantes en aquellos registros que contienen un número reducido de morfologías.

Si comparamos los resultados empleando las 5 clases de latido recomendadas por la AAMI (tabla 3.8), observamos que, respecto a [50], nuestro método proporciona una puridad global similar y una sensibilidad superior en las 3 clases de latidos anormales (S, V y F), aunque las diferencias entre las sensibilidades de ambos métodos, para cada clase, son menores al 1 % (salvo en la clase de latidos supraventriculares, que supera el 3 %). Esto es debido a que, en la validación con 16 clases, las mayores diferencias se producen en aquellas con menor número de representantes en la base de datos (a, J, E) y, por lo tanto, sus porcentajes de error quedan diluidos al unificarse con otras clases con mayor número de representantes (A y V). En comparación con los resultados de [62], se observa un aumento de la diferencia en la puridad global (98.78 % frente a 98.71 %). Esto es debido a que nuestro método presenta un mayor número de errores de asignación entre clases MIT-BIH que se corresponden con la misma clase AAMI. Las sensibilidades para las clases N, V y Q son ligeramente inferiores (<1 %); para la clase F, se mantiene una sensibilidad un 6 % inferior, mientras que el mejor resultado se obtiene para la clase S, que proporciona una sensibilidad un 15 % superior a la obtenida en [62].

Finalmente, si prestamos atención a los valores de predictividad positiva y tasa de falsos positivos para los latidos normales (N), el método propuesto en esta tesis ofrece los mejores resultados en ambos casos. Esto significa que es el método que agrupa un menor porcentaje de latidos anormales (S, V, F y Q) en grupos con mayoría de latidos normales, siendo también menor el porcentaje que suponen esos agrupamientos erróneos en el total de latidos asignados a dichos grupos.

Conclusiones

En esta memoria se presenta un método adaptativo para el agrupamiento dinámico de morfologías de latido basado en contexto, que opera en tiempo real sobre señales multicanal y que ha sido validado sobre la totalidad de la *MIT-BIH Arrhythmia Database* y de la *AHA ECG Database*.

El método propuesto proporciona información sobre la diversidad morfológica presente en cualquier intervalo de tiempo en una señal electrocardiográfica así como su evolución temporal. Esta información permite detectar de forma inmediata los diferentes patrones de activación/propagación de latido para evaluar su relevancia. También facilita la detección y clasificación de arritmias cardíacas, que puede ser abordada bien de forma automática mediante algoritmos de clasificación, o manual por personal especializado.

A partir de un análisis de las características que presenta la señal de ECG en los diferentes escenarios de adquisición se han definido las condiciones en las que debe operar el método de agrupamiento, prestando especial atención al escenario más desfavorable, la adquisición ambulatoria de larga duración, que presenta altos niveles de contaminación por ruido. En consecuencia, se han aplicado en las diferentes etapas que componen el método estrategias para reducir su influencia en el resultado del agrupamiento.

Se ha definido un nuevo modelo de representación del latido basado en el complejo QRS que permite capturar las características morfológicas de sus ondas constitutivas. Para ello, se ha adoptado la técnica de detección de puntos dominantes, una técnica propia del ámbito del análisis de imágenes, que se emplea en la caracterización de figuras mediante la identificación de sus puntos de máxima curvatura. Este modelo focaliza la representación del latido en aquellas ondas cuya magnitud resulta fisiológicamente significativa y que constituyen las regiones que contienen mayor información del complejo QRS. De este modo se obtiene, para cada derivación de ECG, un conjunto de regiones relevantes que, unidas al segmento de

señal correspondiente al complejo QRS, se emplean como base en el procedimiento posterior de asignación de grupo.

El método de agrupamiento realiza un procesamiento secuencial de los latidos que se encuadra dentro del paradigma del agrupamiento dinámico aplicado a secuencias temporales. Dicho paradigma está vinculado a las capacidades de aprendizaje incremental y adaptación del modelo aprendido, presentes en nuestro método a través del proceso de actualización dinámica del conjunto de grupos, que incluye procedimientos específicos para la creación, modificación y fusión de grupos y que se aplica con cada nuevo latido procesado.

Para la representación de los grupos morfológicos se ha optado por un modelo basado en plantillas que prioriza, dentro de cada grupo, la información aportada por sus latidos más recientes; para ello, se ha definido un procedimiento de actualización basado en una media móvil de suavizado exponencial que permite una rápida adaptación de la plantilla a la evolución a lo largo del tiempo de la morfología correspondiente al patrón de activación/propagación. El agrupamiento de cada latido lleva aparejada la comparación entre su plantilla y la de cada uno de los grupos existentes en el instante de su detección. Se ha diseñado un cálculo de disimilitud entre plantillas centrado en las diferencias que presentan entre sus respectivas regiones relevantes, tanto en su número como en su forma. La variabilidad intrínseca de los patrones morfológicos supone un desafío en dicha comparación, y ha sido abordada mediante la técnica de alineamiento temporal dinámico de derivada (Derivative Dynamic Time Warping). Mediante el uso de esta técnica se ha logrado un alineamiento entre segmentos de señal no solo temporal, sino también en amplitud, que permite compensar las diferencias atribuibles a la variabilidad propia del patrón.

Una de las hipótesis planteadas en el desarrollo de esta tesis es la relevancia del contexto temporal de un latido para la identificación de su patrón de activación/propagación. La interpretación de la morfología y el ritmo de un latido debe basarse en la comparación con los de su entorno temporal ya que los patrones de activación/propagación, incluso los asociados a situaciones de arritmia, tienden a persistir durante cierto intervalo de tiempo. Siguiendo esta hipótesis, se ha definido un criterio de agrupamiento que prioriza la asignación de los latidos a grupos con presencia en su contexto temporal reciente. Esto ha permitido una reducción notable del tiempo empleado en el proceso de asignación, especialmente en el caso de los latidos que presentan un patrón de normalidad.

En el ámbito del agrupamiento dinámico, uno de los principales problemas lo constituye la presencia de contaminación por ruido en los elementos del conjunto a procesar, que da

lugar a una excesiva proliferación de grupos. En el caso de la señal de ECG, esta situación es muy frecuente, especialmente en el ámbito ambulatorio y puede darse en alguna o, de forma simultánea, en todas las derivaciones adquiridas. Teniendo en cuenta que la contaminación con ruido electromiográfico y el causado por movimientos corporales distorsiona la morfología del latido y, además, es difícilmente reversible, se ha incluido en el diseño del método de agrupamiento la capacidad para operar bajo dichas condiciones. Se ha definido un procedimiento de detección de ruido siguiendo una aproximación en dos frentes: a nivel de latido, empleando como indicador el número de puntos dominantes del complejo QRS, y basada en contexto, en el que se combina la información del nivel de latido con un indicador de proliferación de grupos. La detección se realiza sobre cada derivación de forma independiente y, ante un intervalo de ruido, el método adapta tanto el procedimiento de comparación, ignorando la información morfológica de los latidos en la derivación afectada, como los criterios de agrupamiento, evitando que la morfología de los latidos en dicha derivación provoque la creación de nuevos grupos.

La última etapa del método de agrupamiento aborda la separación de aquellos patrones de activación/propagación que comparten una morfología del complejo QRS similar y cuyas diferencias se manifiestan en el ritmo cardíaco y en su actividad auricular (representada en el ECG a través de la onda P). Para ello, una vez descartada la posibilidad de realizar un análisis fiable de la onda P debido a los efectos del ruido en la señal, se ha definido un modelo de estimación de la frecuencia cardíaca media asociada al ritmo de normalidad que, combinado con un conjunto de reglas extraídas del conocimiento explícito del dominio, permite detectar alteraciones del ritmo normal. Como resultado, el método genera un conjunto de grupos cuyos latidos comparten tanto su morfología del complejo QRS como la clasificación de su ritmo.

