

ACTA DE EVALUACIÓN DE LA TESIS DOCTORAL

Año académico 2016/17

DOCTORANDO: **HERNANDO RAMIRO, CARLOS**

PROGRAMA DE DOCTORADO: **D374 DOCTORADO EN TECNOLOGÍAS DE LA INFORMACIÓN Y LAS COMUNICACIONES**

DEPARTAMENTO DE: **Teoría de la Señal y Comunicaciones**

TITULACIÓN DE DOCTOR EN: **DOCTOR/A POR LA UNIVERSIDAD DE ALCALÁ**

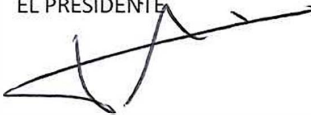
En el día de hoy 29/06/17, reunido el tribunal de evaluación nombrado por la Comisión de Estudios Oficiales de Posgrado y Doctorado de la Universidad y constituido por los miembros que suscriben la presente Acta, el aspirante defendió su Tesis Doctoral, elaborada bajo la dirección de **MANUEL BLANCO VELASCO //**.

Sobre el siguiente tema: *DESARROLLO DE TÉCNICAS DE CODIFICACIÓN DE SEÑAL ELECTROCARDIOGRÁFICA PARA APLICACIONES DE TRANSMISIÓN*

Finalizada la defensa y discusión de la tesis, el tribunal acordó otorgar la CALIFICACIÓN GLOBAL⁶ de (no apto, aprobado, notable y sobresaliente): SOBRESALIENTE

Alcalá de Henares, 29 de JUNIO de 2017

EL PRESIDENTE



Fdo.: 2016 JUN 30 2017

EL SECRETARIO



Fdo.: FERNANDO COVE ROLDAN

EL VOCAL



Fdo.: Juan I. Godino

UNIVERSIDAD DE ALCALÁ, PATRIMONIO DE LA HUMANIDAD

Con fecha 24 de Julio de 2017 la Comisión Delegada de la Comisión de Estudios Oficiales de Posgrado, a la vista de los votos emitidos de manera anónima por el tribunal que ha juzgado la tesis, resuelve:

- Conceder la Mención de "Cum Laude"
 No conceder la Mención de "Cum Laude"

La Secretaria de la Comisión Delegada



FIRMA DEL ALUMNO,



Fdo.: CARLOS HERNANDO RAMIRO

⁶ La calificación podrá ser "no apto" "aprobado" "notable" y "sobresaliente". El tribunal podrá otorgar la mención de "cum laude" si la calificación global es de sobresaliente y se emite en tal sentido el voto secreto positivo por unanimidad.



Universidad
de Alcalá

COMISIÓN DE ESTUDIOS OFICIALES
DE POSGRADO Y DOCTORADO

En aplicación del art. 14.7 del RD. 99/2011 y el art. 14 del Reglamento de Elaboración, Autorización y Defensa de la Tesis Doctoral, la Comisión Delegada de la Comisión de Estudios Oficiales de Posgrado y Doctorado, en sesión pública de fecha 24 de julio, procedió al escrutinio de los votos emitidos por los miembros del tribunal de la tesis defendida por *HERNANDO RAMIRO, CARLOS*, el día 29 de junio de 2017, titulada *DESARROLLO DE TÉCNICAS DE CODIFICACIÓN DE SEÑAL ELECTROCARDIOGRÁFICA PARA APLICACIONES DE TRANSMISIÓN*, para determinar, si a la misma, se le concede la mención "cum laude", arrojando como resultado el voto favorable de todos los miembros del tribunal.

Por lo tanto, la Comisión de Estudios Oficiales de Posgrado resuelve otorgar a dicha tesis la

MENCIÓN "CUM LAUDE"

Alcalá de Henares, 27 julio de 2017
EL PRESIDENTE DE LA COMISIÓN DE ESTUDIOS
OFICIALES DE POSGRADO Y DOCTORADO



Firmado digitalmente por VELASCO
PEREZ JUAN RAMON - DNI
03087239H
Fecha: 2017.07.30 18:15:30 +02'00'

Juan Ramón Velasco Pérez

Copia por e-mail a:

Doctorando: HERNANDO RAMIRO, CARLOS

Secretario del Tribunal: FERNANDO CRUZ ROLDÁN.

Director de Tesis: MANUEL BLANCO VELASCO



Universidad
de Alcalá

ESCUELA DE DOCTORADO
Servicio de Estudios Oficiales de
Posgrado

DILIGENCIA DE DEPÓSITO DE TESIS.

Comprobado que el expediente académico de D./D^a _____
reúne los requisitos exigidos para la presentación de la Tesis, de acuerdo a la normativa vigente, y habiendo
presentado la misma en formato: soporte electrónico impreso en papel, para el depósito de la
misma, en el Servicio de Estudios Oficiales de Posgrado, con el nº de páginas: _____ se procede, con
fecha de hoy a registrar el depósito de la tesis.

Alcalá de Henares a _____ de _____ de 20 _____



Fdo. El Funcionario



Universidad
de Alcalá

Campus Universitario
Dpto. de Teoría de la Señal y Comunicaciones
Ctra. Madrid-Barcelona, Km. 36,6
28871 Alcalá de Henares (Madrid)
Tel: +34 91 885 88 99
Fax: +34 91 885 66 99

El Dr. Manuel Blanco Velasco, Profesor Titular de Universidad del Área de Conocimiento de Teoría de la Señal y Comunicaciones de la Universidad de Alcalá,

CERTIFICA

Que la tesis “**Desarrollo de técnicas de codificación de señal electrocardiográfica para aplicaciones de transmisión**”, presentada por D. Carlos Hernando Ramiro y realizada en el Departamento de Teoría de la Señal y Comunicaciones bajo mi dirección, reúne méritos suficientes para optar al grado de Doctor, por lo que puede procederse a su depósito y defensa.

Alcalá de Henares, 16 de abril de 2017.

Fdo. Dr. Manuel Blanco Velasco



Universidad
de Alcalá

Campus Universitario
Dpto. de Teoría de la Señal y Comunicaciones
Ctra. Madrid-Barcelona, Km. 36,6
28871 Alcalá de Henares (Madrid)
Telf: +34 91 885 88 99
Fax: +34 91 885 66 99

D. Carlos Hernando Ramiro ha realizado en el Departamento de Teoría de la Señal y Comunicaciones, bajo la dirección del Doctor Manuel Blanco Velasco, la tesis doctoral titulada "Desarrollo de técnicas de codificación de señal electrocardiográfica para aplicaciones de transmisión", cumpliéndose todos los requisitos para la tramitación que conduce a su posterior lectura.

Alcalá de Henares, 16 de abril de 2017.

EL DIRECTOR DEL DEPARTAMENTO

Fco. J. Acevedo

Fdo. Dr. Francisco Javier Acevedo Rodríguez



Universidad
de Alcalá

Programa de Doctorado en Tecnologías de la
Información y las Comunicaciones

**DESARROLLO DE TÉCNICAS DE
CODIFICACIÓN DE SEÑAL
ELECTROCARDIOGRÁFICA PARA
APLICACIONES DE TRANSMISIÓN**

Tesis Doctoral presentada por

CARLOS HERNANDO RAMIRO

Director:

DR. MANUEL BLANCO VELASCO

Alcalá de Henares, 2017

A mi familia, a mis amigos y a Carmen, gracias de corazón.

Agradecimientos

La realización de esta tesis doctoral no hubiera sido posible sin la ayuda de mi tutor, Manuel Blanco Velasco, que durante toda esta etapa me ha brindado su incondicional motivación, consejo y apoyo.

El doctor Lisandro Lovisolo, de la Universidad Federal de Río de Janeiro (Brasil), y Fernando Cruz Roldán, catedrático de la Universidad de Alcalá, también han contribuido significativamente a este trabajo.

Debo agradecer igualmente las aportaciones de los doctores Julián Cárdenas Barreras y Carlos Bazán Prieto, ambos de la Universidad Central de las Villas (Cuba), y del doctor Javier García Frías, de la Universidad de Delaware (Estados Unidos).

Mi sincero agradecimiento también al resto del grupo de investigación *Communications, Multirate Systems and Biomedical Engineering* de la Universidad de Alcalá, en especial a Fátima Pedroviejo Benito, Eduardo Moreno Martínez, Pedro Amo López, Ricardo Jiménez Martínez y Rafael Cambralla Diana, por su colaboración.

Finalmente, quiero dar las gracias a los profesores del pasillo S-23 de la Escuela Politécnica Superior de la Universidad de Alcalá, sobre todo a Sancho Salcedo Sanz y Francisco Javier Escribano Aparicio, por su constante disposición ante mis necesidades logísticas.

Este trabajo ha sido parcialmente financiado por el Ministerio de Economía y Competitividad mediante los proyectos TEC2012-38058-C03-01 y TEC2015-64835-C3-1-R.

Resumen

En este trabajo se llevan a cabo dos estudios de investigación complementarios que permiten mejorar la codificación del electrocardiograma (ECG) para aplicaciones de telemedicina. En el primero, se desarrolla una estrategia consistente para controlar a través de métricas directas la calidad de reconstrucción en compresión de ECG. Con este propósito, se analizan las ventajas e inconvenientes del error cuadrático medio porcentual (PRD: *percentage root-mean-square difference*), que es comúnmente empleado en la bibliografía, y el error cuadrático medio (RMSE: *root mean square error*), que se propone como alternativa. El estudio teórico revela que el RMSE proporciona una medida más clara y estable de la distorsión que presenta la forma de onda de la señal comprimida con respecto a la original. Para la evaluación práctica, ambas métricas se prueban en una etapa de control de calidad basada en energía retenida que se implementa en varios esquemas de compresión del estado del arte. Los experimentos, que se llevan a cabo con la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa, ratifican que el RMSE consigue controlar mejor el error, tanto global como local, de la señal recuperada sin degradar la tasa de compresión, que incluso se mejora. Las conclusiones extraídas respaldan la importancia práctica del análisis de la calidad de reconstrucción, que tiende a dejarse en un segundo plano, en la implementación de compresores de ECG.

En el segundo estudio, se propone la descomposición *matching pursuit* (MP) para el procesado del ECG en el dominio del tiempo, con la que se desarrolla un método de compresión y detección QRS conjunta. La descomposición MP permite extraer los diferentes componentes del ECG de mayor a menor orden de importancia en términos de energía. Para ello, se emplean diccionarios de triángulos, ya que son funciones sencillas que se correlacionan bien con los elementos típicos del ECG, en especial con la onda R, lo que facilita la detección de latidos. Además, los triángulos se definen con pocos parámetros, lo que potencia la compresión al usar la señal modelada en lugar de la original. El algoritmo propuesto se evalúa con toda la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database, dando lugar a buenos resultados tanto de compresión como de detección QRS y mostrándose competitivo frente a métodos del estado de la técnica dedicados exclusivamente a una de las dos funciones. Además, al mantener el tratamiento del ECG en el dominio del tiempo se facilita el entendimiento y la adopción de esta clase de técnicas en telemedicina, ya que la estrategia presentada se puede relacionar con el análisis visual llevado a cabo por los especialistas clínicos sobre los registros de ECG.

Abstract

In this work, two complementary research studies that give rise to improvements in the field of electrocardiogram (ECG) coding for telemedicine applications are carried out. Firstly, a consistent method to control the reconstruction quality in ECG compression by means of direct metrics is developed. For this end, the advantages and drawbacks of the percentage root-mean-square difference (PRD), which is commonly applied in the bibliography, and the root mean square error (RMSE), which is proposed as an alternative, are analysed. The theoretical study shows that the RMSE provides a clearer and more stable measure of the distortion of the waveform of the compressed signal with respect to the original one. For the practical evaluation, both metrics are tested in a quality control block based on retained energy that is included in several compression schemes of the state of the art. The experiments, which are performed with the complete MIT-BIH Arrhythmia Database, confirms that the RMSE achieves a tightest control of both global and local errors of the recovered signal without degrading the compression ratio, which even increases. The conclusions drawn support the practical importance of the analysis of the reconstruction quality, which tends to be considered secondly, for the implementation of ECG compressors.

In the second study, the matching pursuit (MP) decomposition is proposed to process ECG signals in the time domain. This approach is utilized to develop a method for joint ECG compression and QRS detection. The MP decomposition technique extracts the different ECG components in descending order of importance in terms of energy. For this purpose, dictionaries of triangles are employed, as they are simple functions that correlate well with the typical ECG features, specially the R wave, allowing the detection of beats. Moreover, triangles are defined with few parameters, which boosts compression if the modelled signal is used instead of the original one. The proposed algorithm is assessed with the whole MIT-BIH Arrhythmia Database, obtaining good results for both compression and QRS detection and showing that it can be competitive against techniques of the state of the art that are dedicated only to one of those functions. In addition, by remaining the ECG processing in the time domain, the understanding and adoption of this kind of methods in telemedicine is facilitated, as the presented approach can be related to the visual assessment of ECG records carried out by physicians.

Índice general

Lista de figuras	XI
Lista de tablas	XV
Glosario de abreviaturas y acrónimos	XVII
1. Introducción al trabajo	1
1.1. Motivación del estudio	1
1.2. Hipótesis de trabajo	5
1.3. Objetivos propuestos	8
1.4. Metodología	8
1.5. Contenido de la memoria	11
2. Revisión del estado de la técnica	13
2.1. Introducción al electrocardiograma: adquisición y componentes	13
2.2. Estado de la técnica en compresión de ECG	17
2.3. Estado de la técnica en detección QRS	19
3. Medidas, métodos y materiales	23
3.1. Medidas de calidad	23
3.2. Medidas de compresión	26
3.3. Medidas de detección de latidos	26
3.4. Métodos de procesado	27
3.4.1. Bancos de filtros coseno modulado	27
3.4.2. Matching pursuit	29
3.4.3. Umbralización por energía retenida	31
3.4.4. Cuantificación	34
3.4.5. Codificación entrópica	35
3.5. Base de datos	39
4. Control consistente de calidad en compresión de ECG mediante métricas directas	43
4.1. Introducción	43

4.2.	Esquemas de compresión	44
4.2.1.	Descomposición de señal	46
4.2.2.	Umbralización	47
4.2.3.	Cuantificación	50
4.2.4.	Codificación entrópica	52
4.3.	Análisis de calidad	53
4.4.	Análisis de compresión	64
4.5.	Conclusiones	71
5.	Descomposición matching pursuit de ECG para compresión y detección QRS conjunta	75
5.1.	Introducción	75
5.2.	Descomposición del ECG	78
5.3.	Diccionarios	82
5.4.	Algoritmo para compresión y detección QRS	84
5.4.1.	Descomposición MP	84
5.4.2.	Compresión	86
5.4.3.	Detección QRS	88
5.5.	Resultados	94
5.5.1.	Resultados de compresión	96
5.5.2.	Resultados de detección QRS	103
5.6.	Diccionarios de tipo B-spline	110
5.7.	Conclusiones	117
6.	Conclusiones, contribuciones y futuras líneas de trabajo	121
6.1.	Conclusiones del trabajo	121
6.2.	Contribuciones científicas	124
6.3.	Futuras líneas de trabajo	125
	Bibliografía	129

Lista de figuras

1.1.	Ejemplo de señal de ECG e identificación de sus componentes.	2
1.2.	Transmisión de ECG comprimido en el contexto de la telemedicina. . . .	4
1.3.	Diagrama de bloques que resume la metodología de trabajo.	9
2.1.	Anatomía del corazón que muestra los componentes de ambos hemicardios (Laura Macías Álvarez vía https://commons.wikimedia.org).	14
2.2.	Recorrido de la sangre en el corazón durante el ciclo cardíaco (Laura Macías Álvarez vía https://commons.wikimedia.org).	15
2.3.	Posiciones de los 10 electrodos necesarios para obtener las 12 derivaciones básicas del ECG (vía http://www.wikilectures.eu).	15
2.4.	Complejo PQRST del ECG y asociación de las fases eléctricas del ciclo cardíaco con las ondas que lo componen.	16
3.1.	Banco de filtros de diezmado máximo de M canales.	28
3.2.	Árbol binario para la construcción del código Huffman de la tabla 3.1. . .	38
4.1.	Diagramas de bloques de los compresores desarrollados para evaluar las métricas de calidad.	46
4.2.	Ejemplo de compresión de dos señales de ECG de 1024 muestras de la MIT-BIH Arrhythmia Database. El panel superior de ambas figuras muestra una sección de 100 muestras de las señales original y reconstruida superpuestas. El error de compresión, diferencia entre la señal recuperada y la original, se representa en el panel inferior.	55
4.3.	Estudio de la consistencia de la calidad obtenida con las diferentes métricas directas bajo estudio para las 48 señales completas de la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database (en el eje de abscisas se muestran los identificadores de las distintas señales).	60
4.4.	Desviación estándar del RMSE por segmento $\sigma \{e_{rms,N}(n)\}$ para cada una de las señales de la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database (en el eje de abscisas se muestran los identificadores de las distintas señales). . .	62