Se ha realizado una validación del método mediante una implementación de referencia desarrollada en MATLAB, empleando las bases de datos *MIT-BIH Arrhythmia Database* y *AHA ECG Database*. El resultado del agrupamiento morfológico, sin el uso de la información de ritmo, alcanza una puridad en sus grupos del 97.22 % y 99.08 %, respectivamente, empleando para su cálculo el conjunto de etiquetas de clase de la *MIT-BIH Arrhythmia Database*. En la bibliografía no se ha encontrado ningún método que permita el agrupamiento dinámico en tiempo real, por lo que se han comparado los resultados con los obtenidos por sus homólogos en el ámbito que operan en diferido. Para ello, con el objetivo de realizar una comparación en condiciones equivalentes, se ha limitado a 25 el número máximo de grupos generados en el conjunto final, tras la etapa de clasificación de ritmo. Los resultados de puridad con dicha

limitación, para ambas bases de datos, ascienden hasta el 98.58 % y 99.55 %, respectivamente, proporcionando un rendimiento que iguala o, como ocurre en la mayoría de los casos, supera al de las propuestas existentes.

Para evaluar la capacidad de procesamiento en tiempo real del método, se ha realizado un análisis de su complejidad temporal, que indica, en el peor caso, una respuesta de orden lineal ($\mathcal{O}(|C_n|)$) donde $|C_n|$ es el número de grupos generados en un instante dado. La implementación de referencia ha permitido verificar que el retardo de procesamiento permite cumplir las restricciones de ejecución en tiempo real incluso en situaciones en las que se han generado cientos de grupos.

Para concluir, podemos afirmar que los resultados de la propuesta de esta tesis confirman la relevancia del contexto temporal para el agrupamiento de latidos. Nos permite cambiar de un análisis en diferido a uno dinámico, alcanzar los mismos o incluso mejores resultados y además abordar la evolución temporal de la morfología del latido, que en otro caso se proyectaría en múltiples grupos. Los resultados de los experimentos sobre las bases de datos de ECG estándar también muestran la adecuación del método propuesto para la monitorización de ECG en tiempo real.

A continuación se presenta las líneas de mejora que permitirían avanzar en la investigación realizada en la presente tesis:

- Ciertos tipos de arritmias, como la fibrilación o el aleteo (*flutter*) ventricular, presentan un forma ondulatoria en la que no existen complejos QRS. En dichas situaciones, el proceso de agrupamiento planteado pierde efectividad, dando lugar a un número de grupos excesivo. Creemos que la incorporación de mecanismos específicos de detección de las arritmias mencionadas mejoraría considerablemente el rendimiento del método en dichas situaciones.
- Uno de los puntos débiles detectados durante la validación del método reside en las restricciones aplicadas durante los intervalos que se consideran contaminados por ruido. Las nuevas morfologías que puedan aparecer durante dichos intervalos son ignoradas aunque el latido correspondiente no presente indicios de contaminación por ruido y, en consecuencia, se incrementa el error de agrupamiento. Sería interesante estudiar si la incorporación de algoritmos específicos de detección de ruido electromiográfico o movimientos corporales permitiría mejorar dicho comportamiento.

- La mayor parte de los errores de agrupamiento cometidos por el método se localizan en latidos con morfología del complejo QRS similar y en los que su discriminación depende únicamente del resultado del análisis de ritmo. En algunas ocasiones la información aportada por dicho análisis resulta insuficiente, por lo que resulta de interés incorporar algoritmos de análisis de la actividad auricular, que supondrían una mejora en la capacidad de discriminación para este tipo de latidos.
- Por último, la línea de avance que consideramos más inmediata consiste en abordar la detección de arritmias a partir de los resultados del método de agrupamiento, diseñando una etapa de clasificación que realice un etiquetado de latido a nivel de grupo. Esta clasificación podría plantearse de modo asistido, mediante el etiquetado manual del conjunto de grupos, o automático mediante el uso de conocimiento del dominio para el análisis de cada grupo.

APÉNDICE A

OPTIMIZACIÓN DEL CÁLCULO DE CURVATURA Y REGIÓN DE SOPORTE

En el apartado 2.3 del capítulo 2 se describe la caracterización del complejo QRS de un latido a partir de la detección de sus puntos dominantes. El concepto de punto dominante se define en la literatura asociado a curvas en el espacio bidimensional \mathbb{R}^2 , y en esta tesis se extiende su uso a señales temporales mediante la equiparación de dicho plano con el de tiempo-magnitud. Dicha equiparación requiere la adopción de una escala, que en nuestro caso se corresponde con la resolución proporcionada por el electrocardiograma, que se encuentra en el rango de $\mu V \times ms$.

La obtención de los puntos dominantes presentes en un segmento de señal requiere el cálculo de la curvatura asociada a cada uno de sus puntos. Partiendo de la definición de curvatura en 2.5, puede observarse que su cálculo supone la maximización de una función sobre un espacio bidimensional y, en consecuencia, la complejidad computacional de su cálculo es de orden cuadrático. En este apéndice se presenta un método alternativo más eficiente para cálculo de la curvatura. Dicho método plantea una definición equivalente de curvatura que simplifica el problema de su cálculo, ya que reemplaza la maximización sobre el espacio bidimensional por la maximización y la minimización de dos funciones unidimensionales. De este modo, la complejidad computacional queda reducida a orden lineal. En la figura A.1 se ilustra el fundamento del método propuesto; en ella se muestra mediante una superficie el valor del $\cos \varphi_{ijk}$ asociado al cálculo de la curvatura en el punto q_j . Puede observarse como

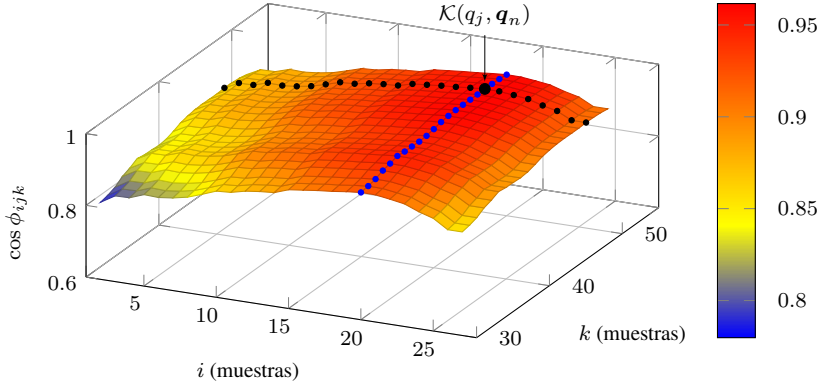


Figura A.1: Representación de la superficie $\cos \varphi_{ijk}$ asociada al cálculo de la curvatura en el pico de la onda Q del complejo QRS que se muestra en la figura 2.10 ($p_j = p_b$). La secuencia de puntos negros representa el máximo de $\cos \varphi_{ijk}$ sobre el índice k para cada posible valor del índice i . De forma equivalente, los puntos azules representan los máximos sobre el índice i para cada posible valor del índice k . De este modo se ilustra la independencia mutua entre ambos índices a la hora de determinar la posición del máximo global.

el valor máximo es independiente para cada una de las dimensiones, lo cual será demostrado a continuación para el caso general.

Aunque la definición de curvatura en 2.5 limita las muestras sobre las que se realiza el cálculo a los intervalos I_j^- e I_j^+ , el método descrito en este apéndice se presenta de forma generalizada sin dicha restricción.

Definición 21. Sea $\mathbf{q} = \{q_1, \dots, q_j, \dots, q_w\}$, $q_j \in \mathbb{R}$ una secuencia y $\mathbf{v}_j = (j, q_j)$ la representación de q_j en \mathbb{R}^2 . Definimos los conjuntos de vectores V_j^- y V_j^+ asociados a q_j , $\forall j \in (1, w)$:

$$V_j^- = \{\mathbf{v}_{ji} \mid i \in [1, j)\} \quad (\text{A.1})$$

$$V_j^+ = \{\mathbf{v}_{jk} \mid k \in (j, w]\} \quad (\text{A.2})$$

donde $\mathbf{v}_{ji} = \mathbf{v}_i - \mathbf{v}_j$ y $\mathbf{v}_{jk} = \mathbf{v}_k - \mathbf{v}_j$.

Definición 22. Dado $q_j \in \mathbf{q}$, definimos φ_{ijk} como el ángulo formado por $\mathbf{v}_{jk} \in V_j^+$ con respecto a $\mathbf{v}_{ji} \in V_j^-$ en sentido antihorario.

Definición 23. Dado $q_j \in \mathbf{q}$ y $\mathbf{v}_{ji} \in V_j^- \cup V_j^+$, definimos φ_{ij} como el ángulo formado por \mathbf{v}_{ji} con respecto a $\hat{\mathbf{e}}_y = (0, 1)$ en sentido antihorario.

Definición 24. Definimos el ángulo de curvatura φ_j asociado a $q_j \in \mathbf{q}$ como:

$$\varphi_j = \{\varphi_{i'jk'} \mid \cos \varphi_{i'jk'} = \max\{\cos \varphi_{ijk} \mid \mathbf{v}_{ji} \in V_j^- \wedge \mathbf{v}_{jk} \in V_j^+\}\} \quad (\text{A.3})$$

Definición 25. Definimos los ángulos φ_j^{min} , φ_j^{max} , $\varphi_{j^+}^{min}$ y $\varphi_{j^+}^{max}$ asociados a $q_j \in \mathbf{q}$ como:

$$\begin{aligned} \varphi_{j^-}^{min} &= \min\{\varphi_{ij} \mid \mathbf{v}_{ji} \in V_j^-\} & \varphi_{j^-}^{max} &= \max\{\varphi_{ij} \mid \mathbf{v}_{ji} \in V_j^-\} \\ \varphi_{j^+}^{min} &= \min\{\varphi_{kj} \mid \mathbf{v}_{jk} \in V_j^+\} & \varphi_{j^+}^{max} &= \max\{\varphi_{kj} \mid \mathbf{v}_{jk} \in V_j^+\} \end{aligned} \quad (\text{A.4})$$

Teorema 1. Dado $q_j \in \mathbf{q}$, se verifica que:

$$\cos \varphi_j = \max\{\cos(\varphi_{j^+}^{max} - \varphi_{j^-}^{min}), \cos(\varphi_{j^+}^{min} - \varphi_{j^-}^{max})\} \quad (\text{A.5})$$

Demostración.

Dado un ángulo φ_{ijk} formado por los vectores $\mathbf{v}_{ji} \in V_j^-$ y $\mathbf{v}_{jk} \in V_j^+$, se cumple:

$$\varphi_{ijk} = \varphi_{kj} - \varphi_{ij} \quad (\text{A.6})$$

$$\cos \varphi_{ijk} = \cos(\varphi_{kj} - \varphi_{ij}) \quad (\text{A.7})$$

Por definición $i < j < k$, $\forall \varphi_{ijk}$, entonces es trivial demostrar que $\varphi_{ij} \in (0, \pi)$ y $\varphi_{kj} \in (\pi, 2\pi)$. En consecuencia:

$$(\varphi_{kj} - \varphi_{ij}) > 0, \forall i, k \quad (\text{A.8})$$

Denotemos mediante $\varphi_{i'jk'}$ al ángulo de curvatura de φ_j . Por definición de curvatura:

$$\cos(\varphi_{i'jk'}) \geq \cos(\varphi_{ijk}), \forall i, k \quad (\text{A.9})$$

Aplicando A.6 y A.7 a ambos miembros obtenemos:

$$\cos(\varphi_{k'j} - \varphi_{i'j}) \geq \cos(\varphi_{kj} - \varphi_{ij}), \forall i, k \quad (\text{A.10})$$

Supongamos $\varphi_j \in (0, \pi]$. En dicho dominio, $\cos(\varphi_j)$ es monótona decreciente. Entonces el máximo de la función se corresponde con el argumento mínimo:

$$\varphi_{k'j} - \varphi_{i'j} \leq \varphi_{kj} - \varphi_{ij}, \forall i, k \quad (\text{A.11})$$

Dado que los valores de φ_{ij} y φ_{kj} son independientes, se cumple que:

$$\varphi_{k'j} = \min_k(\varphi_{kj}) \quad \text{y} \quad \varphi_{i'j} = \max_i(\varphi_{ij}) \quad (\text{A.12})$$

Aplicando A.4 y la definición de curvatura obtenemos:

$$\varphi_{k'j} = \varphi_{j^+}^{\min} \wedge \varphi_{i'j} = \varphi_{j^-}^{\max} \quad (\text{A.13})$$

$$\cos(\varphi_{k'j} - \varphi_{i'j}) = \cos(\varphi_{j^+}^{\min} - \varphi_{j^-}^{\max}) \quad (\text{A.14})$$

Ahora supongamos el caso contrario: $\varphi_{k'j} - \varphi_{i'j} \in (\pi, 2\pi)$. En dicho dominio $\cos(\varphi_j)$ es monótona creciente y el máximo de la función se corresponde con el argumento máximo:

$$\varphi_{k'j} - \varphi_{i'j} \geq \varphi_{kj} - \varphi_{ij}, \forall i, k \quad (\text{A.15})$$

$$\varphi_{k'j} = \min_k(\varphi_{kj}) \wedge \varphi_{i'j} = \max_i(\varphi_{ij}) \quad (\text{A.16})$$

Aplicando A.4 y la definición de curvatura:

$$\varphi_{k'j} = \varphi_{j^+}^{\max} \wedge \varphi_{i'j} = \varphi_{j^-}^{\min} \quad (\text{A.17})$$

$$\cos(\varphi_{k'j} - \varphi_{i'j}) = \cos(\varphi_{j^+}^{\max} - \varphi_{j^-}^{\min}) \quad (\text{A.18})$$

Finalmente, dado que $\cos \varphi_j$ es máximo, podemos afirmar que:

$$\cos \varphi_j = \max\{\cos(\varphi_{j^+}^{\max} - \varphi_{j^-}^{\min}), \cos(\varphi_{j^+}^{\min} - \varphi_{j^-}^{\max})\} \quad (\text{A.19})$$

Como queríamos demostrar. \square

Aplicando el resultado de este teorema a la definición de curvatura 2.5 obtenemos:

$$\mathcal{K}(q_j, \mathbf{q}) := \max \left\{ \cos \left(\max_{k \in I_j^+} \{\varphi_{kj}\} - \min_{i \in I_j^-} \{\varphi_{ij}\} \right), \cos \left(\min_{k \in I_j^+} \{\varphi_{kj}\} - \max_{i \in I_j^-} \{\varphi_{ij}\} \right) \right\} \quad (\text{A.20})$$

Este resultado permite realizar el cálculo de la curvatura a partir de la maximización y minimización de los ángulos φ_{ij} y φ_{kj} de forma independiente, lo cual supone un coste computacional de orden lineal. A continuación, empleando los rangos admisibles para dichos ángulos se obtiene una definición alternativa que requiere únicamente la maximización y minimización de sus cosenos.

Dado que $\varphi_{ij} \in (0, \pi)$ y que bajo dicho dominio la función $\cos \varphi_{ij}$ es monótona decreciente, los valores extremos del ángulo y su coseno coinciden para un mismo valor de índice i , aunque con carácter inverso, esto es, el valor máximo del ángulo se corresponde con el mínimo del coseno y viceversa:

$$\underline{i} = \arg \min_{i \in [1, j]} \varphi_{ij} = \arg \max_{i \in [1, j]} \cos \varphi_{ij} \quad (\text{A.21})$$

$$\bar{i} = \arg \max_{i \in [1, j]} \varphi_{ij} = \arg \min_{i \in [1, j]} \cos \varphi_{ij} \quad (\text{A.22})$$

Si siguiendo el mismo razonamiento, como $\varphi_{kj} \in (\pi, 2\pi)$ y bajo dicho dominio la función $\cos \varphi_{kj}$ es monótona creciente, los valores extremos coinciden en valor de índice k y tipo:

$$\underline{k} = \arg \min_{k \in (j, w]} \varphi_{kj} = \arg \min_{k \in (j, w]} \cos \varphi_{kj} \quad (\text{A.23})$$

$$\bar{k} = \arg \max_{k \in (j, w]} \varphi_{kj} = \arg \max_{k \in (j, w]} \cos \varphi_{kj} \quad (\text{A.24})$$