4.5.	Resultados de variabilidad del error local MAX por segmento ($N = 1024$) para todas las señales completas de la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database, considerando tanto el PRD como el RMSE como métricas objetivo.	63
4.6.	Resultados de compresión ($E\{\mathcal{R}_{KN}(KN - 1)\}$) en función de la calidad global en términos de PRD ($E\{\mathcal{D}_{KN}(KN - 1)\}$) para los métodos Benzid y Chen, empleando tanto el PRD como el RMSE para controlar la calidad de reconstrucción, con la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa.	65
4.7.	Resultados de error local máximo ($E\{\mathcal{E}_{KN}(KN - 1)\}$) en función de la calidad global en términos de PRD ($E\{\mathcal{D}_{KN}(KN - 1)\}$) para los compresores Benzid y Chen, empleando tanto el PRD como el RMSE para controlar la calidad de reconstrucción, con la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa.	66
4.8.	Resultados de compresión ($E\{\mathcal{R}_{KN}(KN - 1)\}$) en función de la calidad global en términos de RMSE ($E\{e_{rms,KN}(KN - 1)\}$) para los métodos Benzid y Chen, empleando tanto el PRD como el RMSE para controlar la calidad de reconstrucción, con la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa.	67
4.9.	Resultados de error local máximo ($E\{\mathcal{E}_{KN}(KN - 1)\}$) en función de la calidad global en términos de RMSE ($E\{e_{rms,KN}(KN - 1)\}$) para los compresores Benzid y Chen, empleando tanto el PRD como el RMSE para controlar la calidad de reconstrucción, con la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa.	68
5.1.	Diagrama de bloques del esquema de procesado de ECG basado en MP que se propone para llevar a cabo compresión y detección QRS conjunta.	77
5.2.	Forma de onda típica del complejo PQRST del ECG.	79
5.3.	Descomposición de un segmento de ECG original de 1024 muestras, que incluye 4 latidos, mediante MP y un diccionario de triángulos.	81
5.4.	Ejemplo de triángulo con su tripleta de parámetros (TL, TC, TR).	82
5.5.	Diagrama de bloques del algoritmo propuesto para compresión y detección QRS conjunta de señal electrocardiográfica mediante descomposición MP.	85
5.6.	Detección QRS en un segmento de ECG de 1024 muestras, que incluye un latido normal, otro anómalo y dos de marcapasos. Las posiciones de los componentes individuales de MP se marcan con círculos.	94
5.7.	Resultados de compresión ($E\{CR\}$) en función de la calidad global en términos de PRD ($E\{PRD\}$), con la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa, para distintos diccionarios, D1 y D2, y tamaños de bloque, $N = 1024$ y $N = 2048$	97

5.8.	Resultados de error local máximo ($E\{MAX\}$) en función de la calidad global en términos de PRD ($E\{PRD\}$), con la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa, para distintos diccionarios, D1 y D2, y tamaños de bloque, $N = 1024$ y $N = 2048$	99
5.9.	Error de compresión para las primeras 4096 muestras de las señales 117 (a) y 119 (b) obtenido con el algoritmo basado en MP usando el diccionario D2 y segmentos de tamaño $N = 2048$	100
5.10.	Resultados de compresión ($E\{CR\}$) en función de la calidad global en términos de RMSE ($E\{RMSE\}$), empleando toda la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database, para diferentes diccionarios, D1 y D2, y longitudes de bloque, $N = 1024$ y $N = 2048$	101
5.11.	Resultados de error local máximo ($E\{MAX\}$) en función de la calidad global en términos de RMSE ($E\{RMSE\}$), empleando toda la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database, para diferentes diccionarios, D1 y D2, y longitudes de bloque, $N = 1024$ y $N = 2048$	101
5.12.	Resultados de detección QRS en términos de sensibilidad y productividad positiva obtenidos mediante el algoritmo propuesto, con la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa, para ambos diccionarios, D1 y D2, y longitudes de segmento, $N = 1024$ y $N = 2048$	105
5.13.	Ejemplo de B-spline de segundo orden obtenida mediante dos convoluciones sucesivas de una señal cuadrada.	110
5.14.	Ejemplo de B-spline de primer orden, que se corresponde con una geometría triangular, obtenida mediante la convolución de una señal cuadrada con ella misma.	112
5.15.	Resultados de reducción de coeficientes ($E\{NSA\}$) en función de la calidad global en términos de PRD ($E\{PRD\}$), con el conjunto reducido de 11 señales de 2 minutos de la MIT-BIH Arrhythmia Database, para los diccionarios de la tabla 5.6, considerando dos tamaños de bloque, $N = 1024$ y $N = 2048$	113
5.16.	Resultados de compresión ($E\{CR\}$) en función de la calidad global en términos de PRD ($E\{PRD\}$), con el conjunto reducido de 11 señales de 2 minutos de la MIT-BIH Arrhythmia Database, para varios diccionarios de triángulos y de tipo B-spline, considerando dos tamaños de bloque, $N = 1024$ y $N = 2048$	116

Lista de tablas

3.1. Ejemplo de codificación Huffman.	38
4.1. Resultados de calidad para la señal 117 completa de la MIT-BIH Arrhythmia Database usando las distintas métricas directas bajo estudio como parámetro objetivo.	58
4.2. Resultados de compresión de la figura 4.8 con desviación estándar.	69
4.3. Resultados de error local de la figura 4.9 con desviación estándar.	69
4.4. Desviación de la calidad final obtenida respecto al valor objetivo fijado <i>a priori</i> relativa a los resultados del segundo experimento del análisis de compresión.	70
5.1. Resultados de compresión y error local máximo en función del PRD para los distintos métodos analizados, correspondientes a la figura 5.7 y la figura 5.8.	100
5.2. Resultados de compresión y error local máximo en función del RMSE para los distintos métodos analizados, correspondientes a la figura 5.10 y la figura 5.11.	102
5.3. Resultados de detección QRS obtenidos mediante el algoritmo propuesto, con la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa, para ambos diccionarios, D1 y D2, y longitudes de segmento, $N = 1024$ y $N = 2048$, que se corresponden con las gráficas de la figura 5.12.	106
5.4. Comparación de resultados de detección QRS obtenidos mediante diferentes métodos con la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa	108
5.5. Resultados de detección QRS obtenidos mediante el algoritmo propuesto, desglosados para todos los registros de la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database.	109
5.6. Características de los diccionarios empleados en los experimentos referentes al uso de átomos de tipo B-spline.	112
5.7. Primeros 10 identificadores unívocos de funciones B-splines usados para representar mitades de átomos.	115

Glosario de abreviaturas y acrónimos

AAMI	<i>Association for the Advancement of Medical Instrumentation</i>
ANSI	<i>American National Standards Institute</i>
ASEC	<i>Analysis by Synthesis ECG Compressor</i>
AZTEC	<i>Amplitude Zone Time Epoch Coding</i>
BIH	Hospital Beth Israel (<i>Beth Israel Hospital</i>)
CD-ROM	Disco compacto de memoria solo de lectura (<i>Compact Disc Read-Only Memory</i>)
CMFB	Banco de filtros coseno modulado (<i>Cosine Modulated Filter Bank</i>)
CORTES	<i>COordinate Reduction Time Encoding System</i>
CR	Tasa de compresión (<i>Compression Ratio</i>)
DCT	Transformada discreta del coseno (<i>Discrete Cosine Transform</i>)
DWT	Transformada <i>wavelet</i> discreta (<i>Discrete Wavelet Transform</i>)
ECG	EleCtrocardioGrama
EMD	<i>Empirical Mode Decomposition</i>
EZW	<i>Embedded Zerotree Wavelet</i>
FFT	Transformada rápida de Fourier (<i>Fast Fourier Transform</i>)
FN	Falso Negativo
FP	Falso Positivo
HMM	Modelo oculto de Markov (<i>Hidden Markov Model</i>)
LP	Predicción lineal (<i>Linear Prediction</i>)

LPWAN	<i>Low-Power Wide-Area Network</i>
LTP	Predicción a largo plazo (<i>Long-Term Prediction</i>)
LVQ	<i>Learning Vector Quantization</i>
MAP	Máximo <i>A Posteriori</i>
MAX	Error máximo de amplitud (<i>MAXimum amplitude error</i>)
MIT	<i>Massachusetts Institute of Technology</i>
MLP	<i>MultiLayer Perceptron</i>
MODB	<i>Multiplication Of Backward Difference</i>
MP	<i>Matching Pursuit</i>
N-PR	Reconstrucción aproximada (<i>Nearly-Perfect Reconstruction</i>)
NSA	Número de muestras por átomo (<i>Number of Samples per Atom</i>)
NRDPWT	Transformada <i>wavelet</i> periódica discreta no recursiva (<i>NonRecursive Discrete Periodic Wavelet Transform</i>)
PCM	Modulación por impulsos codificados (<i>Pulse Code Modulation</i>)
PQRST	Tramo del ECG correspondiente a un latido del corazón
PR	Reconstrucción perfecta (<i>Perfect Reconstruction</i>)
PRD	Error cuadrático medio porcentual (<i>Percentage Root-mean-square Difference</i>)
PRD1	Error cuadrático medio porcentual con media nula
PRDN	Error cuadrático medio porcentual con media nula
QRS	Complejo del ECG que contiene las ondas Q, R y S
RMS	Valor cuadrático medio (<i>Root Mean Square</i>)
RMSE	Error cuadrático medio (<i>Root Mean Square Error</i>)
RLE	<i>Run-Length Encoder</i>
SAPA	<i>Scan-Along Polygonal Approximation</i>
SPIHT	<i>Set Partitioning In Hierarchical Trees</i>
TP	Verdadero positivo (<i>True Positive</i>)
TRE	<i>Two-Role Encoder</i>

TSVD	<i>Truncated Singular Value Decomposition</i>
USDZQ	Cuantificación escalar uniforme con zona muerta (<i>Uniform Scalar Dead Zone Quantization</i>)
WDD	<i>Weighted Diagnostic Distortion</i>
WEDD	<i>Wavelet Energy based Diagnostic Distortion</i>
WiMAX	<i>Worldwide interoperability for Microwave Access</i>
WP	Paquetes <i>wavelet</i> (<i>Wavelet Packets</i>)
WWPRD	<i>Wavelet-based Weighted Percentage Root-mean-square Difference</i>

Capítulo 1

Introducción al trabajo

En este capítulo se introduce el trabajo de investigación realizado. Para ello, primeramente, en la sección 1.1, se exponen las razones que impulsan la necesidad del estudio que se lleva a cabo. Seguidamente, en la sección 1.2 se definen las hipótesis de trabajo. Los distintos objetivos que se proponen alcanzar se enumeran en la sección 1.3 y la metodología seguida para conseguirlos se describe en la sección 1.4. Finalmente, el contenido que incluye cada uno de los siguientes capítulos de la memoria se resume en la sección 1.5.

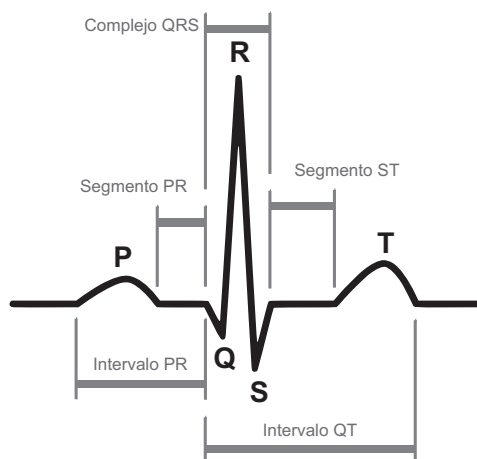
1.1. Motivación del estudio

El electrocardiograma (ECG) es una señal que nos muestra la actividad eléctrica del corazón de una persona, de forma que podemos analizar su funcionamiento y localizar posibles anomalías. Las señales eléctricas que se recogen en el ECG son el resultado de las distintas contracciones y dilataciones que llevan cabo las diferentes cavidades del corazón durante los latidos. De esta forma, el ECG es, en condiciones normales, pseudoperiódico, ya que presenta para cada latido una forma de onda típica, como se muestra en el ejemplo de la figura 1.1(a). Este patrón consiste, de manera secuencial, en una onda P, un complejo QRS y una onda T, tal y como se puede ver en la figura 1.1(b). Las señales de ECG se obtienen de manera sencilla colocando unos electrodos en zonas estratégicas de la superficie del cuerpo del paciente. Se trata de un método barato, sencillo y no invasivo, lo que ha permitido generalizar notablemente su uso. Además los diagnósticos basados en ECG de larga duración son reconocidos como el método más fiable de detección de determinadas patologías del corazón [1].

En 1961, Norman Jefferis Holter [2] introdujo nuevas técnicas para la adquisición continua del ECG en sujetos ambulatorios durante periodos de varias horas. Este procedimiento trajo consigo la aparición de los registros de larga duración, denominados registros Holter, que típicamente abarcan una longitud equivalente a 24 horas. Desde entonces se han convertido en una técnica estándar para la observación de aspectos



(a) Registro de ECG en papel milimetrado.



(b) Ondas y complejos típicos del ECG de un latido.

Figura 1.1 – Ejemplo de señal de ECG e identificación de sus componentes.

transitorios de la actividad eléctrica del corazón. Es precisamente con la introducción práctica de estos registros de larga duración cuando surge la necesidad de mejorar las técnicas de codificación del ECG. El objetivo principal que se plantea es la reducción de la tasa binaria o lo que es lo mismo, de la cantidad de información utilizada para representar las señales electrocardiográficas. Esto se conoce como compresión del ECG y viene motivado por el aumento del volumen de datos. A modo de ejemplo, una única derivación muestreada a 360 Hz con una resolución de 11 bits por muestra a lo largo de un día supone en torno a 320 megabytes de información.

El espacio de almacenamiento de las bases de datos de registros de ECG puede verse desbordado teniendo en cuenta la cantidad de pacientes que se encuentran dentro del grupo de riesgo de sufrir problemas cardíacos y que, por tanto, requieren una monitorización continua. Además, la cantidad de información no sólo aumenta con el número de personas bajo observación sino también con la calidad de las adquisiciones, ya que los dispositivos permiten registrar las señales de ECG cada vez con más resolución. Las limitaciones de almacenamiento se han ido mitigando gracias a los avances tecnológicos en el campo del *hardware*, que han propiciado la disponibilidad de sistemas de alta capacidad a un coste razonable. Sin embargo, al mismo tiempo se ha producido el gran

avance de la telemedicina, de manera que el problema de capacidad se transforma en uno de velocidad a la hora de transmitir el ECG.

La telemedicina se puede definir como el “uso de la telecomunicación avanzada en el cuidado de la salud”, o también como “el soporte telemático para la colaboración a distancia entre profesionales de la salud” [3]. Esta aplicación de las telecomunicaciones requiere, además del habitual almacenamiento de información, el intercambio a distancia de la misma. De esta manera, los registros de larga duración forman el grueso de la información en las bases de datos, pero además surge la necesidad de optimizar los regímenes binarios de transmisión. La transmisión inalámbrica de señales biomédicas, como el ECG, está cobrando cada vez más importancia, apareciendo propuestas basadas en redes de largo alcance como WiMAX (*worldwide interoperability for microwave access*) [4] o la más reciente LPWAN (*low-power wide-area network*) [5]. Estas soluciones permiten el acceso a pacientes o centros de salud situados en regiones de difícil acceso para la instalación de medios cableados de banda ancha, además del consiguiente ahorro económico en lo relativo a la infraestructura de la red. El problema de las comunicaciones inalámbricas es la velocidad, sobre todo en el caso de necesitar transmisiones muy fiables como en las aplicaciones de telemedicina.

De esta forma, la compresión de señales adquiere una notable importancia, ya que supone una solución obvia a las necesidades tanto de almacenamiento como, sobre todo, de transmisión. Actualmente, la telemedicina se está implantando ampliamente en aplicaciones cardiológicas tales como monitorización, bases de datos y diagnóstico. Esto es debido, entre otras razones, al desarrollo que ha experimentado Internet [6, 7, 8, 9], permitiendo así la posibilidad de realizar medidas de forma remota y en tiempo real. En el diagrama de la figura 1.2 se muestra un escenario tipo en el que los registros de ECG adquiridos en un determinado emplazamiento deben ser transmitidos para llevar a cabo un diagnóstico de manera remota. Esta solución de telemedicina, basada en comunicaciones inalámbricas, las cuales en ocasiones solo pueden ofrecer un ancho de ancho limitado, permite solventar determinadas situaciones de inaccesibilidad, adquisición masiva de datos o necesidades en tiempo real, que antes eran claramente limitantes. La utilidad de estos sistemas provoca que se siga investigando en técnicas de compresión de ECG cada vez más eficaces, que adecúen las capacidades tecnológicas de procesamiento de la información a la demanda actual del sector sanitario.