Esta equivalencia permite el cálculo de los índices empleando los valores del $\cos \varphi_{ij}$ y del $\cos \varphi_{kj}$, que se obtienen a partir de los siguientes productos escalares:

$$\cos \varphi_{ij} = \mathbf{v}_{ji} \cdot \hat{\mathbf{e}}_y \quad (\text{A.25})$$

$$\cos \varphi_{kj} = \mathbf{v}_{jk} \cdot \hat{\mathbf{e}}_y \quad (\text{A.26})$$

Teniendo en cuenta las equivalencias anteriores y aplicando A.7 en A.20 podemos expresar la curvatura como:

$$\mathcal{K}(q_j, \mathbf{q}) := \max\{\cos \varphi_{i\bar{j}\bar{k}}, \cos \varphi_{i\underline{j}\underline{k}}\} \quad (\text{A.27})$$

donde los valores $\cos \varphi_{i\bar{j}\bar{k}}$ y $\cos \varphi_{i\underline{j}\underline{k}}$ se obtienen mediante los productos escalares:

$$\cos \varphi_{i\bar{j}\bar{k}} = \mathbf{v}_{j\bar{i}} \cdot \mathbf{v}_{j\bar{k}} \quad (\text{A.28})$$

$$\cos \varphi_{i\underline{j}\underline{k}} = \mathbf{v}_{j\underline{i}} \cdot \mathbf{v}_{j\underline{k}} \quad (\text{A.29})$$

Finalmente, la región de soporte asociada a q_j será $[\bar{i}, \bar{k}]$ o $[\underline{i}, \underline{k}]$ y vendrá determinada por los índices del máximo en A.27.

Bibliografía

- [1] *American Heart Association ECG Database*.
<https://www.ecri.org/american-heart-association-ecg-database-usb>. Accedido el 10 de noviembre de 2021.
- [2] B. Arvinti, D. Toader, M. Costache y A. Isar. «Electrocardiogram baseline wander removal using stationary wavelet approximations». En: *Optimization of Electrical and Electronic Equipment (OPTIM), 2010 12th International Conference on*. Mayo de 2010, págs. 890-895. DOI: 10.1109/OPTIM.2010.5510421.
- [3] Association for the Advancement of Medical Instrumentation (AAMI). *Testing and Reporting Performance Results of Cardiac Rhythm and ST-segment Measurement Algorithms*. ANSI/AAMI EC57:2012. Arlington, VA: AAMI, 2013. ISBN: 1570201161.
- [4] M. Balouchestani, L. Sugavaneswaran y S. Krishnan. «Advanced K-means clustering algorithm for large ECG data sets based on K-SVD approach». En: (jul. de 2014), págs. 177-182. DOI: 10.1109/CSNDSP.2014.6923820.
- [5] A. R. Barnes, H. E. B. Pardee, P. D. White, F. N. Wilson y C. C. Wolfarth. «Second supplementary report by the committee of the American Heart Association for the standardization of precordial leads». En: *Journal of the American Medical Association* 121.17 (1943), págs. 1349-1351. DOI: 10.1001/jama.1943.62840170008009a.
- [6] A. R. Barnes, H. E. B. Pardee, P. D. White, F. N. Wilson, C. C. Wolfarth y C. of the American Heart Association for the Standardization of Precordial Leads. «Standardization of precordial leads: Supplementary report». En: *American Heart*

- Journal* 15.2 (1938), págs. 235-239. ISSN: 0002-8703. DOI:
[https://doi.org/10.1016/S0002-8703\(38\)90860-9](https://doi.org/10.1016/S0002-8703(38)90860-9).
- [7] S. Barro, M. Fernandez-Delgado, J. Vila-Sobrino, C. Regueiro y E. Sanchez. «Classifying multichannel ECG patterns with an adaptive neural network». En: *IEEE Engineering in Medicine and Biology Magazine* 17.1 (1998), págs. 45-55. DOI: 10.1109/51.646221.
- [8] R. Bellman. *Dynamic Programming*. Princeton, New Jersey, USA: Princeton University Press, 1957.
- [9] S. Bhattacharyya, S. Majumder, P. Debnath y M. Chanda. «Arrhythmic Heartbeat Classification Using Ensemble of Random Forest and Support Vector Machine Algorithm». En: *IEEE Transactions on Artificial Intelligence* 2.3 (2021), págs. 260-268. DOI: 10.1109/TAI.2021.3083689.
- [10] J. D. Bronzino, ed. *The Biomedical Engineering Handbook, Second Edition*. CRC Press LLC, 2000. ISBN: 084930461X.
- [11] F. Cao, M. Ester, W. Qian y A. Zhou. «Density-Based Clustering over an Evolving Data Stream with Noise». En: *Proceedings of the 2006 SIAM International Conference on Data Mining (SDM)*. 2006, págs. 328-339. DOI: 10.1137/1.9781611972764.29.
- [12] *Cardiac Monitors, Heart Rate Meters, and Alarms*. ANSI/AAMI EC13:2002/(R)2007, Association for the Advancement of Medical Instrumentation (AAMI), 2007. ISBN: 1570201749.
- [13] P. de Chazal, M. O'Dwyer y R. B. Reilly. «Automatic classification of heartbeats using ECG morphology and heartbeat interval features». En: *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 51.7 (2004), págs. 1196-1206.
- [14] P. de Chazal y R. B. Reilly. «A patient-adapting heartbeat classifier using ECG morphology and heartbeat interval features». En: *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 53.12 (dic. de 2006), págs. 2535-2543. ISSN: 0018-9294.
- [15] I. Christov, G. Gómez-Herrero, V. Krasteva, I. Jekova, A. Gotchev y K. Egiazarian. «Comparative study of morphological and time-frequency ECG descriptors for heartbeat classification». En: *Medical Engineering and Physics* 28.9 (2006), págs. 876-887.

- [16] V. Chudacek, M. Petrik, G. Georgoulas, M. Cepek, L. Lhotska y C. Stylios. «Comparison of seven approaches for holter ECG clustering and classification». En: *2007 29th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*. 2007, págs. 3844-3847. doi: 10.1109/IEMBS.2007.4353171.
- [17] G. D. Clifford, F. Azuaje y P. McSharry, eds. *Advanced Methods And Tools for ECG Data Analysis*. Artech House, 2006. ISBN: 1580539661.
- [18] D. Cuesta-Frau, M. O. Biagetti, R. A. Quinteiro, P. Micó-Tormos y M. Aboy. «Unsupervised classification of ventricular extrasystoles using bounded clustering algorithms and morphology matching». En: *Medical and Biological Engineering and Computing* 45.3 (2007), págs. 229-239.
- [19] D. Cuesta-Frau, J. C. Pérez-Cortes y G. A. García. «Clustering of electrocardiograph signals in computer-aided Holter analysis». En: *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 72.3 (2003), págs. 179-196.
- [20] T. Darrell y A. Pentland. «Space-time gestures». En: *Computer Vision and Pattern Recognition, 1993. Proceedings CVPR '93., 1993 IEEE Computer Society Conference on*. 1993, págs. 335-340. doi: 10.1109/CVPR.1993.341109.
- [21] I. Daubechies. «The wavelet transform: time-frequency localization and signal analysis». En: *IEEE Trans Inform Theory* 36.5 (1990), págs. 961-1005. doi: 10.1109/18.57199.
- [22] Z. Dokur y T. Ölmez. «ECG beat classification by a novel hybrid neural network». En: *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 66.2-3 (2001), págs. 167-181.
- [23] W. Einthoven, G. Fahr y A. de Waart. «On the direction and manifest size of the variations of potential in the human heart and on the influence of the position of the heart on the form of the electrocardiogram». En: *American Heart Journal* 40.2 (1950), págs. 163-211. issn: 0002-8703. doi: [https://doi.org/10.1016/0002-8703\(50\)90165-7](https://doi.org/10.1016/0002-8703(50)90165-7).
- [24] M. Elgendi. «Fast QRS Detection with an Optimized Knowledge-Based Method: Evaluation on 11 Standard ECG Databases». En: *PLoS ONE* 8.9 (sep. de 2013), e73557. doi: 10.1371/journal.pone.0073557.

- [25] R. A. Frankel, E. W. Pottala, R. W. Bowser y J. J. Bailey. «A filter to suppress ECG baseline wander and preserve ST-segment accuracy in a real-time environment». En: *Journal of Electrocardiology* 24.4 (1991), págs. 315-323. ISSN: 0022-0736. DOI: [http://dx.doi.org/10.1016/0022-0736\(91\)90014-D](http://dx.doi.org/10.1016/0022-0736(91)90014-D).
- [26] D. Gabor. «Theory of communication. Part 1: The analysis of information». En: *Journal of the Institution of Electrical Engineers-Part III: Radio and Communication Engineering* 93.26 (1946), págs. 429-441. DOI: 10.1049/ji-3-2.1946.0074.
- [27] A. Ghaffari, H. Golbayani y M. Ghasemi. «A new mathematical based QRS detector using continuous wavelet transform». En: *Computers & Electrical Engineering* 34.2 (2008). Advances on Computer-based Biological Signal Processing Techniques, págs. 81-91. ISSN: 0045-7906. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.compeleceng.2007.10.005>.
- [28] A. L. Goldberger. *Clinical Electrocardiography: A Simplified Approach*, Elsevier LTD, Oxford, 13 de sep. de 2012. 256 Seiten. ISBN: 0323087868.
- [29] A. L. Goldberger, L. A. N. Amaral, L. Glass, J. M. Hausdorff, P. C. Ivanov, R. G. Mark, J. E. Mietus, G. B. Moody, C.-K. Peng y H. E. Stanley. «PhysioBank, PhysioToolkit, and PhysioNet: Components of a New Research Resource for Complex Physiologic Signals». En: *Circulation* 101.23 (2000), e215-e220. DOI: 10.1161/01.CIR.101.23.e215.
- [30] E. Goldberger. «A simple, indifferent, electrocardiographic electrode of zero potential and a technique of obtaining augmented, unipolar, extremity leads». En: *American Heart Journal* 23.4 (1942), págs. 483-492. ISSN: 0002-8703. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0002-8703\(42\)90293-X](https://doi.org/10.1016/S0002-8703(42)90293-X).
- [31] S. D. Greenwald. «Improved detection and classification of arrhythmias in noise-corrupted electrocardiograms using contextual information». Harvard University - MIT Division of Health Sciences y Technology, 1990.
- [32] R. Greger y U. Windhorst, eds. *Comprehensive Human Physiology: from cellular mechanisms to integration*. Springer-Verlag, 1996. ISBN: 354058109X.
- [33] L. Gupta, D. Molfese, R. Tamma y P. Simos. «Nonlinear alignment and averaging for estimating the evoked potential». En: *IEEE Trans Biomed Eng* 43.4 (1996), págs. 348-356. DOI: 10.1109/10.486255.

- [34] J. E. Hall. *Guyton and Hall Textbook of Medical Physiology*. Elsevier LTD, Oxford, 18 de mayo de 2015. ISBN: 1455770051.
- [35] P. Hamilton. «Open source ECG analysis». En: *Computers in Cardiology, 2002*. Sep. de 2002, págs. 101-104. DOI: 10.1109/CIC.2002.1166717.
- [36] A. Y. Hannun, P. Rajpurkar, M. Haghpanahi, G. H. Tison, C. Bourn, M. P. Turakhia y A. Y. Ng. «Cardiologist-level arrhythmia detection and classification in ambulatory electrocardiograms using a deep neural network». En: *Nature Medicine* 25.1 (2019), págs. 65-69. ISSN: 1546-170X. DOI: 10.1038/s41591-018-0268-3.
- [37] Y. H. Hu, S. Palreddy y W. J. Tompkins. «A patient-adaptable ECG beat classifier using a mixture of experts approach». En: *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 44.9 (1997), págs. 891-900.
- [38] B. Huang y W. Kinsner. «ECG frame classification using dynamic time warping». En: *Electrical and Computer Engineering, 2002. IEEE CCECE 2002. Canadian Conference on*. Vol. 2. 2002, págs. 1105-1110. DOI: 10.1109/CCECE.2002.1013101.
- [39] O. T. Inan, L. Giovangrandi y G. T. A. Kovacs. «Robust neural-network-based classification of premature ventricular contractions using wavelet transform and timing interval features». En: *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 53.12 (2006), págs. 2507-2515.
- [40] T. Ince, S. Kiranyaz y M. Gabbouj. «A Generic and Robust System for Automated Patient-Specific Classification of ECG Signals». En: *Biomedical Engineering, IEEE Transactions on* 56.5 (2009), págs. 1415-1426. ISSN: 0018-9294.
- [41] J. B. Johnson. «Thermal Agitation of Electricity in Conductors». En: *Phys. Rev.* 32 (1 jul. de 1928), págs. 97-109. DOI: 10.1103/PhysRev.32.97.
- [42] A. Karimipour y M. R. Homaeinezhad. «Real-time electrocardiogram P-QRS-T detection–delineation algorithm based on quality-supported analysis of characteristic templates». En: *Computers in Biology and Medicine* 52.0 (2014), págs. 153-165. ISSN: 0010-4825. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.combiomed.2014.07.002>.
- [43] E. J. Keogh y M. J. Pazzani. «Derivative dynamic time warping». En: *the 1st SIAM Int. Conf. on Data Mining (SDM-2001), Chicago, IL, USA*. 2001.

- [44] S. Kiranyaz, T. Ince y M. Gabbouj. «Real-Time Patient-Specific ECG Classification by 1-D Convolutional Neural Networks». En: *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 63.3 (2016), págs. 664-675. doi: 10.1109/TBME.2015.2468589.
- [45] P. Kligfield, L. S. Gettes, J. J. Bailey, R. Childers, B. J. Deal, E. W. Hancock, G. van Herpen, J. A. Kors, P. Macfarlane, D. M. Mirvis, O. Pahlm, P. Rautaharju y G. S. Wagner. «Recommendations for the Standardization and Interpretation of the Electrocardiogram: Part I: The Electrocardiogram and Its Technology: A Scientific Statement From the American Heart Association Electrocardiography and Arrhythmias Committee, Council on Clinical Cardiology; the American College of Cardiology Foundation; and the Heart Rhythm Society Endorsed by the International Society for Computerized Electrocardiology». En: *Circulation* 115.10 (2007), págs. 1306-1324. doi: 10.1161/CIRCULATIONAHA.106.180200.
- [46] J. Kormylo y V. Jain. «Two-pass recursive digital filter with zero phase shift». En: *Acoustics, Speech and Signal Processing, IEEE Transactions on* 22.5 (oct. de 1974), págs. 384-387. issn: 0096-3518. doi: 10.1109/TASSP.1974.1162602.
- [47] M. Korürek y A. Nizam. «A new arrhythmia clustering technique based on Ant Colony Optimization». En: *Journal of Biomedical Informatics* 41.6 (2008), págs. 874-881. issn: 1532-0464. doi: <https://doi.org/10.1016/j.jbi.2008.01.014>.
- [48] V. Krasteva e I. Jekova. «QRS Template Matching for Recognition of Ventricular Ectopic Beats». En: *Annals of Biomedical Engineering* (sep. de 2007). issn: 0090-6964.
- [49] V. Krasteva, I. Jekova, R. Leber, R. Schmid y R. Abächerli. «Superiority of Classification Tree versus Cluster, Fuzzy and Discriminant Models in a Heartbeat Classification System». En: *PLOS ONE* 10.10 (oct. de 2015), págs. 1-29. doi: 10.1371/journal.pone.0140123.
- [50] M. Lagerholm, C. Peterson, G. Braccini, L. Edenbrandt y L. Sornmo. «Clustering ECG complexes using Hermite functions and self-organizing maps». En: *Biomedical Engineering, IEEE Transactions on* 47.7 (2000), págs. 838-848. issn: 0018-9294.
- [51] G. de Lannoy, D. François, J. Delbeke y M. Verleysen. «Weighted Conditional Random Fields for Supervised Interpatient Heartbeat Classification». En: *IEEE Trans. Biomed. Engineering* 59.1 (2012), págs. 241-247.