La finalidad de los esquemas de compresión de ECG es reducir en lo posible la cantidad de datos a transmitir, conservando en la señal recuperada la información relevante para el diagnóstico. Con este objetivo, los métodos de compresión sin pérdidas permiten recuperar la señal original sin error, pero proporcionando tasas de compresión reducidas que no siempre permiten solventar los problemas de exceso de datos. Por ello, es habitual plantear la implementación de técnicas de compresión con pérdidas, donde la señal reconstruida difiere de la original, pero los niveles de compresión alcanzados son significativamente mayores. En ambos casos, la tasa de compresión es un parámetro objetivo

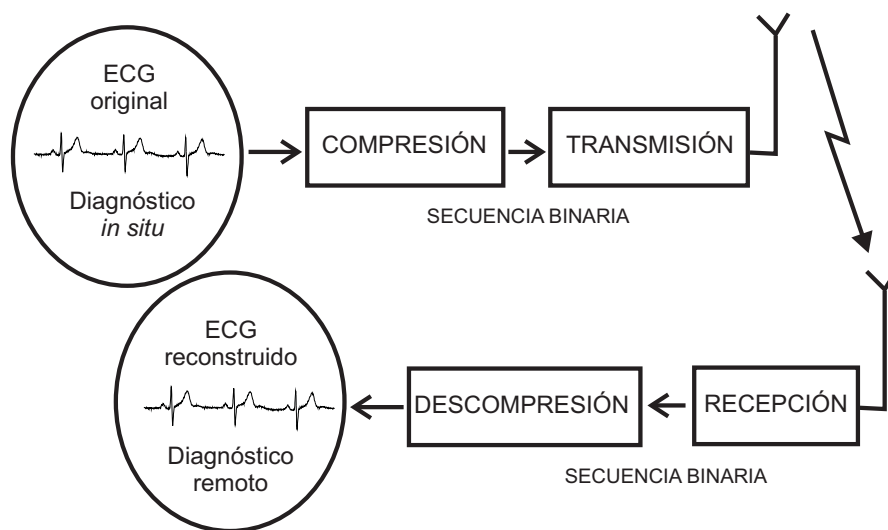


Figura 1.2 – Transmisión de ECG comprimido en el contexto de la telemedicina.

que puede ser fácilmente calculado de forma cuantitativa. En cambio, la compresión con pérdidas requiere la evaluación de la calidad de la señal comprimida con respecto a la original. Esta tarea presenta una gran complejidad ya que incluye el componente subjetivo inherente al diagnóstico, lo que dificulta la especificación criterios objetivos de calidad. Además en la práctica se suelen evitar los análisis de calidad realizados por especialistas clínicos, ya que, aunque son más determinantes de cara al diagnóstico, no son inmediatos e introducen un grado de subjetividad que limita la comparación de resultados. Por ello, desde el punto de vista práctico, se impone la necesidad de emplear métodos de evaluación de calidad automáticos pero a la vez consistentes, que aporten rapidez y repetitividad, facilitando el control permanente de la calidad de reconstrucción durante la compresión del ECG.

La dificultad de esta tarea ha propiciado que la tendencia habitual que se observa en el estado de la técnica sea la de emplear parámetros de medida que comparan la forma general de ambas señales, la original y la recuperada. Existen varias métricas de calidad de este tipo que son comúnmente consideradas en la bibliografía [10]. En estos casos, es importante conocer la relación que existe entre los valores de calidad proporcionados por estas funciones objetivas y la degradación visual que el cardiólogo puede encontrar al inspeccionar la señal comprimida. Además dicha correlación debe ser consistente entre diferentes tipos de registros de ECG, de manera que para un mismo nivel de calidad se esperan degradaciones similares en la forma de onda, independientemente de las características concretas de la señal que se analiza. Estos aspectos, que son básicos para una correcta evaluación de la calidad, se deben tener en cuenta a la hora de seleccionar la métrica que se va a usar para controlar la calidad en un compresor determinado. La falta de este tipo de estudios, que demuestren la validez y consistencia de la calidad de reconstrucción obtenida con los ECG comprimidos, provoca una desconfianza por parte

de la comunidad clínica que dificulta la aplicación práctica de las distintas técnicas propuestas.

El análisis automático del ECG es también un campo de gran interés, ya que, aunque el diagnóstico final es siempre llevado a cabo por un cardiólogo, el procesado digital de los registros adquiridos, sin necesidad de intervención humana, permite avisar de la (posible) presencia de anomalías [1]. En este sentido, una de las tareas más relevantes es la detección de latidos. La identificación automática de complejos QRS no sólo es una técnica muy útil por sí sola, por ejemplo para la evaluación del ritmo cardíaco, sino que también es una etapa básica que posibilita el desarrollo de muchos otros algoritmos más sofisticados. Así, la detección de los complejos QRS permite, por ejemplo, la segmentación y posterior extracción de características individuales de la señal electrocardiográfica para aplicaciones de clasificación [11].

Finalmente, un aspecto que puede parecer secundario, debido a que no está relacionado con la técnica, pero que es de gran importancia para el avance de la telemedicina, es la confianza de los profesionales clínicos en los procedimientos de tratamiento digital del ECG así como su consecuente adopción e incluso involucración en su desarrollo. Por ello, es importante que los métodos para el procesado automático del ECG que son propuestos por la comunidad científica, además de proporcionar buenos resultados, puedan ser comprendidos y aceptados por los cardiólogos como herramientas complementarias que facilitan la labor clínica sin comprometer el diagnóstico.

1.2. Hipótesis de trabajo

Los compresores de ECG han sido objeto de estudio constante durante los últimos años, dando lugar a métodos que ofrecen tasas de compresión muy elevadas. El rendimiento que se obtienen con esquemas típicos y sencillos del estado de la técnica es suficientemente alto como para que los nuevos diseños se centren en objetivos adicionales. La evolución de las tecnologías tanto de almacenamiento como de transmisión hace que no sea tan relevante la obtención de niveles aún mayores de compresión, sino que es puede ser más conveniente orientar las investigaciones a conseguir por ejemplo la aceptación del uso de técnicas de compresión por parte de los especialistas clínicos. Para ello, es necesaria la elaboración de estudios que demuestren con detalle cómo afecta la compresión a la forma de onda de la señal que finalmente se proporciona.

En la mayoría de los casos, el esfuerzo en el desarrollo de nuevas técnicas de compresión de ECG se centra únicamente en reducir la cantidad de información necesaria para representar las señales, sin prestar suficiente atención al control de la calidad de reconstrucción. Para dotar de sentido práctico a la etapa de codificación, la señal comprimida a transmitir en aplicaciones de telemedicina tiene que mantener la misma utilidad médica que la original. En cambio, es habitual ver como los estudios relacionados con métodos de compresión de ECG carecen de un análisis adecuado de la medida de calidad, con lo

que se reduce la credibilidad de los resultados obtenidos, dificultando su implantación en entornos clínicos reales.

El afán de obtener cada vez mejores resultados en aplicaciones de procesado de ECG como la compresión o la detección de latidos deriva en la propuesta de procedimientos cada vez más complejos por parte de la comunidad científica. Por ejemplo, una tendencia muy frecuente a la hora de desarrollar nuevos esquemas de procesado de ECG es aplicar inicialmente algún tipo de transformada a la señal original, con el fin de representarla en un dominio diferente, como el de la frecuencia, donde resalten las características que nos interesan para la aplicación en cuestión. Dichos métodos transformados han dado lugar a soluciones altamente eficientes, como se muestra en el capítulo 2. El problema es que en algunos casos no está claro que la mejora en rendimiento que se consigue con este tipo de técnicas sea suficiente para compensar el incremento de complejidad introducido. Una línea de trabajo alternativa es el desarrollo de métodos más sencillos e intuitivos, por ejemplo basados en el procesado de la señal en el dominio del tiempo. En este caso, el reto consiste en conseguir algoritmos menos complejos y más comprensibles, pero manteniendo unos niveles de eficiencia competitivos. De esta manera, se incentiva el análisis de otros factores importantes a la hora de pensar en la aplicación práctica de los métodos propuestos, como son la reducción de los recursos requeridos y la adopción por parte de la comunidad clínica.

La integración de técnicas tanto de compresión como de procesado básico de ECG, como la detección de complejos QRS, abre también una línea de investigación interesante gracias a sus múltiples ventajas. La realización de dichos procesos sobre la señal de ECG original, en lugar de la reconstruida tras compresión, permite reducir los errores derivados de la pérdida de calidad. La implementación simultánea de varias tareas de manera paralela en vez de secuencial posibilita la disminución del tiempo de ejecución y la optimización de los recursos temporales y computacionales. Dichas mejoras además se potencian si los algoritmos de los diferentes procesos comparten alguna de sus etapas. Asimismo, al evitar la dependencia secuencial entre líneas de procesado, se restringe la propagación de errores entre funciones. Por tanto, la implementación de este tipo de esquemas combinados permite obtener de manera fiable múltiples productos de gran utilidad práctica reduciendo la cantidad de recursos necesarios.

En este contexto, se establecen las siguientes hipótesis de trabajo:

- Las métricas automáticas de calidad son necesarias para conseguir un control práctico de la calidad de reconstrucción en aplicaciones de compresión de ECG en tiempo real, donde no se puede depender de evaluaciones subjetivas. Sin embargo, en los esquemas de compresión propuestos en la bibliografía, no siempre se emplea una figura de mérito adecuada, es decir, que correlacione de manera consistente los valores proporcionados con la semejanza entre la señal original y la recuperada. El problema es que en muchos trabajos simplemente se heredan métricas usadas en estudios anteriores, para poder comparar ambos métodos, o se emplean aquellas

que dan lugar a mayores tasas de compresión, sin que dicha elección se sustente en ningún tipo de análisis ni justificación. Los distintos parámetros vienen lógicamente respaldados por sus correspondientes ecuaciones matemáticas, lo cual debería despejar cualquier atisbo de duda en lo referente a su aplicabilidad e interpretación. Sin embargo, en la práctica, se pueden encontrar casos donde una figura de mérito determinada es utilizada de manera incorrecta, lo cual puede derivar en la obtención de resultados falseados, como se advierte en [12, 13, 14]. Por ello, se echa en falta un análisis explícito y detallado que evalúe las capacidades de las medidas de calidad más comunes, con el fin de que queden claramente expuestas sus ventajas e inconvenientes. Sería de gran utilidad un estudio riguroso que sirva de referencia a la hora de elegir una métrica u otra en el diseño de métodos consistentes para el control de la calidad de reconstrucción en compresión de ECG.

- La descomposición del ECG en sus elementos individuales reduce la complejidad del procesado a la vez que aumenta la exactitud de los resultados, ya que permite centrarse en los componentes concretos que interesan para cada aplicación. Esta técnica puede verse como una etapa base para múltiples métodos de procesado, actuando como núcleo de integración de funciones diferentes. Además, los cardiólogos visualizan y procesan de forma cognitiva las distintos elementos que aparecen a lo largo de los registros de ECG. Este modo de actuación se puede equiparar en el contexto digital con la descomposición del ECG en una composición lineal de elementos temporales y el posterior procesado de dichos componentes. Por tanto, este tipo de propuestas para el tratamiento digital de señales de ECG pueden obtener una mayor aceptación por parte de los especialistas clínicos y potenciar la involucración médica en su desarrollo, prueba e implantación. La técnica de *matching pursuit* parece conveniente para llevar cabo el modelado iterativo de señales biomédicas en el dominio del tiempo, pero hay que buscar un diccionario adecuado, cuyos átomos se correlacionen bien que con los elementos típicos del ECG. En este sentido, las funciones triangulares y las de tipo B-spline parecen buenos candidatos, proporcionando un compromiso adecuado entre sencillez y precisión.
- La estrategia de descomposición del ECG en el dominio del tiempo permite desarrollar técnicas de compresión de ECG, ya que la cantidad de información para representar la señal se reduce con la utilización de los átomos en sustitución de la secuencia original de muestras. Otra aplicación que parece ajustarse a dicha estrategia es la detección de latidos, ya que uno de los elementos más representativos de los registros de ECG y que deben poder obtenerse mediante este tipo de descomposición es la onda R. Tomando estas dos propuestas como referencia, se puede introducir la idea de un algoritmo combinado, basado en el tratamiento de elementos individuales de la señal en el dominio del tiempo, que comprima el ECG a la vez que detecte las posiciones de sus complejos QRS, con el fin de apro-

vechar las ventajas comentadas anteriormente en términos de reducción de errores y optimización de recursos.

1.3. Objetivos propuestos

La finalidad general de este trabajo comprende el estudio teórico y el desarrollo práctico de diferentes técnicas que mejoren la codificación de señal electrocardiográfica para aplicaciones de transmisión, como las relativas a telemedicina. Así, partiendo de la situación expuesta en la sección 1.1 y teniendo en cuenta las hipótesis de trabajo definidas en la sección 1.2, se determinan los siguientes objetivos específicos a alcanzar en este trabajo:

- Establecer mediante un análisis teórico la eficiencia y consistencia de las métricas automáticas de control de la calidad de reconstrucción que son más comunes en la bibliografía referente a compresión de ECG, exponiendo claramente las ventajas e inconvenientes de cada una de ellas.
- Comprobar de manera práctica las conclusiones alcanzadas en el estudio teórico, evaluando tanto en calidad como en compresión distintos compresores correspondientes al estado de la técnica en cuyas etapas de control de calidad se incorporan las métricas bajo estudio.
- Desarrollar un esquema combinado de procesado de ECG basado en la descomposición de la señal en el dominio del tiempo que permita implementar de manera simultánea dos tareas de interés práctico como son la compresión y la detección de complejos QRS.
- Evaluar el rendimiento del esquema conjunto de compresión de ECG y detección de latidos propuesto, tanto en términos absolutos como relativos, comparando los resultados obtenidos con los proporcionados por métodos del estado de la técnica que implementan esas mismas tareas.

1.4. Metodología

En este trabajo, para alcanzar los objetivos propuestos en la sección 1.3, se lleva a cabo una metodología basada en dos líneas de trabajo bien diferenciadas, como se muestra en la figura 1.3. La primera de ellas consiste en un estudio exhaustivo de las métricas directas que se usan más comúnmente para evaluar automáticamente la calidad de reconstrucción en aplicaciones de compresión de ECG. Con este estudio se pretenden alcanzar los dos primeros objetivos marcados en la sección 1.3. Por otra parte, la segunda línea de investigación comprende el desarrollo de un esquema conjunto de compresión y

detección QRS para señales de ECG basado en la técnica de descomposición de la señal en el dominio del tiempo. Este segundo estudio se realiza para lograr los dos últimos propósitos expuestos en la sección 1.3.

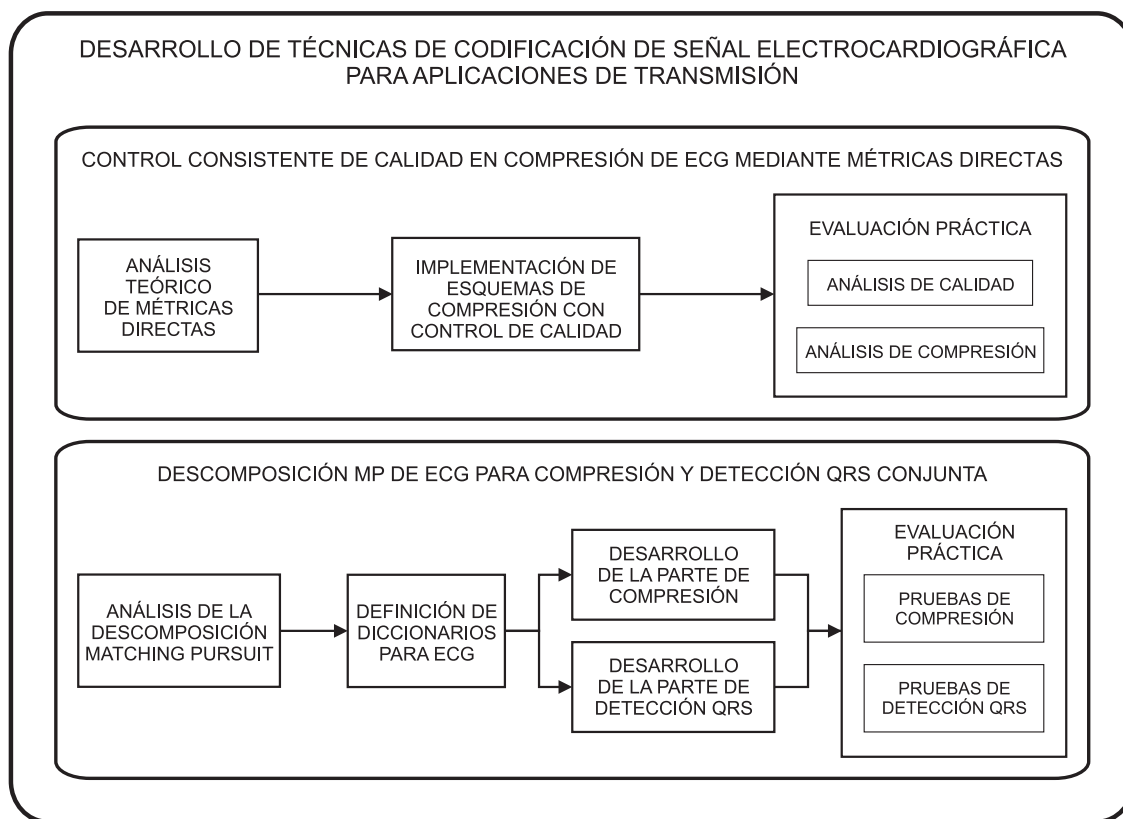


Figura 1.3 – Diagrama de bloques que resume la metodología de trabajo.