- [52] J. M. Łęski y N. Henzel. «ECG baseline wander and powerline interference reduction using nonlinear filter bank». En: *Signal Processing* 85.4 (2005), págs. 781-793. ISSN: 0165-1684. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.sigpro.2004.12.001>.
- [53] C. Li, C. Zheng y C. Tai. «Detection of ECG characteristic points using wavelet transforms». En: *Biomedical Engineering, IEEE Transactions on* 42.1 (ene. de 1995), págs. 21-28. ISSN: 0018-9294. DOI: 10.1109/10.362922.
- [54] F. Li, J. Wu, M. Jia, Z. Chen e Y. Pu. «Automated heartbeat classification exploiting convolutional neural network with channel-wise attention». En: *IEEE Access* 7 (2019). cited By 6, págs. 122955-122963. ISSN: 21693536. DOI: 10.1109/ACCESS.2019.2938617.
- [55] X. Liu, H. Wang, Z. Li y L. Qin. «Deep learning in ECG diagnosis: A review». En: *Knowledge-Based Systems* 227 (2021), pág. 107187. ISSN: 0950-7051. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.knosys.2021.107187>.
- [56] M. Llamedo y J. P. Martínez. «Heartbeat Classification Using Feature Selection Driven by Database Generalization Criteria». En: *IEEE Trans. Biomed. Engineering* 58.3 (2011), págs. 616-625.
- [57] R. Longini, J. Giolma, C. Wall y R. Quick. «Filtering without Phase Shift». En: *Biomedical Engineering, IEEE Transactions on* BME-22.5 (sep. de 1975), págs. 432-433. ISSN: 0018-9294. DOI: 10.1109/TBME.1975.324517.
- [58] P. Macfarlane, A. Oosterom, O. Pahlm, P. Kligfield, M. Janse y J. Camm, eds. *Comprehensive Electrocardiology*. 2.^a ed. Springer-Verlag, 2011. ISBN: 1848820461.
- [59] C. Maier, H. Dickhaus y J. Gittinger. «Unsupervised morphological classification of QRS complexes». En: *Computers in Cardiology 1999. Vol.26 (Cat. No.99CH37004)*. 1999, págs. 683-686. DOI: 10.1109/CIC.1999.826063.
- [60] M. Manikandan y K. Soman. «A novel method for detecting R-peaks in electrocardiogram (ECG) signal». En: *Biomedical Signal Processing and Control* 7.2 (2012), págs. 118-128. ISSN: 1746-8094. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.bspc.2011.03.004>.
- [61] T. Mar, S. Zaunseder, J. P. Martínez, M. Llamedo y R. Poll. «Optimization of ECG Classification by Means of Feature Selection». En: *IEEE Trans. Biomed. Engineering* 58.8 (2011), págs. 2168-2177.

- [62] D. Márquez, P. Félix, C. García, J. Tejedor, A. Fred y A. Otero. «Positive and negative evidence accumulation clustering for sensor fusion: An application to heartbeat clustering». En: *Sensors* 19.21 (2019). cited By 3. ISSN: 14248220. DOI: 10.3390/s19214635.
- [63] J. Martinez, R. Almeida, S. Olmos, A. Rocha y P. Laguna. «A wavelet-based ECG delineator: evaluation on standard databases». En: *Biomedical Engineering, IEEE Transactions on* 51.4 (abr. de 2004), págs. 570-581. ISSN: 0018-9294. DOI: 10.1109/TBME.2003.821031.
- [64] A. Mertins. *Signal Analysis: Wavelets, Filter Banks, Time-Frequency Transforms and Applications*. Wiley, 1999. ISBN: 0471986267.
- [65] C. R. Meyer y H. N. Keiser. «Electrocardiogram baseline noise estimation and removal using cubic splines and state-space computation techniques.» En: *Comput Biomed Res* 10.5 (oct. de 1977), págs. 459-470.
- [66] G. Moody y R. Mark. «The impact of the MIT-BIH Arrhythmia Database». En: *Engineering in Medicine and Biology Magazine, IEEE* 20.3 (mayo de 2001), págs. 45-50. ISSN: 0739-5175. DOI: 10.1109/51.932724.
- [67] C. Myers, L. Rabiner y A. Rosenberg. «Performance tradeoffs in dynamic time warping algorithms for isolated word recognition». En: *IEEE Transactions on Acoustics, Speech, and Signal Processing* 28.6 (1980), págs. 623-635. DOI: 10.1109/TASSP.1980.1163491.
- [68] E. Naseri, A. Ghaffari y M. Abdollahzade. «A novel ICA-based clustering algorithm for heart arrhythmia diagnosis». En: *Pattern Analysis and Applications* 22.2 (2019). cited By 3, págs. 285-297. ISSN: 14337541. DOI: 10.1007/s10044-017-0628-5.
- [69] J. Niu, Y. Tang, Z. Sun y W. Zhang. «Inter-Patient ECG Classification With Symbolic Representations and Multi-Perspective Convolutional Neural Networks». En: *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics* 24.5 (2020), págs. 1321-1332. DOI: 10.1109/JBHI.2019.2942938.
- [70] H. Nyquist. «Thermal Agitation of Electric Charge in Conductors». En: *Phys. Rev.* 32 (1 jul. de 1928), págs. 110-113. DOI: 10.1103/PhysRev.32.110.

- [71] S. Osowski, L. T. Hoai y T. Markiewicz. «Support Vector Machine-Based Expert System for Reliable Heartbeat Recognition». En: *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 51.4 (2004), págs. 582-589.
- [72] S. Osowski y T. H. Linh. «ECG beat recognition using fuzzy hybrid neural network». En: *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 48.11 (2001), págs. 1265-1271.
- [73] K. Park, K. Lee y H. Yoon. «Application of a wavelet adaptive filter to minimise distortion of the ST-segment». En: *Medical and Biological Engineering and Computing* 36.5 (1998), págs. 581-586. ISSN: 0140-0118. DOI: 10.1007/BF02524427.
- [74] E. Parzen. *Stochastic Processes*. Society for Industrial y Applied Mathematics, 1999. doi: 10.1137/1.9781611971125.
- [75] F. Plesinger, J. Jurco, J. Halamek, P. Leinveber, T. Reichlova y P. Jurak. «Multichannel QRS morphology clustering data preprocessing for ultra-high-frequency ECG analysis». En: *cited By* 3. 2015, págs. 11-19. DOI: 10.5220/0005604200110019.
- [76] F. Portet. «P wave detector with PP rhythm tracking: evaluation in different arrhythmia contexts». En: *Physiological Measurement* 29.1 (2008), pág. 141.
- [77] E. W. Pottala, J. J. Bailey, M. R. Horton y J. R. Gradwohl. «Suppression of baseline wander in the ECG Using a bilinearly transformed, null-phase filter». En: *Journal of Electrocardiology* 22, Supplement.0 (1990). Proceedings of the Engineering Foundation Conference Computerized Interpretation of the Electrocardiogram XIV, págs. 243-247. ISSN: 0022-0736. DOI: [http://dx.doi.org/10.1016/S0022-0736\(07\)80134-8](http://dx.doi.org/10.1016/S0022-0736(07)80134-8).
- [78] A. D. Poularikas, ed. *The Transforms and Applications Handbook, Second Edition (Electrical Engineering Handbook)*. CRC Press, 2000. ISBN: 0849385954.
- [79] S. Powell y P. Chau. «A technique for realizing linear phase IIR filters». En: *Signal Processing, IEEE Transactions on* 39.11 (nov. de 1991), págs. 2425-2435. ISSN: 1053-587X. DOI: 10.1109/78.97998.
- [80] M. Rahimpour y B. Mohammadzadeh Asl. «P wave detection in ECG signals using an extended Kalman filter: an evaluation in different arrhythmia contexts». En: *Physiological Measurement* 37.7 (2016), pág. 1089.