Para llevar a cabo el estudio sobre las métricas automáticas de evaluación de la calidad de reconstrucción de ECG comprimidos, se comienza con un análisis teórico de las figuras de mérito de este tipo que se emplean habitualmente en la bibliografía. De esta forma, se establecen, desde el punto de vista matemático, las ventajas e inconvenientes que ofrece cada una de ellas para el control de calidad en esquemas de compresión de ECG. La finalidad es analizar si los valores objetivos proporcionados por los distintos parámetros que se analizan se correlacionan adecuadamente con la semejanza existente entre las señales originales y las comprimidas, en términos de distorsión de la forma de onda, para diferentes niveles de calidad. Este estudio teórico viene acompañado de una serie de pruebas preliminares, con registros de ECG aislados, que sirven para ejemplificar las distintas conclusiones teóricas extraídas.

Las métricas que se demuestran más adecuadas, en términos de fiabilidad y consistencia, son incorporadas a la etapa de control de calidad de distintos compresores de ECG del estado del arte basados en la técnica de umbralización de coeficientes. Dichos esquemas son sometidos a dos análisis diferentes, con el fin de analizar los efectos de las

distintas métricas tanto en la calidad de reconstrucción obtenida como en las tasas de compresión que se consiguen. Para ambos casos, se emplea una base de datos completa que incluye una gran variedad de registros de ECG de larga duración. De esta forma, se garantiza la representatividad de los resultados obtenidos, pudiendo ser generalizados para otros métodos de compresión de ECG que empleen un procedimiento similar para el control de la calidad de reconstrucción.

En el primer análisis práctico, que se centra en estudiar la calidad de la señal reconstruida sin entrar a evaluar los resultados de compresión, la finalidad es comprobar si las distintas métricas que se examinan controlan convenientemente la calidad, teniendo en cuenta que se fija un valor objetivo *a priori* que debe preservarse. Además, estas pruebas sirven para corroborar de manera práctica y generalizada, ya que se usan varios compresores y un amplio conjunto de señales, las conclusiones obtenidas de manera teórica referentes a la correlación entre métrica y semejanza entre señales. El segundo análisis consiste en comprobar si la utilización de una u otra figura de mérito para controlar la calidad de reconstrucción tiene algún tipo de influencia en las capacidades de compresión de los distintos métodos empleados. Para ello, se comparan los resultados de compresión obtenidos con las distintas métricas estudiadas y considerando varios niveles de calidad.

Por otro lado, en lo referente a la segunda línea de trabajo, que abarca la definición e implementación práctica de un procedimiento conjunto de compresión de ECG y detección de latidos, se introduce primeramente la técnica de *matching pursuit* para una descomposición adecuada de las señales de ECG en el dominio del tiempo. De esta manera, se pretende introducir una nueva estrategia de codificación de ECG que sea de fácil comprensión y, consecuentemente, aceptación por parte de la comunidad clínica. Para ello, se describe de manera rigurosa el algoritmo de *matching pursuit* y se muestra como es capaz de obtener las diferentes ondas típicas que forman el ECG de manera iterativa, de mayor a menor orden de importancia. Además, se analizan y seleccionan las funciones más adecuadas para la generación de los átomos del diccionario de descomposición, partiendo de la propuesta de geometrías triangulares y de tipo B-spline. El objetivo es que los componentes del diccionario se correspondan de manera adecuada con los elementos habituales que forman parte de los registros de ECG.

Seguidamente, se estudia la incorporación de la técnica de descomposición *matching pursuit* en esquemas de procesado de ECG. Con este propósito, se buscan aplicaciones donde sea conveniente la representación del ECG a través de sus principales componentes en el dominio del tiempo, facilitando su desempeño y la obtención de buenos resultados. Este ejercicio de análisis permite concluir que dos actividades que se adaptan de manera intuitiva a este tipo de descomposición del ECG, y que además son de gran utilidad práctica, son la compresión y la detección QRS. Por tanto, se diseña un nuevo método de compresión, basado en la idea de que el modelado de la señal de ECG mediante un conjunto de átomos permite reducir la cantidad de datos necesarios para su representación. Además, se aprovechan los elementos de *matching pursuit* que se

generan para la función de compresión para complementar el compresor de ECG con la capacidad adicional de detectar los latidos de la señal de entrada, ya que las ondas R se pueden extraer en las primeras iteraciones de descomposición. De esta forma, se obtiene un esquema final que proporciona de manera conjunta el ECG comprimido y las posiciones de sus complejos QRS.

El esquema final que combina la compresión de ECG con la detección QRS se prueba inicialmente con una base de datos reducida, con el fin de analizar el comportamiento de los diferentes diccionarios propuestos y seleccionar aquellos que proporcionan un mejor rendimiento. Estos diccionarios se emplean en los experimentos finales, que se llevan a cabo usando una base de datos completa, de manera que se extraigan conclusiones representativas de sus capacidades. Los resultados obtenidos tanto en compresión como en detección de latidos se evalúan de manera absoluta pero también relativa, ya que se comparan con los ofrecidos por distintos métodos del estado de la técnica. De esta manera, se analizan los niveles de eficiencia alcanzados con el algoritmo propuesto, a la vez que se determinan sus ventajas e inconvenientes prácticos.

1.5. Contenido de la memoria

El contenido presentado en los siguientes capítulos se resume a continuación:

- En el capítulo 2 se ofrece una introducción a la teoría de adquisición y composición de la señal electrocardiográfica, además de sendas revisiones del estado de la técnica referentes a los campos de compresión de ECG y de detección QRS.
- Los distintos parámetros empleados para la evaluación de calidad, compresión y detección QRS, así como las técnicas de procesado del estado de la técnica y la base de datos de señales de ECG utilizados en el trabajo, se definen en el capítulo 3.
- En el capítulo 4 se presenta el estudio realizado para obtener una estrategia consistente destinada a controlar la calidad de reconstrucción en compresión de ECG mediante métricas directas.
- La aplicación de la descomposición *matching pursuit* en el dominio del tiempo con señales de ECG para la implementación de un algoritmo de compresión y detección QRS conjunta se propone y desarrolla en el capítulo 5.
- En el capítulo 6 se exponen las conclusiones del trabajo, junto con las contribuciones científicas llevadas a cabo y las futuras líneas de trabajo propuestas.

Capítulo 2

Revisión del estado de la técnica

En este capítulo se realiza, en primer lugar, en la sección 2.1, una introducción al electrocardiograma, incluyendo las nociones básicas sobre su adquisición y los componentes que lo forman. A continuación, en la sección 2.2, se resume el estado de la técnica en el campo de la compresión de señal electrocardiográfica. Por último, el estado del arte en el área correspondiente a la detección de complejos QRS se repasa en la sección 2.3.

2.1. Introducción al electrocardiograma: adquisición y componentes

El registro del electrocardiograma data de principios del siglo XX, siendo Willem Einthoven (1860–1927) quien estableció las bases de lo que hoy conocemos como ECG, tras desarrollar un instrumento que capturaba la señal electrocardiográfica de manera similar a la actual [1]. A pesar de su antigüedad, en la actualidad el ECG tiene gran importancia debido a que posee una capacidad diagnóstica muy elevada, ya que las variaciones de voltaje que se recogen en la señal guardan relación directa con el proceso fisiológico que se produce en el corazón. Además, el ECG se registra fácilmente mediante unos electrodos que se colocan en la superficie de la piel, por lo que no implica riesgo alguno para el paciente al no tener que realizarse ninguna intervención invasiva. Por su utilidad y facilidad de adquisición, el ECG es una de las señales biomédicas cuyo estudio suscita más interés entre la comunidad tanto clínica como científica, con el fin de buscar nuevas aplicaciones que permitan mejorar la diagnosis de enfermedades cardíacas.

Los impulsos eléctricos generados por el músculo cardíaco, denominado miocardio, son los que estimulan la contracción del corazón [15]. Esta señal eléctrica se origina en el nodo sinusal, que se encuentra situado en la aurícula derecha, concretamente en el punto donde desemboca la vena cava superior. El nodo sinusal determina, por tanto, la puesta en marcha del proceso de activación cardíaco. Este nodo puede ser considerado como el marcapasos natural del corazón, ya que se activa automáticamente generando impulsos eléctricos a una velocidad determinada, marcando así la frecuencia cardíaca.

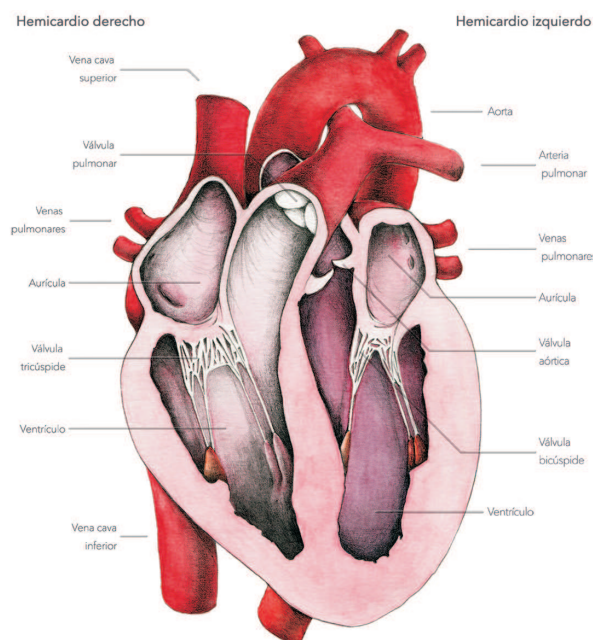


Figura 2.1 – Anatomía del corazón que muestra los componentes de ambos hemicardios (Laura Macías Álvarez vía <https://commons.wikimedia.org>).

La activación eléctrica del corazón consta de dos fases, denominadas despolarización y repolarización, que se producen en ese orden, induciendo la contracción y relajación del miocardio, respectivamente. La activación cardíaca se produce desde las cavidades superiores, denominadas aurículas (ver figura 2.1), hasta las inferiores, llamadas ventrículos. El proceso completo comienza por tanto con la despolarización auricular, que provoca la sístole auricular, es decir, la contracción de las aurículas para que la sangre entre en las cavidades ventriculares. Seguidamente se produce la despolarización ventricular (al mismo tiempo que la repolarización auricular), que da lugar a la sístole ventricular, mediante la cual se bombea la sangre hacia el resto del cuerpo. Finalmente se lleva a cabo la repolarización ventricular, que origina la diástole o fase de llenado de las aurículas. El proceso completo se lleva a cabo al mismo tiempo en ambos hemicardios, sin que la sangre circulante por cada mitad del corazón se mezcle, tal y como se muestra en la figura 2.2. Así, el lado izquierdo regula el flujo de sangre oxigenada desde los pulmones hacia los órganos, mientras que el lado derecho bombea la sangre usada procedente del cuerpo a los pulmones para su oxigenación.

Las contribuciones de las múltiples activaciones eléctricas que se producen en el corazón dan lugar a una señal global en el cuerpo humano, que es lo que se reproduce en el ECG. Para adquirirla se emplean electrodos, que pueden ser colocados en distintas partes del cuerpo, dando lugar a las diferentes derivaciones del ECG [16]. Existen 12 derivaciones típicas divididas en tres grupos: 3 bipolares, 3 unipolares y 6 precordiales. Para obtener todas estas derivaciones hacen falta hasta 10 electrodos situados en posiciones diferentes del cuerpo, tal y como se representa en la figura 2.3.

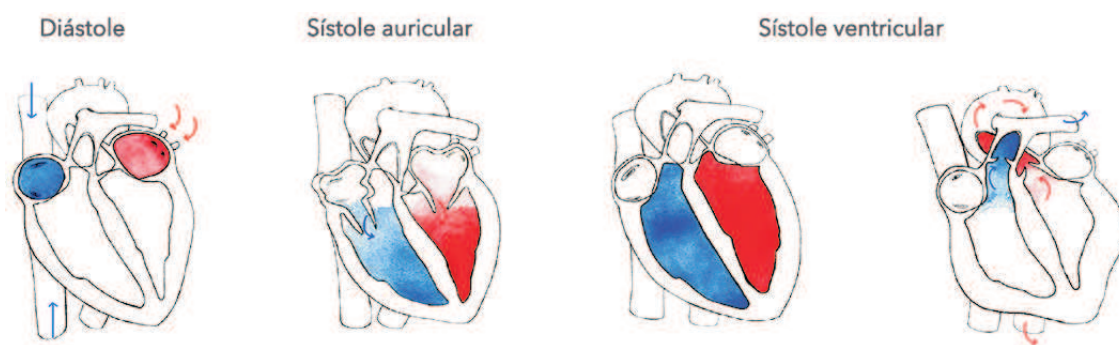


Figura 2.2 – Recorrido de la sangre en el corazón durante el ciclo cardíaco (Laura Macías Álvarez vía <https://commons.wikimedia.org>).

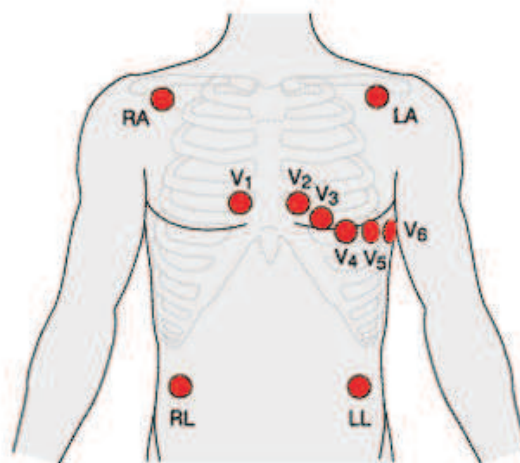


Figura 2.3 – Posiciones de los 10 electrodos necesarios para obtener las 12 derivaciones básicas del ECG (vía <http://www.wikilectures.eu>).

La señal de ECG presenta un patrón repetitivo, asociado al ciclo cardíaco descrito anteriormente, conformado por una serie de componentes bien diferenciados. En la figura 2.4 se puede observar la forma de onda típica que presenta la señal electrocardiográfica para un latido del corazón, con los diferentes segmentos y ondas que lo componen, que se denotan mediante las letras P, Q, R, S, T. La onda P refleja la despolarización auricular y el complejo QRS se corresponde con la despolarización ventricular. Tras la onda P, hay un segmento plano denominado línea de base o isopotencial, y corresponde a la situación en la que el corazón está en reposo. Este periodo de inactividad cardíaca es necesario, ya que está relacionado con el retardo requerido para que la sangre fluya desde las aurículas hasta los ventrículos. La repolarización ventricular coincide con la onda T, mientras que la repolarización auricular no queda reflejada en el ECG puesto que coincide en el tiempo con el complejo QRS, quedando enmascarada por éste último al tener mucha más amplitud.

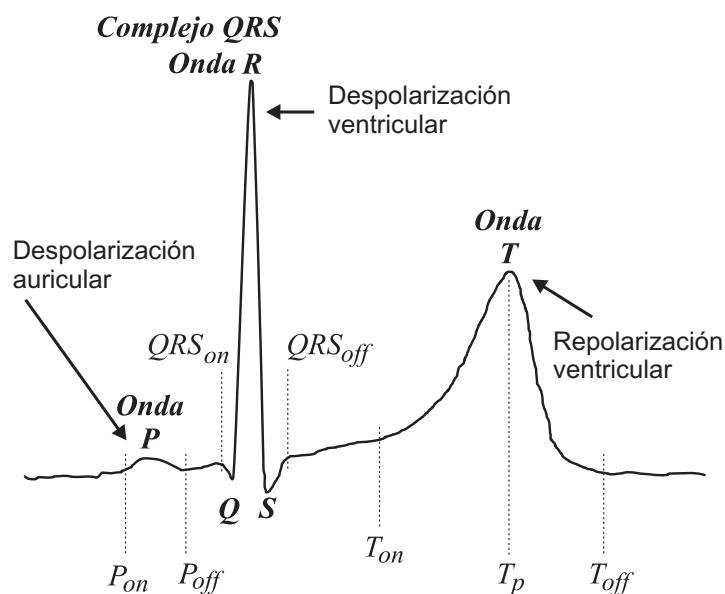


Figura 2.4 – Complejo PQRST del ECG y asociación de las fases eléctricas del ciclo cardíaco con las ondas que lo componen.

Las características específicas de las distintas ondas de una señal de ECG, en términos de amplitud, duración, separación, etc., son evaluadas visualmente por los especialistas clínicos para llevar a cabo tareas de diagnóstico. La gran utilidad que presenta el ECG para el análisis clínico, así como su facilidad de adquisición, dan lugar a la necesidad de optimizar tanto su almacenamiento como, sobre todo, su transmisión. El objetivo es conseguir que las limitaciones técnicas referentes a espacio de almacenamiento y ancho de banda del enlace de comunicaciones no sean obstáculo para que el cardiólogo pueda utilizar los registros electrocardiográficos para llevar a cabo el diagnóstico, ya sea *in-situ* o, sobre todo, de manera remota. La compresión de ECG aparece como solución a esta problemática, ya que permite disminuir la cantidad de datos que se necesitan para transmitir la información que proporciona la señal electrocardiográfica obtenida originalmente. De esta forma, se puede almacenar o transmitir una mayor cantidad de registros de ECG con los recursos disponibles.

El ECG pone a disposición de la comunidad clínica una gran cantidad de información referente a la actividad del corazón a través de las propiedades que representan sus distintos componentes así como de las relaciones entre ellos. Por este motivo, surge también la necesidad de dar soporte a los especialistas clínicos en la extracción de la información relevante, para que la puedan utilizar en sus labores de diagnóstico. El objetivo es facilitar el trabajo a los cardiólogos, poniendo a su disposición información adicional que acompañe a la señal de ECG original y que puedan emplear como referencia durante su estudio. De aquí surge el desarrollo de métodos de tratamiento digital del ECG que tienen como finalidad extraer automáticamente diferentes tipos de parámetros y medidas útiles para la evaluación médica. De entre los procedimientos de procesado de

ECG, una de las tareas de mayor relevancia es la detección QRS, ya que permite obtener directamente parámetros de interés clínico como la frecuencia cardíaca del paciente, pero además facilita la segmentación de los latidos para su posterior análisis o tratamiento individualizado. De esta forma, tanto la compresión ECG como la detección automática de complejos QRS son dos actividades de gran importancia, que han sido objeto de numerosos estudios por parte de la comunidad científica desde la generalización de la adquisición de registros digitales de ECG.

2.2. Estado de la técnica en compresión de ECG

El objetivo de la compresión de ECG es conseguir la máxima tasa de compresión posible conservando en la señal recuperada la información relevante para el diagnóstico. Para alcanzar este fin, se han desarrollado numerosas estrategias en las que se intenta aprovechar las propiedades inherentes del ECG para reducir la cantidad de datos necesarios para su representación. Es importante realizar una clasificación que agrupe a las diferentes técnicas de compresión de ECG propuestas por la comunidad científica, con la finalidad de obtener una visión global de las posibles soluciones que se pueden dar a esta cuestión.

Una primera clasificación divide todos los esquemas de compresión en dos grupos, los que son capaces de reconstruir la señal original de forma exacta y los que lo hacen de manera aproximada. De esta forma se distingue entre los compresores sin pérdidas y con pérdidas, respectivamente. Con los métodos sin pérdidas no se consiguen valores de compresión elevados, incluso con las propuestas más actuales, debido al estricto requisito de mantener toda la información original de la señal, incluso aquella que es prescindible para el diagnóstico [17, 18, 19, 20, 21, 22]. Por ello, la mayor parte de las técnicas de compresión propuestas pertenecen al segundo grupo. En ellas se procura desechar la información que no es especialmente significativa para aplicaciones clínicas, con el fin de incrementar la tasa de compresión. A partir de ahora, en este trabajo, nos referiremos únicamente a los métodos de compresión sin pérdidas, que son los propuestos habitualmente por la comunidad científica.

La clasificación de compresores de ECG con pérdidas que tiene una mayor aceptación es la presentada en [23]. En ella se proponen tres categorías que abarcan todas las técnicas existentes en la época: métodos de compresión directos, transformados y de extracción de parámetros. Con el desarrollo de nuevos algoritmos aparecen métodos que no encajan en ninguna de ellas, por lo que en [24] se propone una nueva clasificación que mantiene los dos primeros grupos de [23] y sustituye el tercero por uno más general denominado “métodos con preprocesado” y que incluye todas las técnicas que realizan un tratamiento de la señal previo a la codificación que no se corresponde con ningún tipo de transformada. A continuación se ofrece un resumen de los distintos grupos, con las principales características y los ejemplos más significativos de cada uno de ellos:

- **Métodos de compresión directos:** las muestras de la señal de ECG se codifican directamente, aprovechando la redundancia que existe entre ellas. Varios procedimientos de este tipo han sido desarrollados de forma específica para la compresión de ECG como AZTEC (*amplitude zone epoch coding*), Fan, SAPA (*scan-along polygonal approximation*), Turning-point y CORTES (*coordinate reduction time encoding system*). Un resumen explicativo y comparativo de todas estas técnicas puede encontrarse en [23]. Este tipo de esquemas permitieron obtener buenos resultados de compresión en el pasado, cuando los recursos computacionales eran muy limitados. Posteriormente se ha seguido trabajando en la compresión directa, prueba de ello es el esquema de codificación en el dominio del tiempo, basado en interpolación lineal, propuesto en [25], pero de manera esporádica. Así, en los últimos años la mayoría de los nuevos desarrollos pertenecen a los otros dos grupos, ya que permiten alcanzar mayores tasas de compresión.

- **Métodos transformados:** se aplica una transformación a la señal de ECG con el objetivo de reducir la correlación entre muestras y facilitar la extracción de la información relevante. Así, los métodos que se incluyen en esta categoría actúan posteriormente sobre los nuevos coeficientes obtenidos con la transformación para llevar a cabo la codificación. Dentro de este grupo, las técnicas basadas en la transformada *wavelet* discreta (DWT: *discrete wavelet transform*) juegan un papel importante gracias a su fácil implementación y su eficiencia. En [26, 27] se aplica la estrategia de asignación de bits (*bit allocation*) a los resultados de la DWT, mientras que en [28] los coeficientes transformados son sometidos a un algoritmo basado en la técnica de predicción lineal (LP: *linear prediction*). Además, los algoritmos EZW (*embedded zerotree wavelet*) [29] y SPIHT (*set partitioning in hierarchical trees*) [30], basados en la DWT y que ofrecen buenos resultados en codificación de imágenes, son aplicados a registros de ECG. Por su parte, en [31] se propone un compresor basado en el método SPIHT, cuyo objetivo principal es mantener la calidad de la señal reconstruida lo más cercana posible a un valor predeterminado. La umbralización de los coeficientes obtenidos con la DWT ha sido utilizada con buenos resultados en [32, 33, 34, 35, 36, 37]. Recientemente, la DWT periódica no recursiva (NRDPWT: *nonrecursive discrete periodic wavelet transform*) ha sido propuesta para la implementación de nuevos esquemas de compresión de ECG [38, 39, 14]. Los paquetes *wavelet* (WP: *wavelet packets*) son también un tipo de transformada propicia para compresión, siendo incorporados en múltiples desarrollos [40, 41, 42]. Otra técnica que ha sido investigada para aplicaciones de compresión de señal electrocardiográfica es la transformada discreta del coseno (DCT: *discrete cosine transform*) [43].

- **Métodos con preprocesado:** la señal de ECG es preprocesada con el objetivo de presentar los datos de una manera más adecuada para la compresión. En este

grupo se incluyen tanto las técnicas de extracción paramétrica como las de codificación subbanda. En las primeras se extraen de la señal características relevantes que puedan utilizarse posteriormente para reconstruir el registro original. Por su parte, en las segundas se utilizan bancos de filtros para descomponer la señal original en subbandas que son codificadas individualmente [44, 45, 46]. De entre los métodos de extracción paramétrica destacan los basados en la substracción del complejo PQRST, es decir, de los latidos completos. Este procedimiento fue propuesto por primera vez en [47], pero donde ha ofrecido un mejor rendimiento es en el método ASEC (*Analysis by Synthesis ECG Compressor*) [48]. Además, se puede utilizar junto con otras técnicas como son las redes neuronales [49] o la descomposición en valores singulares y posterior truncado (TSVD: *Truncated Singular Value Decomposition*) [50]. Otros métodos son los que emplean la predicción a largo plazo (LTP: *long-term prediction*) [51] o la distancia de edición *edit distance* [52]. Recientemente, se han desarrollado algoritmos donde los parámetros a codificar se extraen a través del modelado del ECG con funciones específicas como las de Lorentz [53] o las triangulares [54]. En cuanto a la codificación subbanda, cabe mencionar la novedosa técnica de los bancos de filtros coseno modulado (CMFB: *cosine modulated filter bank*), que ofrece buenos resultados en [24, 55, 56].

2.3. Estado de la técnica en detección QRS

La detección de complejos QRS se incluye con frecuencia en esquemas de procesado de señal electrocardiográfica, no sólo por su utilidad inmediata para la determinación del pulso cardíaco, sino también por su aplicación como método auxiliar en algoritmos más elaborados que se basan en la segmentación de latidos. Se debe tener en cuenta que el detector QRS tiene que ser capaz de identificar un amplio abanico de morfologías diferentes de latido y de afrontar adecuadamente cambios, ya sean repentinos o graduales, correspondientes tanto a la forma de onda como a la frecuencia de aparición de los complejos QRS [1].

Con este objetivo, múltiples métodos de detección QRS, cuya complejidad ha ido en aumento a medida que los avances tecnológicos han permitido la implementación de algoritmos más sofisticados y computacionalmente exigentes, han sido desarrollados. Las técnicas de detección QRS se dividen generalmente en dos partes, el preprocesado del registro de ECG, para enfatizar la presencia de los latidos, y la identificación de los complejos QRS sobre la señal procesada [57, 58]. De esta forma, los distintos esquemas de detección QRS se pueden clasificar según el tipo de etapa de preprocesado que emplean. En este estudio se propone seguir la clasificación expuesta en [57], donde se incluyen todas las clases presentadas en [58] pero de manera más compacta. Así, distinguimos tres grupos principales, que son los basados en: derivadas de señal y filtros digitales, transformada *wavelet* y detección de singularidades, y redes neuronales.

Además, se añade una cuarta categoría, que hace de cajón de sastre, donde se recogen otro tipo de aproximaciones. Seguidamente se presenta un resumen de cada uno de los grupos, donde se describen brevemente las metodologías y se enumeran los ejemplos más representativos.

- **Métodos basados en derivadas de señal y filtros digitales:** los componentes frecuenciales típicos del complejo QRS se encuentran entre los 10 Hz y los 25 Hz. Así, este tipo de técnicas aplica filtros sobre el registro de ECG original, con el fin de enfatizar dichos elementos sobre el resto de frecuencias, de manera que sea más fácil identificarlos. Posteriormente, la detección de latidos se lleva a cabo aplicando umbrales fijos o adaptativos sobre la señal filtrada. Para finalizar se puede implementar una serie de reglas de decisión adicionales con el objetivo de eliminar falsos positivos. Los primeros algoritmos de esta clase empleaban sólo la primera derivada de la señal, con el fin de aplicar un filtrado paso alto a la señal original [59, 60, 61]. La primera derivada sirve también para construir filtros digitales más elaborados, como en [62], donde se combinan en paralelo dos filtros paso bajo con distintas frecuencias de corte para llevar a cabo un filtrado paso banda. Más adelante aparecen algoritmos que incluyen filtros digitales más sofisticados para el preprocesado de la señal electrocardiográfica. De esta manera, se propone la técnica MODB (*multiplication of backward difference*), que consiste en acumular los resultados de las derivadas anteriores del mismo signo para obtener el valor actual [63]. Por otra parte, en el método de Pan y Tompkins [64], que sigue usándose actualmente como referencia, se demuestra la eficiencia de aplicar un filtro paso banda y luego integrar la señal obtenida tras elevar al cuadrado la derivada. Usando esta estrategia, también se ha estudiado la incorporación de reglas de decisión que depuren las detecciones inicialmente obtenidas [65]. Cabe destacar que el algoritmo de Pan y Tompkins sigue sirviendo de base para el desarrollo de nuevas técnicas de detección QRS [66, 67].
- **Métodos basados en transformada *wavelet* y detección de singularidades:** la transformada *wavelet* permite descomponer el electrocardiograma en sus componentes frecuenciales y emplearlos para detectar los complejos QRS. De esta forma, la idea base es similar a la usada con los métodos del primer grupo, es decir, aprovechar que las onda típicas del latido se encuentran típicamente dentro de un rango de frecuencias determinado. La diferencia es que en este caso el análisis se lleva a cabo en el dominio de la frecuencia en vez de hacerlo en el dominio del tiempo. Para este objetivo, la técnica de detección de singularidades propuesta por Mallat y Hwang [68], que se basa en el procesado de lo máximos locales de los coeficientes *wavelet*, es comúnmente empleada. Dicho procedimiento fue utilizado por primera vez para detectar complejos QRS en [69], usando la condición de regularidad local de Lipschitz, y más tarde se propusieron algoritmos menos complejos siguiendo la

misma estrategia [70, 71]. En otros casos, los puntos característicos que identifican los latidos se obtienen mediante umbralización directa de los coeficientes [72, 73] o utilizando técnicas basadas en cruces por cero [74, 75]. En ocasiones, la transformada *wavelet* es usada únicamente como una técnica auxiliar para eliminar del registro de ECG original tanto el ruido de alta frecuencia como las variaciones de la línea de base (*baseline wander*), que se corresponde con frecuencias muy bajas, para poder trabajar posteriormente con una señal más limpia [76]. Por último, los bancos de filtro también son aplicados de manera similar a la transformada *wavelet* en esquemas de detección QRS con buenos resultados [77, 78, 79].

- **Métodos basados en redes neuronales:** las redes neuronales han sido ampliamente usadas para la detección de patrones en señales [80], como es el caso de la detección de complejos QRS. Así, las muestras de la señal electrocardiográfica se usan como coeficientes de entrada de una determinada configuración de red neuronal con el fin de obtener una función de salida que identifique las posiciones de los latidos. En la práctica, la estrategia más común consiste en usar la red neuronal como predictor adaptativo no lineal, ya que los complejos QRS generan un error mayor de predicción y así pueden ser localizados. Con este propósito, se aplican redes neuronales del tipo MLP (*multilayer perceptron*) de tres capas [81], que pueden ser mejoradas reduciendo el ruido residual con filtros adaptados (*matched filter*) [82] o mediante un entrenamiento exhaustivo, ya sea con muestras seleccionadas [83] o usando algoritmos genéticos [84]. Una alternativa a su uso como predictor de señal, consiste en emplear las redes neuronales directamente como clasificador de segmentos ECG para determinar si se corresponden con un complejo QRS o no. Esta técnica se implementa en [85] por medio de una red neuronal de tipo LVQ (*learning vector quantization*) de dos capas.
- **Otros métodos:** la detección de complejos QRS es una tarea conceptualmente sencilla pero a la vez de gran utilidad, lo que hace que se propongan numerosas técnicas alternativas para su implementación. En este sentido, una opción presentada es la aplicación de filtros adaptativos para la detección QRS a partir del error de predicción [86, 87]. Otra posible solución es el uso de modelos ocultos de Markov (HMM: *hidden Markov model*), empleando la onda P, el complejo QRS y la onda T como estados de la cadena [88, 89]. También se ha investigado la obtención de parámetros característicos de los complejos QRS implementando operaciones morfológicas sobre la señal de ECG [90, 91, 92]. Aparte de ser empleados junto a redes neuronales, los filtros adaptados también son la base de otros esquemas de detección de latidos [93, 94]. Los algoritmos genéticos conforman otra propuesta para el diseño de detectores QRS, tanto lineales como no lineales [95]. Además de las *wavelet* y los bancos de filtro, la incorporación de otro tipo de transformadas como la de Hilbert [96, 97], la EMD (*empirical mode decomposition* [98, 99] o la

novedosa transformada S [100] facilitan la identificación de complejos QRS. Asimismo, en otros trabajos la detección QRS se lleva a cabo a través de estimadores MAP (máximo *a posteriori*) [101, 102], mediante la cuenta de los cruces por cero del ECG [103] o analizando de manera local la entropía de la señal [76]. Finalmente, se pueden encontrar en la bibliografía diferentes ejemplos de los llamados métodos sintácticos, que se basan en el modelado de la señal electrocardiográfica mediante diccionarios, con el fin de seleccionar los patrones que se corresponden con latidos [104, 105].