- [81] «Recommendations for measurement standards in quantitative electrocardiography». En: *European Heart Journal* 6.10 (1985), págs. 815-825.
- [82] A. H. Ribeiro, M. H. Ribeiro, G. M. M. Paixão, D. M. Oliveira, P. R. Gomes, J. A. Canazart, M. P. S. Ferreira, C. R. Andersson, P. W. Macfarlane, W. Meira Jr., T. B. Schön y A. L. P. Ribeiro. «Automatic diagnosis of the 12-lead ECG using a deep neural network». En: *Nature Communications* 11.1 (2020), pág. 1760. issn: 2041-1723. doi: 10.1038/s41467-020-15432-4.
- [83] J. L. Rodríguez-Sotelo, D. Cuesta-Frau y G. Castellanos-Domínguez. «Unsupervised classification of atrial heartbeats using a prematurity index and wave morphology features». En: *Med. Biol. Engineering and Computing* 47.7 (2009), págs. 731-741.
- [84] J. L. Rodríguez-Sotelo, D. H. Peluffo-Ordóñez, D. Cuesta-Frau y G. Castellanos-Domínguez. «Unsupervised feature relevance analysis applied to improve ECG heartbeat clustering». En: *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 108.1 (2012), págs. 250-261.
- [85] S. Saadatnejad, M. Oveisi y M. Hashemi. «LSTM-Based ECG Classification for Continuous Monitoring on Personal Wearable Devices». En: *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics* 24.2 (2020), págs. 515-523. doi: 10.1109/JBHI.2019.2911367.
- [86] H. Sakoe y S. Chiba. «A dynamic programming approach to continuous speech recognition». En: *Proceedings of International Congress of Acoustics*. Budapest, Hungary, Paper 20C-13. 1971.
- [87] H. Sakoe y S. Chiba. «Dynamic programming algorithm optimization for spoken word recognition». En: *IEEE Transactions on Acoustics, Speech, and Signal Processing* 26.1 (1978), págs. 43-49.
- [88] A. Sargolzaei, K. Faez y S. Sargolzaei. «A new robust wavelet based algorithm for baseline wandering cancellation in ECG signals». En: *Signal and Image Processing Applications (ICSIPA), 2009 IEEE International Conference on*. Nov. de 2009, págs. 33-38. doi: 10.1109/ICSIPA.2009.5478671.
- [89] L. Sörnmo. «Time-varying digital filtering of ECG baseline wander.» En: *Med Biol Eng Comput* 31.5 (sep. de 1993), págs. 503-508.
- [90] L. Sörnmo y P. Laguna. *Bioelectrical Signal Processing in Cardiac and Neurological Applications (Biomedical Engineering)*. Academic Press, 2005. ISBN: 0124375529.

- [91] «Standardization of precordial leads: Joint recommendations of the American Heart Association and the Cardiac Society of Great Britain and Ireland». En: *American Heart Journal* 15.1 (1938), págs. 107-108. ISSN: 0002-8703. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0002-8703\(38\)90039-0](https://doi.org/10.1016/S0002-8703(38)90039-0).
- [92] R. Sutton. «Remote monitoring as a key innovation in the management of cardiac patients including those with implantable electronic devices». En: *Europace* 15.suppl 1 (2013), págs. i3-i5. DOI: 10.1093/europace/eut108.
- [93] Z. Syed, J. Gutttag y C. Stultz. «Clustering and Symbolic Analysis of Cardiovascular Signals: Discovery and Visualization of Medically Relevant Patterns in Long-Term Data Using Limited Prior Knowledge». En: *EURASIP Journal on Advances in Signal Processing* 2007.1 (2007), pág. 067938. ISSN: 1687-6180. DOI: 10.1155/2007/67938.
- [94] T. Syeda-Mahmood, D. Beymer y F. Wang. «Shape-based Matching of ECG Recordings». En: *Engineering in Medicine and Biology Society, 2007. EMBS 2007. 29th Annual International Conference of the IEEE*. 2007, págs. 2012-2018. DOI: 10.1109/IEMBS.2007.4352714.
- [95] C. Tappert, C. Suen y T. Wakahara. «The state of the art in online handwriting recognition». En: *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence* 12.8 (1990), págs. 787-808. DOI: 10.1109/34.57669.
- [96] T. Teijeiro, P. Felix, J. Presedo y D. Castro. «Heartbeat Classification Using Abstract Features from the Abductive Interpretation of the ECG». En: *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics* 22.2 (2018). cited By 38, págs. 409-420. ISSN: 21682194. DOI: 10.1109/JBHI.2016.2631247.
- [97] J. Van Alste, W. Van Eck y O. Herrmann. «ECG baseline wander reduction using linear phase filters». En: *Computers and Biomedical Research* 19.5 (1986), págs. 417-427.
- [98] G. Vega-Martinez, C. Alvarado-Serrano y L. Leija-Salas. «ECG baseline drift removal using discrete wavelet transform». En: *Electrical Engineering Computing Science and Automatic Control (CCE), 2011 8th International Conference on*. Oct. de 2011, págs. 1-5. DOI: 10.1109/ICEEE.2011.6106625.

- [99] R. Von Borries, J. Pierluissi y H. Nazeran. «Wavelet Transform-Based ECG Baseline Drift Removal for Body Surface Potential Mapping». En: *Engineering in Medicine and Biology Society, 2005. IEEE-EMBS 2005. 27th Annual International Conference of the*. 2005, págs. 3891-3894. DOI: 10.1109/IEMBS.2005.1615311.
- [100] H. Vullings, M. Verhaegen y H. Verbruggen. «Automated ECG segmentation with dynamic time warping». En: *Engineering in Medicine and Biology Society, 1998. Proceedings of the 20th Annual International Conference of the IEEE*. 1998, págs. 163-166. DOI: 10.1109/IEMBS.1998.745863.
- [101] A. Wang y J. Smith. «On fast FIR filters implemented as tail-canceling IIR filters». En: *Signal Processing, IEEE Transactions on* 45.6 (jun. de 1997), págs. 1415-1427. ISSN: 1053-587X. DOI: 10.1109/78.599954.
- [102] G. Wang, M. Chen, Z. Ding, J. Li, H. Yang y P. Zhang. «Inter-patient ECG arrhythmia heartbeat classification based on unsupervised domain adaptation». En: *Neurocomputing* 454 (2021), págs. 339-349. ISSN: 0925-2312. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.neucom.2021.04.104>.
- [103] L. Wang, X. Zhou, Y. Xing, M. Yang y C. Zhang. «Clustering ECG heartbeat using improved semi-supervised affinity propagation». En: *IET Software* 11.5 (2017). cited By 14, págs. 207-213. ISSN: 17518806. DOI: 10.1049/iet-sen.2016.0261.
- [104] C. Wen, T.-C. Lin, K.-C. Chang y C.-H. Huang. «Classification of ECG complexes using self-organizing CMAC». En: *Measurement* 42.3 (2009), págs. 399-407. ISSN: 0263-2241. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.measurement.2008.08.004>.
- [105] F. N. Wilson, F. D. Johnston, A. G. Macleod y P. S. Barker. «Electrocardiograms that represent the potential variations of a single electrode». En: *American Heart Journal* 9.4 (1934), págs. 447-458. ISSN: 0002-8703. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0002-8703\(34\)90093-4](https://doi.org/10.1016/S0002-8703(34)90093-4).
- [106] W.-Y. Wu. «An adaptive method for detecting dominant points». En: *Pattern Recognition* 36.10 (2003), págs. 2231-2237. ISSN: 0031-3203. DOI: 10.1016/S0031-3203(03)00087-6.