Capítulo 3

Medidas, métodos y materiales

En este capítulo se describen las figuras de mérito más comúnmente utilizadas en la bibliografía para la evaluación de técnicas de codificación de señal electrocardiográfica, en lo referente a la calidad de reconstrucción (sección 3.1), la capacidad de compresión (sección 3.2) y la eficiencia en detección de latidos (sección 3.3). Además, en la sección 3.4, se detallan los métodos de procesado de ECG utilizados en este trabajo que ya estaban disponibles en el estado del técnica. Finalmente, la base de datos de registros de ECG que se emplea en los experimentos prácticos de este estudio se presenta en la sección 3.5.

3.1. Medidas de calidad

En el ámbito del tratamiento digital de ECG, es frecuente tener que analizar la calidad de la señal obtenida tras el procesado en comparación con la original. Esta evaluación es, de hecho, primordial para la validación de métodos de compresión de ECG, donde la señal reconstruida debe conservar la información original que se considera relevante para el diagnóstico. Por tanto, es necesario algún criterio que asegure que con la señal recuperada tras la compresión se está en condiciones de proporcionar la misma valoración clínica que con la original. La manera más adecuada de hacer esto es involucrando a especialistas clínicos para que comparen de manera cognitiva la utilidad de cara al diagnóstico de la señal comprimida con respecto a la original, pero se trata de un procedimiento tedioso y a veces inaccesible para el investigador. Partiendo de dicha estrategia subjetiva, basada en percepción visual, se deduce que una técnica objetiva equivalente debe basarse en que la forma de onda de la señal reconstruida tras la compresión no puede diferir demasiado con respecto a la original.

Para llevar a cabo este análisis objetivo de semejanza se utilizan parámetros y métodos matemáticos que evalúan el grado de similitud entre ambas señales. Estas métricas, que proporcionan una medida de calidad automática y objetiva, se pueden dividir en dos clases según su forma de aplicación a la señal electrocardiográfica: directas e indirectas.

Las métricas directas se calculan de manera inmediata a partir de las muestras de la señal de ECG, sin la necesidad de obtener ningún parámetro auxiliar. Por esta razón, entre las métricas directas encontramos las medidas de similitud más convencionales, que se suelen emplear de manera general con cualquier tipo de señal, como el error absoluto medio, la correlación cruzada, el error cuadrático medio o la relación señal a ruido. Por otra parte, el cálculo de las métricas indirectas requiere procedimientos más elaborados, que incluyen la obtención de productos intermedios relacionados con características específicas del tipo de señal que se examina.

En el caso del ECG, los parámetros adicionales empleados por las métricas indirectas pueden ser características de los elementos de la señal en el dominio del tiempo, como la duración, forma o amplitud de las ondas típicas de los complejos PQRST. Esta estrategia se sigue para la definición de medidas como la *weighted diagnostic distortion* (WDD) [10]. En otras ocasiones, son los componentes frecuenciales en el dominio *wavelet* los utilizados para el cálculo de métricas indirectas como la *wavelet-based weighted percentage root-mean-square difference* (WWPRD) [106] y la *wavelet energy based diagnostic distortion* (WEDD) [107]. Estas figuras de mérito ofrecen unos resultados que concuerdan bastante bien con las percepciones de los cardiólogos, pero a expensas de un alto coste computacional y de la posible propagación de errores. En general, las métricas indirectas llegan a proporcionar comparaciones más precisas, ya que para su obtención se emplean diferentes características de la señal que son importantes en el diagnóstico clínico. Sin embargo, su mayor grado de complejidad las hacen menos apropiadas que las métricas directas para su inclusión en aplicaciones prácticas, donde no siempre es posible disponer del tiempo o los recursos necesarios para el cálculo de los múltiples parámetros auxiliares que se requieren.

Por contra, las métricas directas se han empleado mayoritariamente y con gran profusión para controlar en tiempo real la calidad de la señal reconstruida tras la compresión. Estas métricas permiten cuantificar el grado en que la forma de onda de la señal comprimida se diferencia de la original, sin entrar a analizar elementos individuales. Este tipo de medida de calidad parece adecuada si tenemos en cuenta que la evaluación clínica del ECG se lleva a cabo mediante inspección visual, por lo que una forma de onda suficientemente similar, representada por una métrica directa de valor apropiado, debe dar lugar al mismo diagnóstico. Para seguir este criterio, se necesitan métricas directas consistentes que sean capaces de analizar el error de forma equitativa a lo largo de toda la señal y entre distintas clases de registros de ECG.

Una de las métricas directas más frecuentemente usada en el estado de la técnica para medir la semejanza entre la señal original y la comprimida es el error cuadrático medio porcentual (PRD: *percentage root-mean-square difference*) [23]. Así, en multitud de trabajos la calidad de reconstrucción se verifica de manera continua usando el PRD. La idea suele ir más allá de una simple evaluación de la calidad final, ya que se emplea el PRD en una etapa de control de calidad que garantiza la obtención de un valor

objetivo definido *a priori*. Esta estrategia se puede implementar por ejemplo mediante *wavelets* [55] o bancos de filtros [42]. En cualquier caso, el uso del PRD como parámetro objetivo para controlar la calidad es una práctica de uso extendido en la bibliografía referente a compresión de ECG [32, 36, 43, 38, 39, 108, 37]. Para ello, partiendo de un vector de N muestras que representa el registro de ECG original $x(n)$ y otro equivalente para la señal reconstruida tras compresión $\hat{x}(n)$, el PRD se define como:

$$\text{PRD} = \sqrt{\frac{\sum_{n=0}^{N-1} (x(n) - \hat{x}(n))^2}{\sum_{n=0}^{N-1} x^2(n)}} \cdot 100, \quad (3.1)$$

Una métrica directa que aparece en la literatura como alternativa es el llamado PRDN (también denominado en ocasiones PRD1), que se corresponde con un PRD normalizado, de manera que en el denominador se sustrae la media del registro original con el fin de reducir la influencia de dicho componente en el resultado:

$$\text{PRDN} = \sqrt{\frac{\sum_{n=0}^{N-1} (x(n) - \hat{x}(n))^2}{\sum_{n=0}^{N-1} (x(n) - \bar{x})^2}} \cdot 100, \quad (3.2)$$

donde \bar{x} es el valor medio de la señal de ECG original.

La raíz cuadrada del error cuadrático medio (RMSE: *root mean square error*) es otra popular métrica directa. El RMSE no proporciona una medida porcentual del error, como el PRD o el PRDN, sino absoluta. De esta forma, en el caso de señales electrocardiográficas, los valores de RMSE se proporcionan en voltios o números digitales equivalentes:

$$\text{RMSE} = \sqrt{\frac{\sum_{n=0}^{N-1} (x(n) - \hat{x}(n))^2}{N}}. \quad (3.3)$$

Las anteriores métricas directas ofrecen una medida global de la calidad de reconstrucción, considerando la señal de ECG completa. Por contra, el análisis de los errores de carácter local adquiere gran importancia a la hora de evaluar patrones eléctricos específicos, como por ejemplo, si la activación cardíaca de un latido se encuentra dentro del rango habitual. Por tanto, es de gran interés controlar no solo el error medio global, sino también las desviaciones locales. Para medir estos efectos de carácter local se puede emplear el error máximo de amplitud (MAX: *maximum amplitude error*), que indica la máxima diferencia en unidades absolutas de voltaje entre el registro original y el comprimido:

$$\text{MAX} = \max_{\forall n} \{|x(n) - \hat{x}(n)|\}. \quad (3.4)$$

3.2. Medidas de compresión

El parámetro principal que se desea optimizar en un compresor de ECG, una vez que se asegura una calidad de reconstrucción suficiente, es la tasa de compresión (CR: *compression ratio*). Este criterio de medida evalúa la reducción de tasa binaria alcanzada con el registro electrocardiográfico obtenido tras la compresión, en comparación con el original:

$$\text{CR} = \frac{b_x}{b_c}, \quad (3.5)$$

donde b_x y b_c se corresponden con el número de bits totales que se necesitan para representar las señales de ECG original y comprimida, respectivamente. Para el cálculo de b_c se deben considerar todos los parámetros necesarios para la reconstrucción del ECG, incluyendo tanto los coeficientes principales como los datos auxiliares requeridos para su decodificación.

Adicionalmente, en este trabajo se propone el parámetro NSA (*number of samples per atom*, que informa de la reducción en el número de coeficientes que se consigue tras procesar la señal original, antes de aplicar ningún tipo de codificación entrópica:

$$\text{NSA} = \frac{N}{a}, \quad (3.6)$$

donde N es la cantidad de muestras de la señal de ECG original y a es el número de átomos necesarios para representar la señal comprimida. De esta manera, el NSA no proporciona una medida absoluta de compresión, porque sólo tiene en cuenta la cantidad de datos y no la entropía entre ellos. Por ello, el NSA realmente sirve para evaluar de manera comparativa diferentes técnicas de procesado antes de la etapa de codificación entrópica, ya que nos indica cuál de ellas proporciona una mayor reducción en el número de coeficientes necesarios para representar la señal. Así, ante un mismo codificador es altamente probable que el método que obtenga mayores valores de NSA sea también el que dé lugar a tasas de compresión finales más altas. Esto sería siempre cierto si la entropía de salida se mantuviera constante entre métodos, pero como es algo que no puede asegurarse, el NSA es útil como dato de consulta, no de referencia absoluta.

3.3. Medidas de detección de latidos

Para medir la eficacia de un detector de QRS, se comparan las posiciones de los latidos identificados con el método propuesto con las localizaciones reales anotadas por especialistas clínicos en la señal de ECG original. En este trabajo, la comparación se efectúa siguiendo el estándar EC57 de la ANSI (*American National Standards Institute*)/AAMI (*Association for the Advancement of Medical Instrumentation*) [109], que establece para cada latido una ventana de validación de 300 ms centrada en la posición

real anotada. Por lo tanto, un latido detectado es correcto, lo que se denomina como verdadero positivo (TP: *true positive*), si se encuentra dentro de dicha ventana. En el caso de que el complejo QRS detectado no se encuentre dentro de ningún intervalo de validación, se trata de una detección incorrecta o falso positivo (FP: *false positive*). Por último, los latidos anotados que no son detectados por el algoritmo se denominan falsos negativos (FN: *false negative*).

Los valores de TP, FP y FN nos permiten obtener las métricas que informan acerca de la eficacia del método de detección de complejos QRS propuesto. Así, siguiendo la recomendación de la ANSI/AAMI, se emplean dos parámetros para evaluar los algoritmos de detección QRS : la sensibilidad y la predictividad positiva [109]. La sensibilidad Se se corresponde con la cantidad de latidos detectados correctamente con respecto al número total de latidos existentes en la señal, por lo que indica la probabilidad de que un complejo QRS sea detectado:

$$Se = \frac{TP}{TP + FN}. \quad (3.7)$$

Por otra parte, la predictividad positiva P^+ mide la probabilidad de evitar detecciones incorrectas, ya que se corresponde con el porcentaje de latidos correctos de entre todos los detectados:

$$P^+ = \frac{TP}{TP + FP}. \quad (3.8)$$

De esta forma, un detector de QRS ideal ofrecería un valor unitario tanto de sensibilidad $Se = 1$, detectando todos los latidos existentes, como de predictividad positiva $P^+ = 1$, ya que todos los complejos QRS detectados serían correctos, sin incurrir en falsos positivos. Por ello, se intenta que los algoritmos de detección QRS que se desarrollan se acerquen lo máximo posible a dichos valores.

3.4. Métodos de procesado

Los esquemas de procesado de señal electrocardiográfica que se implementan en este trabajo se sirven de algunas técnicas ya disponibles en el estado del técnica, ya sea en el campo de la compresión de ECG, que se resume en la sección 2.2 o en el ámbito de la detección QRS, recopilado en la sección 2.3. Estos métodos se describen de manera individual en los siguientes apartados.

3.4.1. Bancos de filtros coseno modulado

Los bancos de filtros permiten la descomposición de una señal adquirida en el tiempo, como es el caso del ECG, en diferentes bandas frecuenciales. El posterior tratamiento de los coeficientes obtenidos para dichas bandas posibilita la implementación eficaz de aplicaciones específicas como la compresión [24, 55, 56] o la detección de latidos [77,

78, 79]. En caso de ser necesario, la señal original puede ser reconstruida de nuevo en el dominio del tiempo a partir de los componentes de frecuencia. En la figura 3.1 se muestra un banco de filtros de M canales de diezmado máximo con estructura en paralelo. Por medio de este sistema se realiza la descomposición uniforme del espectro de la señal de entrada en M bandas, de aproximadamente π/M radianes, dando lugar a M señales subbanda.

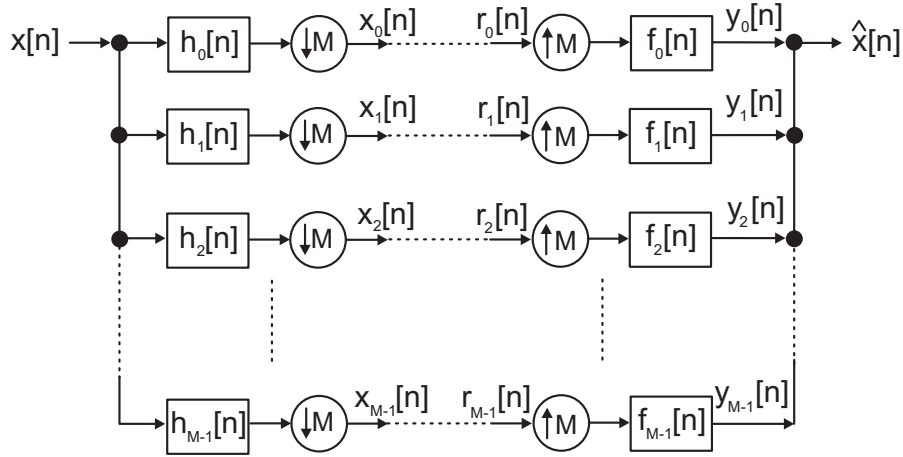


Figura 3.1 – Banco de filtros de diezmado máximo de M canales.

La señal de salida, representada en el dominio transformado Z , se obtiene de acuerdo con la siguiente expresión:

$$\hat{X}(z) = \sum_{l=0}^{M-1} T_l(z) \cdot X(zW_M^l). \quad (3.9)$$

Se observa que el resultado de salida depende tanto de la señal de entrada $X(z)$ como de sus componentes de solapamiento $X(zW_M^l) \forall l = 1, 2, \dots, (M - 1)$. Además, $T_0(z)$ es la función de transferencia de distorsión global [110], mientras que el resto de $T_l(z)$, para $1 \leq l \leq (M - 1)$, se corresponden con las funciones de transferencia debidas a las componentes de solapamiento.

$$T_0(z) = \frac{1}{M} \sum_{k=0}^{M-1} F_k(z) \cdot H_k(z), \quad (3.10)$$

$$T_l(z) = \frac{1}{M} \sum_{k=0}^{M-1} F_k(z) \cdot H_k(zW_M^l), \quad 1 \leq l \leq (M - 1). \quad (3.11)$$

En los bancos de filtros de reconstrucción perfecta (PR: *perfect reconstruction*) se cumple que $T_0(z) = c \cdot z^{-n_0}$, $n_0 \in \mathbb{Z}$ y $T_l(z) = 0 \forall 1 \leq l \leq (M - 1)$. Por otra parte, en los de reconstrucción aproximada (N-PR: *nearly-perfect reconstruction*) las dos relaciones anteriores no se verifican de forma exacta introduciendo, por tanto, una cierta distorsión.