- [107] H. Yang y Z. Wei. «Arrhythmia Recognition and Classification Using Combined Parametric and Visual Pattern Features of ECG Morphology». En: *IEEE Access* 8 (2020). cited By 12, págs. 47103-47117. issn: 21693536. doi: 10.1109/ACCESS.2020.2979256.
- [108] C. Ye, B. Kumar y M. Coimbra. «Heartbeat Classification Using Morphological and Dynamic Features of ECG Signals». En: *Biomedical Engineering, IEEE Transactions on* 59.10 (oct. de 2012), págs. 2930-2941. issn: 0018-9294. doi: 10.1109/TBME.2012.2213253.
- [109] Y.-C. Yeh, W.-J. Wang y C. W. Chiou. «A novel fuzzy c-means method for classifying heartbeat cases from ECG signals». En: *Measurement* 43.10 (2010), págs. 1542-1555. issn: 0263-2241. doi: <https://doi.org/10.1016/j.measurement.2010.08.019>.
- [110] D. Zhang. «Wavelet Approach for ECG Baseline Wander Correction and Noise Reduction». En: *Engineering in Medicine and Biology Society, 2005. IEEE-EMBS 2005. 27th Annual International Conference of the*. 2005, págs. 1212-1215. doi: 10.1109/IEMBS.2005.1616642.
- [111] Y. Zhang e Y. Liu. «Clustering analysis of ECG data streams». En: *Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics)* 10386 LNCS (2017), págs. 304-311. doi: 10.1007/978-3-319-61833-3_32.
- [112] Z. Zhang, J. Dong, X. Luo, K.-S. Choi y X. Wu. «Heartbeat classification using disease-specific feature selection». En: *Computers in Biology and Medicine* 46 (2014), págs. 79-89. issn: 0010-4825. doi: <https://doi.org/10.1016/j.combiomed.2013.11.019>.
- [113] B. Zhu, Y. Ding y K. Hao. «A Novel Automatic Detection System for ECG Arrhythmias Using Maximum Margin Clustering with Immune Evolutionary Algorithm». En: *Computational and Mathematical Methods in Medicine* 2013 (2013), pág. 453402. issn: 1748-670X. doi: 10.1155/2013/453402.

Índice de figuras

1.1.	Estructura del corazón	10
1.2.	Sistema de conducción eléctrico del corazón.	12
1.3.	Fases de los potenciales de acción típicos de células cardíacas y corrientes iónicas implicadas.	13
1.4.	Potenciales de acción de las células cardíacas.	17
1.5.	Representación del ciclo cardíaco	19
1.6.	Derivaciones bipolares	22
1.7.	Derivaciones precordiales	23
1.8.	Representación de un ciclo cardíaco en el sistema de 12 derivaciones estándar	24
1.9.	Fragmento de ECG contaminado con señal de la red de alimentación	25
1.10.	Fragmento de ECG contaminado con señal electromiográfica	26
1.11.	Fragmento de ECG con saltos en la línea base	28
1.12.	Fragmento de ECG con artefactos similares a complejos QRS	29
1.13.	Fragmento de ECG contaminado con deriva de línea base	30
1.14.	Fragmento de ECG con deriva de línea base en una única derivación	31
1.15.	Ejemplos de variabilidad morfológica de latidos intra-paciente e inter-paciente	34
1.16.	Ejemplos de arritmias con origen auricular.	42
1.17.	Ejemplos de arritmias con causa ventricular.	44
2.1.	Diagrama de flujo de datos del método de agrupamiento de complejos QRS .	63
2.2.	Efecto de la deriva de línea base sobre la morfología del complejo QRS	66
2.3.	Aplicación del filtro de deriva de línea base sobre un segmento de ECG	74
2.4.	Aplicación del filtro de deriva sobre una señal con ondas P y T de amplitud similar	75

2.5.	Aplicación del filtro de deriva sobre una señal con ruido de alta frecuencia	76
2.6.	Aplicación del filtro de deriva sobre una señal con cambios bruscos en la línea base	77
2.7.	Ejemplo de las distorsiones que introduce el filtro de deriva en el segmento ST	77
2.8.	Ejemplo de las distorsiones que introduce el filtro de deriva en el segmento ST	78
2.9.	Segmento de la serie temporal S^l para la derivación $l = 2$ en torno al complejo QRS de un latido	81
2.10.	Representación de los conjuntos I_j^- y I_j^+ empleados para el cálculo de la curvatura en el punto p_j	82
2.11.	Parámetros implicados en la detección de puntos relevantes sobre un complejo QRS	85
2.12.	Representación de las regiones de dominancia y soporte asociadas a los puntos dominantes de un complejo QRS	86
2.13.	Resultado de la ejecución del algoritmo de detección de puntos relevantes sobre diversas morfologías de complejo QRS	87
2.14.	Ejemplos de alineamiento lineal de complejos QRS	93
2.15.	Representación de caminos de alineamiento entre dos subsecuencias q_n y q_{n-1}^c	95
2.16.	Resultado de aplicar del algoritmo DTW sobre pares de complejos QRS pertenecientes a diferentes patrones de activación/propagación	100
2.17.	Representación de las restricciones aplicadas en la técnica DTW para evitar distorsiones inaceptables en la secuencias alineadas	101
2.18.	Ejemplo del proceso de alineamiento de un complejo QRS y una plantilla de grupo mediante DDTW	107
2.19.	Ejemplos de alineamiento de complejos QRS mediante <i>Derivative Dynamic Time Warping</i> (DDTW)	112
2.20.	Ejemplo ilustrativo de la proyección, entre dos subsecuencias, q_n y q_{n-1}^c , de la región de soporte asociada a un punto relevante	114
2.21.	Ilustración de los parámetros implicados en el cálculo de concordancia de una subsecuencia, q_{n-1}^c , con respecto a otra, q_n , en un punto relevante p_j	116
2.22.	Ilustración de los factores que influyen en el diseño de la medida de disimilitud local	118
2.23.	Efecto de las ondas adyacentes sobre la disimilitud de dos secuencias en una región de soporte	121



2.24.	Parámetros y áreas implicadas en el cálculo de la disimilitud local de una secuencia \mathbf{q}_{n-1}^c con respecto a otra, \mathbf{q}_n , en una región de soporte $[j^-, j^+]$.	122
2.25.	Representación de la función sigmoideal $\text{sigm}(x)$ para múltiples valores de parámetro α	126
2.26.	Cálculo de la disimilitud local sobre dos ondas triangulares	127
2.27.	Ejemplo de valores de disimilitud local entre secuencias idénticas con desalineamiento temporal. En cada subfigura se representan, en su parte superior, dos secuencias del mismo complejo QRS, desplazadas temporalmente entre sí $\delta + 1$ muestras. Y en su parte inferior, las secuencias alineadas; obsérvese como el desfase temporal se reduce a una única muestra. Por último, la zona central muestra los valores de disimilitud obtenidos para las regiones dominantes de la subsecuencia de referencia. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. (a) R200.C1 [05:01.481], (b) R104.C1 [06:48.572], (c) R118.C2 [08:14.133].	130
2.28.	Ejemplos de disimilitud local sobre tres pares complejos. En la parte superior de cada subfigura se muestran las subsecuencias originales; en su parte inferior, las secuencias alineadas, y en el centro, los valores de disimilitud obtenidos para cada región de soporte de la subsecuencia de referencia. Fuente: MIT-BIH Arrhythmia DB. (a) R200.C1 [05:01.481], [04:50.369], (c) R104.C1 [06:48.572], [06:47.733], (c) R118.C2 [08:14.133], [07:40.989]. Orden de los complejos: (—)(- - -).	131
2.29.	Diagrama de flujo de los procesos de selección de grupo y actualización del conjunto de grupos.	136
3.1.	Representación de la evolución temporal de la distancia RR en un fragmento de registro 117 de la base de datos MIT-BIH	149
A.1.	Representación de la superficie $\cos \varphi_{ijk}$ asociada al cálculo de la curvatura en el pico de la onda Q de un complejo QRS	172

Índice de tablas

2.1.	Resultados globales de validación sobre la base de datos MIT-BIH de los principales detectores de complejos QRS propuestos en la bibliografía. . . .	78
3.1.	Distribución de las diferentes clases de latidos en la <i>MIT-BIH Arrhythmia Database</i> y en la base de datos AHA ECG utilizando las etiquetas de latidos MIT-BIH.	147
3.2.	Reglas para la selección de la etiqueta de ritmo	153
3.3.	Número de grupos por registro en la base de datos MIT-BIH	155
3.4.	Matriz de confusión resultante tras el agrupamiento de todos los registros de la <i>MIT-BIH Arrhythmia Database</i>	157
3.5.	Matriz de confusión para la base de datos MIT-BIH utilizando las etiquetas de clase de la AAMI	158
3.6.	Matriz de confusión resultante tras el agrupamiento de la base de datos AHA ECG	158
3.7.	Tabla comparativa para clases MIT-BIH entre las principales propuestas de la bibliografía	162
3.8.	Tabla comparativa para clases AAMI entre las principales propuestas de la bibliografía	162