Una clase importante de bancos de filtros de M canales son los bancos de filtros modulados, en los que todos los filtros de análisis y de síntesis se obtienen aplicando una modulación a un prototipo paso bajo. En este trabajo se usa la técnica de bancos de filtros coseno modulado de reconstrucción aproximada (N-PR CMFB). Este método se presenta como alternativa a los sistemas PR porque permite eliminar el complicado proceso de optimización no lineal para el diseño del banco. Así se obtienen realizaciones eficientes de los bancos de análisis y de síntesis con un coste computacional reducido. En los N-PR CMFB, las respuestas impulsivas de los filtros de análisis $h_k(n)$ y de síntesis $f_k(n)$, $0 \leq n \leq N$, $0 \leq k \leq (M - 1)$ se calculan de la siguiente forma:

$$\begin{aligned} h_k(n) &= p(n) \cdot c_{1,k}(n), \\ f_k(n) &= p(n) \cdot c_{2,k}(n), \end{aligned} \quad (3.12)$$

donde $p[n]$ es el filtro paso bajo prototipo y

$$\begin{aligned} c_{1,k}(n) &= 2 \cdot \cos \left((2k + 1) \frac{\pi}{2M} \left(n - \frac{N}{2} \right) + \frac{\pi}{4} (-1)^k \right), \\ c_{2,k}(n) &= 2 \cdot \cos \left((2k + 1) \frac{\pi}{2M} \left(n - \frac{N}{2} \right) - \frac{\pi}{4} (-1)^k \right). \end{aligned} \quad (3.13)$$

De esta manera, asumiendo la característica de reconstrucción aproximada, se consigue simplificar el gran esfuerzo de diseño del banco de filtros, limitándolo al de un prototipo paso bajo. En cualquier caso, para obtener una buena calidad de la señal reconstruida, el filtro $p[n]$ debe aproximarse lo máximo posible a estas condiciones:

$$|P(e^{j\omega})|^2 + |P(e^{j(\omega - \pi/M)})|^2 = 1, \quad 0 < \omega < \frac{\pi}{M}, \quad (3.14)$$

$$|P(e^{j\omega})| = 0, \quad \omega > \frac{\pi}{M}. \quad (3.15)$$

Si se satisface la ecuación (3.14), se elimina la distorsión de amplitud, mientras que cumpliendo la ecuación (3.15) se evita el solapamiento entre bandas adyacentes [111]. Además, si el filtro prototipo es de fase lineal, el banco de filtros no introduce distorsión de fase, siempre que los filtros de síntesis se elijan en base a esta equivalencia:

$$f_k(n) = h_k(n - N), \quad \begin{cases} 0 \leq n \leq N, \\ 0 \leq k \leq M - 1. \end{cases} \quad (3.16)$$

Por tanto, con los N-PR CMFB no se verifica la propiedad de reconstrucción perfecta, pero asumiendo un margen razonable de error para la señal reconstruida, se consigue reducir considerablemente el esfuerzo de diseño [112, 113].

3.4.2. Matching pursuit

Matching pursuit (MP) es una técnica de descomposición dispersa (*sparse*) que permite extraer las distintas estructuras que forman parte de una señal determinada [114].

El objetivo de MP es aproximar de manera iterativa la forma de onda de la señal original mediante un conjunto de elementos que forman parte de un diccionario predefinido. Por ello, es importante popular los diccionarios con átomos adecuados, que se correlacionen bien con los patrones típicos del tipo de señal a modelar. De esta manera, los diferentes componentes individuales de la señal pueden ser identificados a través de los átomos seleccionados en el proceso de descomposición MP. Este método es de gran utilidad para el procesamiento de señal electrocardiográfica, ya que permite extraer en el dominio del tiempo las ondas típicas del ECG con el fin de ser tratadas posteriormente de manera individual.

MP es un algoritmo de aproximación dispersa ya que en cada iteración se busca el átomo del diccionario que coincide mejor con la señal a descomponer. Así, los distintos componentes del ECG se extraen de manera gradual, siguiendo un orden descendente de importancia. Es decir, en las primeras iteraciones de MP se obtienen los elementos que acumulan una mayor cantidad de energía, seguidos de los componentes de menor relevancia, que aportan menos energía a la señal. Por tanto, a partir de un vector de N muestras, $\mathbf{x}(n)$, que representa un registro de ECG y un diccionario de átomos normalizados, $\mathbb{D} = \{\mathbf{g}_i(n)\}$ para $1 \leq i \leq |\mathbb{D}|$ con $\|\mathbf{g}_i\| = 1$, el primer átomo de la descomposición MP, $\mathbf{g}_{(1)}(n)$, junto con su coeficiente correspondiente, α_1 , se calcula mediante la siguiente expresión:

$$\alpha_1 = \max_{\mathbf{g}_i(n) \in \mathbb{D}} | \langle \mathbf{x}(n), \mathbf{g}_i(n) \rangle |, \quad (3.17)$$

donde $\langle \cdot \rangle$ denota el producto escalar entre ambos vectores. Para cubrir todas las posibilidades que el diccionario ofrece, la ecuación (3.17) se aplica a cada átomo considerando todas las posiciones posibles N a lo largo del segmento de ECG. A continuación, la contribución del primer átomo se sustrae del registro de ECG original para obtener la primera señal residual:

$$\mathbf{r}_{\mathbf{x}}^{(1)}(n) = \mathbf{x}(n) - \alpha_1 \cdot \mathbf{g}_{(1)}(n). \quad (3.18)$$

El procedimiento anterior se aplica iterativamente, usando ahora como entrada las propias señales residuales, con el fin de generar los siguientes átomos, $\mathbf{g}_{(k)}(n)$, y coeficientes, α_k :

$$\alpha_k = \max_{\mathbf{g}_i(n) \in \mathbb{D}} | \langle \mathbf{r}_{\mathbf{x}}^{(k-1)}, \mathbf{g}_i(n) \rangle |, \quad k \geq 2, \quad (3.19)$$

así como las sucesivas señales residuales, $\mathbf{r}_{\mathbf{x}}^{(k)}$:

$$\mathbf{r}_{\mathbf{x}}^{(k)} = \mathbf{r}_{\mathbf{x}}^{(k-1)} - \alpha_k \cdot \mathbf{g}_{(k)}(n), \quad k \geq 2. \quad (3.20)$$

Después de cada iteración k , es posible recuperar una aproximación parcial de la señal original con los elementos de descomposición disponibles hasta entonces:

$$\hat{\mathbf{x}}_k(n) = \sum_{j=1}^k \alpha_j \cdot \mathbf{g}_{(j)}(n). \quad (3.21)$$

Finalmente, tras completar el número total de iteraciones, I , se reconstruye la señal de ECG definitiva con todos los elementos resultado de la descomposición MP, de la siguiente forma:

$$\hat{\mathbf{x}}(n) = \sum_{k=1}^I \alpha_k \cdot \mathbf{g}_{(k)}(n). \quad (3.22)$$

El valor I se puede especificar de manera estática, si se conoce la cantidad de elementos de MP que se requieren para la aplicación a implementar. Otra opción es ajustarlo dinámicamente, en función por ejemplo de la calidad que va proporcionando la señal recuperada en cada ciclo, $\hat{\mathbf{x}}_k(n)$, para controlar la distorsión de la forma de onda de la señal final, $\hat{\mathbf{x}}(n)$, con respecto a la original, $\mathbf{x}(n)$.

3.4.3. Umbralización por energía retenida

La técnica de umbralización consiste en anular los coeficientes menos significativos de una señal de ECG, con la finalidad de potenciar la compresión en detrimento de la calidad de reconstrucción. De esta forma, gracias a las muestras umbralizadas, se consiguen largas secuencias de ceros que son fáciles de codificar con pocos bits. El problema es que al sustituir un conjunto de coeficientes originales por ceros se introducen errores, que degradan la forma de onda de la señal recuperada con respecto a la original. Para ello se utiliza un umbral que marca el límite entre los coeficientes significativos y los descartados. La elección del umbral es crucial, ya que valores elevados dan lugar a altas tasas de compresión, al generarse más secuencias de ceros, pero en detrimento de la calidad de reconstrucción, que se reduce y puede que no sea suficiente para los requisitos de la aplicación en cuestión. Por contra, al reducir el umbral se incrementa la similitud de la señal recuperada con respecto a la original, ya que la cantidad de coeficientes anulados es menor, pero a expensas del rendimiento en compresión, que disminuye.

Con el fin de poder aplicar los compresores de ECG en aplicaciones clínicas, la calidad de la señal reconstruida deber ser el parámetro más importante a mantener bajo control. Por este motivo, el umbral que se aplica a los coeficientes se obtiene en función de un valor de calidad de reconstrucción fijado *a priori* como objetivo. La idea consiste en preservar la calidad de la señal recuperada tras la umbralización, conservándola por debajo de un límite superior especificado a través de una métrica de calidad directa. Para ello se puede emplear la técnica de umbralización por energía retenida propuesta en [115], donde es implementada con el PRD para señales electroencefalográficas, que es directamente reproducible para el ECG. Este método determina el valor umbral a partir de la condición de que la energía mantenida en las muestra significativas sea suficiente para garantizar el nivel de calidad seleccionado *a priori*, denominado PRD_{obj} .

El error entre una señal de ECG original, $x(n)$, y la señal equivalente reconstruida $\hat{x}(n)$ se determina como

$$e(n) = x(n) - \hat{x}(n), \quad (3.23)$$

por lo que se puede simplificar la expresión del PRD ofrecida en la ecuación (3.1), definiéndolo en términos de dicha señal de error de la siguiente manera:

$$\text{PRD} = \sqrt{\frac{\sum_{n=0}^{N-1} e^2(n)}{\sum_{n=0}^{N-1} x^2(n)}} \cdot 100. \quad (3.24)$$

La energía total de la señal original, E_T , se rige por la ecuación

$$E_T = \sum_{n=0}^{N-1} x^2(n), \quad (3.25)$$

mientras que la energía pérdida, E_L , en la señal recuperada debido al error acumulado durante el procesado se obtiene como

$$E_L = \sum_{n=0}^{N-1} e^2(n). \quad (3.26)$$

Por tanto, el PRD se puede representar en términos de energía como sigue:

$$\text{PRD} = \sqrt{\frac{E_L}{E_T}} \cdot 100, \quad (3.27)$$

y elevando la expresión anterior al cuadrado para deshacerse de la raíz cuadrada se obtiene

$$\text{PRD}^2 = \frac{E_L}{E_T} \cdot 100^2. \quad (3.28)$$

A continuación, se despeja la energía perdida por umbralización de la ecuación (3.28), para llegar a la siguiente expresión:

$$E_L = E_T \cdot \left(\frac{\text{PRD}}{100}\right)^2. \quad (3.29)$$

Por otra parte, la energía que se retiene en la señal reconstruida con respecto a la original, E_R , se calcula como

$$E_R = E_T - E_L, \quad (3.30)$$

y sustituyendo el valor de E_L por su expresión equivalente de la ecuación (3.29), se consigue la siguiente definición de la energía retenida en función del PRD:

$$E_R = E_T - E_T \cdot \left(\frac{\text{PRD}}{100}\right)^2 = E_T \cdot \left(1 - \left(\frac{\text{PRD}}{100}\right)^2\right). \quad (3.31)$$

De esta forma se puede calcular la cantidad de energía retenida que se debe mantener en la señal reconstruida para respetar el valor de PRD objetivo fijado *a priori*:

$$E_{Robj} = E_T \cdot \left(1 - \left(\frac{\text{PRD}_{obj}}{100} \right)^2 \right). \quad (3.32)$$

Una vez definida la cantidad de energía que es necesario conservar, E_{Robj} , asumiendo que la etapa de umbralización es la única fuente de error en el esquema de compresión, debido a los coeficientes que se descartan, se puede calcular el valor umbral adecuado que permite respetar el nivel de calidad requerido inicialmente PRD_{obj} .

Para poder llevar a cabo la umbralización en función de la energía, es necesario usar una representación de la señal de ECG cuyos coeficientes tengan una relación directa con la energía. En este trabajo, se asume que la energía es proporcional al cuadrado de las muestras que definen la señal. Esta condición se cumple con los valores de ECG originales en el dominio del tiempo y se mantiene en el dominio de la frecuencia al aplicar transformaciones como la de Fourier, las *wavelet*, la del coseno, etc., o técnicas de descomposición multibanda como los CMFB. Con esta premisa, sea $\mathbf{y} = [y_0, y_1, \dots, y_{N-1}]^T$ un vector de longitud N que representa la señal de ECG a umbralizar, primeramente se ordena de mayor a menor según su valor absoluto de la siguiente manera:

$$\mathbf{y}_s(n) = [y_{(0)}, y_{(2)}, \dots, y_{(N-1)}]^T, \quad (3.33)$$

donde $|y_{(0)}| \geq |y_{(1)}| \geq \dots \geq |y_{(N-1)}|$. La energía total se obtiene entonces usando todos los coeficientes:

$$E_T = \sum_{i=0}^{N-1} y_{(i)}^2. \quad (3.34)$$

La secuencia ordenada de coeficientes puede dividirse considerando que los de mayor valor contribuyen a la energía retenida y los de menor magnitud son descartados, siendo responsables de la parte de energía perdida. La energía total se puede expresar, por tanto, en los siguientes términos:

$$E_T = E_{Robj} + E_L = \sum_{i=0}^u y_{(i)}^2 + \sum_{i=u+1}^{N-1} y_{(i)}^2, \quad (3.35)$$

donde el índice $u \in [0, N - 1]$ identifica los primeros u coeficientes más significativos en términos de energía del vector ordenado $\mathbf{y}_s(n)$, que son los correspondientes a la energía retenida:

$$E_{Robj} = \sum_{i=0}^u y_{(i)}^2. \quad (3.36)$$

Por lo tanto, para preservar los coeficientes de la ecuación (3.28), el valor umbral se define como $\varepsilon = |y_{(u)}|$, con los que se obtiene el vector $\mathbf{y}_s^{(u)}(n)$ de dimensión $u \times 1$ que

contiene las muestras significativas:

$$\mathbf{y}_s^{(u)}(n) = [y_{(1)}, y_{(2)}, \dots, y_{(u)}]^T. \quad (3.37)$$

3.4.4. Cuantificación

Las muestras de un registro de ECG original suelen venir expresadas en forma de números digitales enteros para facilitar su almacenaje y transmisión, aunque pueden convertirse fácilmente en niveles de voltaje mediante la ecuación de ganancia correspondiente. Durante las distintas etapas de tratamiento digital de la señal los valores enteros iniciales derivan en números decimales, que requieren una mayor cantidad de bits para ser representados con precisión. Tras el procesado, surge la necesidad de convertir dichos valores decimales de nuevo en números enteros equivalentes usando una cantidad de bits limitada, para lo cual se emplean técnicas de cuantificación. De esta forma, se favorece de nuevo el almacenaje o transmisión de los valores resultantes. Los datos cuantificados presentan un error con respecto a los números decimales originales que es proporcional a la reducción en número de bits que se aplica en su representación. A continuación se describen los dos métodos específicos de cuantificación que se emplean en este trabajo.

Modulación por impulsos codificados

La modulación por impulsos codificados (PCM: *Pulse Code Modulation*) es una técnica sencilla y por tanto habitual en los procesos de cuantificación. En la cuantificación PCM se toma el segmento delimitado por los valores máximo y mínimo de la secuencia de muestras y se divide en $2^Q - 1$ intervalos de igual longitud, siendo Q la resolución final en bits que deseamos para los coeficientes. Así, cada una de las N muestras del vector que representa la señal de entrada a cuantificar, $\mathbf{y}(n) = [y_{(1)}, y_{(2)}, \dots, y_{(N)}]$, se sustituye por el extremo del intervalo más próximo, dando lugar al vector de salida cuantificado $\hat{\mathbf{y}}(n) = [\hat{y}_{(1)}, \hat{y}_{(2)}, \dots, \hat{y}_{(N)}]$, cuyo elementos se obtienen como

$$\hat{y}_{(i)} = \text{round} \left[(2^Q - 1) \frac{(y_{(i)} - y_{min})}{(y_{max} - y_{min})} \right], \quad i = 1, \dots, N, \quad (3.38)$$

donde $y_{min} = \min_{\forall n} \{\mathbf{y}(n)\}$, $y_{max} = \max_{\forall n} \{\mathbf{y}(n)\}$ y el operador *round* determina el número entero más próximo para cada uno de los valores de la señal.

La recuperación de los datos originales a partir de los cuantificados se lleva a cabo mediante la función inversa de la ecuación 3.38, que se muestra a continuación:

$$y'_{(i)} = \frac{\hat{y}_{(i)} + y_{min}}{2^Q - 1} \cdot (y_{max} - y_{min}), \quad i = 1, \dots, N, \quad (3.39)$$

dando lugar a la señal reconstruida $\mathbf{y}'(n) = [y'_{(1)}, y'_{(2)}, \dots, y'_{(N)}]$.

Cuantificación escalar uniforme con zona muerta

La cuantificación escalar uniforme con zona muerta (USDZQ: *Uniform Scalar Dead Zone Quantization*), empleada en [34, 116], descarta un determinado rango de coeficientes alrededor del cero, lo cuales se asignan a un valor nulo. Por tanto, se trata de un proceso conjunto de cuantificación y umbralización, donde sólo se cuantifican aquellos datos que en valor absoluto están por encima del límite establecido por el umbral ε . De esta manera se reduce la cantidad de intervalos de cuantificación necesarios, incrementando la precisión de los valores cuantificados respecto al método PCM. Además la cantidad total de intervalos es adaptativa, por lo que se van añadiendo según se van necesitando, es decir, a medida que se alcanzan coeficientes mayores. Para ello, a cada una de las N muestras de la señal de entrada $\mathbf{y}(n) = [y_{(1)}, y_{(2)}, \dots, y_{(N)}]$ le corresponde un valor cuantificado de salida, $\hat{y}_{(i)} = k$, en función del intervalo de valores, I_k , en el que se encuentre, de acuerdo con la siguiente función:

$$I_k = \begin{cases} [-3\delta, -\varepsilon), & k = -1 \\ (\varepsilon, 3\delta], & k = 1 \\ ((2k - 1)\delta, (2k + 1)\delta], & k = \pm 2, \pm 3, \dots \end{cases} \quad (3.40)$$

El valor de δ se corresponde con la mitad del intervalo de cuantificación y se calcula como $\delta = 0,6 \cdot \varepsilon$, ya que dicha relación proporciona un buen comportamiento con señales ECG para aplicaciones de compresión, como se indica en [34]. De esta manera, se obtiene la señal cuantificada $\hat{\mathbf{y}}(n) = [\hat{y}_{(1)}, \hat{y}_{(2)}, \dots, \hat{y}_{(N)}]$.

Para obtener de nuevo los coeficientes originales a partir de los cuantificados sólo hay que invertir la función 3.40, con lo que se obtiene la siguiente función de reconstrucción:

$$y'_{(i)} = 2 \cdot \delta \cdot \hat{y}_{(i)}, \quad i = 1, \dots, N, \quad (3.41)$$

que permite obtener una aproximación del vector original: $\mathbf{y}'(n) = [y'_{(1)}, y'_{(2)}, \dots, y'_{(N)}]$.

3.4.5. Codificación entrópica

La codificación entrópica permite reducir la cantidad de información que se necesita para representar una determinada secuencia de coeficientes, aprovechando la redundancia existente entre los distintos valores. Se trata de la etapa principal de los compresores de señal electrocardiográfica, condicionando en gran medida la tasa de compresión alcanzada por el sistema. Existen dos tipos de codificadores, los que introducen pérdidas y los que no. En este trabajo los métodos utilizados pertenecen a la segunda categoría, es decir, procedimientos libres de error, con el fin de no reducir en esta etapa la calidad de reconstrucción. Las diferentes técnicas del estado del arte empleadas, que se describen en los siguientes apartados, se basan en métodos recientes con los que se han obtenido buenos resultados en aplicaciones de compresión de ECG.

Codificador Golomb

Los códigos Golomb codifican números enteros bajo la suposición de que cuanto mayor es su valor menor es la probabilidad de que aparezcan en la secuencia de entrada [117]. En este trabajo se aplica el codificador de tipo Golomb que se propone en [34]. Esta técnica lleva a cabo una estrategia de tipo *run-length encoder* (RLE), que se caracteriza por agrupar los ceros consecutivos y codificar la longitud de dichas secuencias. Por otra parte, de manera intercalada, se codifican los coeficientes significativos, de forma que se pueda recuperar la secuencia completa original. En concreto, se utiliza un tipo de codificación Exp–Golomb para las cadenas de ceros y un código Golomb–Rice para los coeficientes significativos. Los codificadores RLE habituales mantienen una longitud de palabra fija para los diferentes segmentos a codificar, como en [118, 119]. En cambio, el codificador Golomb es más versátil, ya que ofrece una longitud de palabra adaptativa.

El codificador Exp–Golomb que se propone es eficaz y robusto para codificar segmentos de datos que siguen una distribución de probabilidad exponencial con una pendiente desconocida. Por ello, este método se emplea en el codificador Golomb para representar las secuencias de ceros. De esta forma, cada palabra código se compone de $2M + 1$ bits, de acuerdo con el siguiente formato:

$$\underbrace{0 \dots 0}_M 1 \underbrace{x_{M-1} \dots x_0}_M. \quad (3.42)$$

Los M “0”s iniciales y el “1” siguiente corresponden al denominado prefijo de la palabra código. Por su parte, los últimos M bits conforman el llamado sufijo S . Además, el valor de M se calcula mediante la ecuación

$$M = \lfloor \log_2(L + 1) \rfloor, \quad (3.43)$$

siendo L la longitud de la cadena de ceros, mientras que $\lfloor \cdot \rfloor$ denota la operación de redondeo al entero inferior. Por su parte, el sufijo se obtiene como

$$S = L + 1 - 2^M. \quad (3.44)$$

Por otra parte, la técnica Golomb–Rice es adecuada para codificar secuencias de números no negativos que presentan una distribución de probabilidad geométrica, por lo que se emplea aquí para representar los coeficientes significativos $\hat{y}_{(i)}$. Si en la secuencia de entrada aparecen valores negativos, se debe aplicar una transformación previa que permita convertirlos en números no negativos. Por esta razón, inicialmente hay que aplicar la siguiente función invertible:

$$c_i = \begin{cases} 2|\hat{y}_{(i)}| - 1, & \hat{y}_{(i)} < 0, \\ 2|\hat{y}_{(i)}| - 2, & \hat{y}_{(i)} > 0. \end{cases} \quad (3.45)$$

Para codificar los nuevos coeficientes $c_i \geq 0$ se define un parámetro adaptativo k de la siguiente manera:

$$k = \text{mín} \{j \mid 2^j \geq D/T\}, \quad (3.46)$$

donde k , D , y T se inicializan a 0. Tras la codificación de cada coeficiente c_i , T se incrementa en 1 y el valor $|c_i| - 1/2$ es añadido a D . En el caso de que T alcance su límite máximo $T_{max} = 8$, siguiendo la recomendación expuesta en [34], tanto D como T son reducidos aplicando $T = \lfloor T/2 \rfloor$ y $D = \lfloor D/2 \rfloor$. Con estas consideraciones, los coeficientes c_i se codifican en dos partes binarias que se concatenan usando el parámetro $m = 2^k$:

- representación unaria de $\lfloor n/m \rfloor$, es decir $\lfloor n/m \rfloor$ “1”s seguidos de un “0”.
- representación binaria de longitud k del valor c_i en módulo m .

Las posiciones de los coeficientes significativos no se codifican de forma directa, si no que se asume que se van alternando las secuencias de ceros y los valores no nulos. De esta forma, cuando hay varios coeficientes significativos seguidos hay que incluir entre sus palabras código la codificación de una secuencia de ceros de longitud nula.

Codificador TRE

El codificador entrópico TRE (*two-role encoder*) también pertenece al grupo de los codificadores RLE y ofrece una longitud de palabra adaptativa, en este caso en función del valor Q usado en cuantificación [36]. El método TRE se caracteriza por su sencillez, ya que permite codificar con la misma longitud de bits tanto las secuencias de ceros como los coeficientes significativos. El número de bits de codificación se denomina B y su valor depende de la resolución Q utilizada en la cuantificación, tal que $B = Q + 1$.

El codificador TRE utiliza el primer bit de cada palabra código para diferenciar las cadenas de ceros de los valores significativos. Así, para formar la palabra código correspondiente, a la representación binaria de los coeficientes significativos se le añade un “1”. Al usar B bits en la codificación se asegura que cualquier valor significativo, cuantificado con Q bits, puede representarse con una palabra código. En el caso de las cadenas de ceros, a la representación binaria de su longitud se le añade un “0”. De esta forma, con una sola palabra código se pueden codificar secuencias que abarcan desde 1 hasta $2^Q - 1$ ceros consecutivos.

Codificador Huffman

La codificación entrópica Huffman es una técnica basada en la frecuencia de aparición de los coeficientes a codificar, que toma el nombre de su creador [120]. La idea general es asignar palabras código de menor longitud a los valores más probables, mientras que las palabras código más largas se reservan para los menos habituales. Por tanto, para llevar

a cabo la codificación Huffman de manera óptima es necesario conocer los estadísticos reales del conjunto completo a codificar. En el caso de que la aplicación no permita esperar a tener todos los valores de entrada se pueden aplicar probabilidades estimadas.

Posteriormente se han desarrollado múltiples variantes de codificación Huffman [117], pero la técnica original permite obtener un código Huffman óptimo mediante la construcción de un árbol binario. El árbol se va completando desde las hojas, donde se sitúan los coeficientes junto con su probabilidad asociada, hacia la raíz. En cada nivel del árbol se seleccionan los símbolos con menor probabilidad, asignando un bit “0” al de valor de probabilidad más bajo y un “1” al restante. Al pasar al siguiente nivel, ambos símbolos se fusionan en uno nuevo artificial, que presenta una probabilidad igual a la suma de las dos anteriores. Una vez que se llega a la raíz del árbol, integrando todos los símbolos originales, las palabras código se obtienen siguiendo los caminos binarios creados desde la raíz hasta cada una de las hojas. En la figura 3.2 se muestra un ejemplo de árbol binario con el que se genera el código Huffman de la tabla 3.1.

Tabla 3.1 – Ejemplo de codificación Huffman.

Símbolo	Probabilidad	Palabra código
a_1	0,4	0
a_2	0,25	10
a_3	0,2	111
a_4	0,1	1101
a_5	0,05	1100

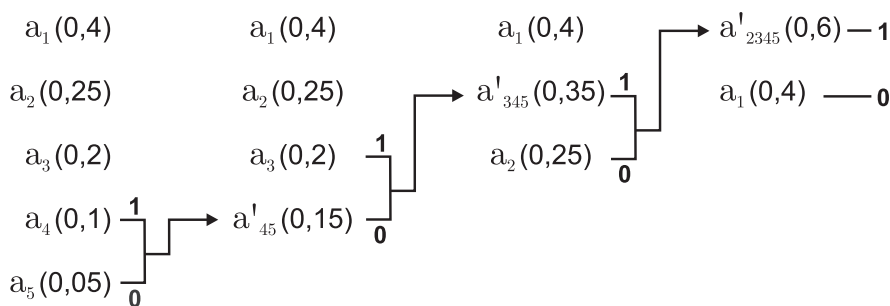


Figura 3.2 – Árbol binario para la construcción del código Huffman de la tabla 3.1.

El codificador entrópico basado en la técnica Huffman que se utiliza en este trabajo es el propuesto en [121], deshabilitando en su configuración la opción de codificación logarítmica. La codificación se realiza mediante un procedimiento iterativo. Para ello se comprueba si la cantidad de valores nulos de la secuencia de entrada es suficientemente grande en comparación con el número de símbolos significativos. En caso afirmativo, se aplica la codificación Huffman tradicional a la secuencia de entrada. En caso contrario, la secuencia de entrada se divide en dos segmentos. Uno con valores de los coeficientes

significativos y otro, representado en formato diferencial, con las posiciones significativas y la longitud total de la secuencia inicial. El conjunto de valores significativos se codifica entonces con el método Huffman tradicional, mientras que el proceso se repite desde el principio con el segundo de los bloques, que se emplea como nueva secuencia de entrada. Este procedimiento se repite indefinidamente hasta que deje de cumplirse la condición que da lugar a división y, por tanto, todos los coeficientes hayan sido codificados. Esta técnica ofrece como salida un conjunto de valores de 8 bits, donde se agrupa tanto la información auxiliar, es decir, la correspondencia entre símbolo y palabra código, como la propia secuencia de palabras código que codifica los coeficientes de entrada.

3.5. Base de datos

La elección de registros de ECG adecuados para conformar la base de datos a utilizar en la evaluación de métodos de procesado digital de señal electrocardiográfica es un asunto de crucial importancia y difícil solución. La situación ideal sería que la comunidad científica consensuara una base de datos estándar que representara de forma fidedigna los diferentes casos que pueden aparecer en situaciones reales. El problema es que esta estrategia no ha sido realmente puesta en práctica y ya desde los primeros estudios de codificación de ECG en cada trabajo se empleaba una base de datos diferente para evaluar su sistema [122, 123]. De esta forma, aparecen varias opciones para elegir la base de datos a utilizar. Una de ellas es emplear un conjunto señales representativo de las que pueden ser encontradas en situaciones prácticas, por ejemplo múltiples señales ECG de diferentes individuos tanto sanos como con patologías diversas. Otra posibilidad es elegir señales que impliquen un “peor caso”, es decir, registros de ECG con formas de onda significativamente distorsionadas debido a diferentes trastornos cardíacos, de manera que se pueda demostrar la aplicabilidad del método de procesado ante las condiciones más adversas, asumiendo que su comportamiento mejora bajo circunstancias de menor exigencia. Por último, se puede utilizar una estrategia completamente opuesta, en la que las señales a usar en las pruebas son aquellas que dan lugar a los mejores resultados del algoritmo propuesto, por lo que se ofrece una visión falsamente mejorada de sus capacidades en comparación con sus prestaciones reales.

La única manera disponible para comparar el comportamiento de un nuevo esquema propuesto con el de otros emplear sus mismas bases de datos. Aunque hay que tener en cuenta que esta comparación puede resultar poco representativa e incluso injusta en el caso de que el conjunto de señales utilizado inicialmente no sea adecuado. Siguiendo esta estrategia, con el paso de los años la base de datos más comúnmente empleada en la evaluación práctica de técnicas de procesado de ECG es la MIT-BIH Arrhythmia Database [124]. Esta base de datos dispone de una gran variedad de señales ECG, correspondientes a distintos tipos de pacientes y patologías, incluyendo tanto registros de ECG típicos, donde se visualiza de manera clara y periódica los clásicos complejos

QRS, como otros más distorsionados, donde es más complicada la identificación de los latidos debido por ejemplo a la presencia de fibrilaciones ventriculares. Por este motivo, gracias a su representatividad, la MIT-BIH Arrhythmia Database se ha consolidado como base de datos de referencia en lo referente a señales de ECG para la evaluación de métodos de compresión y de detección QRS.

Como indica su nombre, el objetivo inicial de la MIT-BIH Arrhythmia Database era facilitar la validación de los sistemas de detección de arritmias. La extensión de su uso, hasta convertirse en una base de datos habitual en el ámbito del procesado de ECG, se ha producido en parte gracias al fácil acceso que siempre se ha tenido a ella. En un principio podía ser adquirida de forma directa mediante la compra de un CD-ROM y posteriormente se facilitó el acceso gratuito a través del portal de internet Physionet [125]. Esta base de datos dispone de 48 registros de ECG diferentes de 30 minutos de duración con dos derivaciones cada uno. Las señales fueron adquiridas con una frecuencia de muestreo de 360 Hz y digitalizadas en un rango de 10 mV con una resolución de 11 bits. Los registros incorporan una línea de base artificial (*offset*) de valor 1024, que convierte todas las muestra cuantificadas en positivas con el fin de facilitar el almacenamiento. Así, para trabajar con las señales originales es recomendable eliminar esta componente antes de iniciar el tratamiento digital. Por ello, en este trabajo se extrae siempre este nivel de *offset* artificial de los registros de esta base de datos antes de su utilización en cualquier tipo de procesado. La MIT-BIH Arrhythmia Database proporciona para todas las señales de ECG distintas anotaciones establecidas por cardiólogos, incluyendo la posición y tipo de latido, por lo que, junto a su variabilidad, se convierte en una base de datos adecuada para la validación de técnicas de detección de complejos QRS.

Por todo ello, en este trabajo se utiliza la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database con el fin de evaluar el comportamiento de los métodos de procesado de ECG desarrollados, tanto en lo referente a compresión como a detección QRS. Con respecto a las dos derivaciones disponibles para cada uno de los 48 registros, en las simulaciones de este estudio se utiliza siempre la primera de ellas, ya que es la que proporciona señales más parecidas a la forma de onda típica del ECG y, como consecuencia, es la que se usa habitualmente en la bibliografía. Asimismo, en múltiples trabajos del estado de la técnica se utiliza solo un conjunto reducido de señales de la MIT-BIH Arrhythmia Database para evaluar la eficacia de los esquemas propuestos, sobre todo en el caso de técnicas orientadas a la compresión de ECG. El uso de esta estrategia puede estar justificado para llevar a cabo análisis preliminares durante el diseño, que ayuden a validar, mejorar o descartar procedimientos que todavía se encuentran bajo desarrollo. En ocasiones también es necesario aplicar un grupo específico de señales de la MIT-BIH Arrhythmia Database para poder comparar el rendimiento de nuevos métodos propuestos con los ya ofrecidos en otros estudios del estado del arte. En cualquier caso, los resultados proporcionados de esta forma no son representativos en términos absolutos. El problema

es que la utilización de un conjunto reducido de señales restringe la cantidad de clases de registros de ECG a tener en cuenta al examinar el comportamiento de nuevos compresores. Además, no se suelen escoger para las pruebas aquellas señales de ECG más exigentes, con lo que las tasas de compresión ofrecidas tienden a estar sobreestimadas [126]. Por este motivo, en este trabajo se emplean todas las señales completas de la MIT-BIH Arrhythmia Database a la hora tanto de corroborar a través de experimentos prácticos las hipótesis teóricas establecidas como de evaluar las capacidades de los nuevos algoritmos desarrollados.

Capítulo 4

Control consistente de calidad en compresión de ECG mediante métricas directas

En este capítulo se presenta el estudio de investigación realizado con el objetivo de obtener un control consistente de calidad en compresión de ECG empleando métricas directas. En primer lugar, en la sección 4.1, se ofrece una introducción para establecer la motivación y la metodología a seguir. Los esquemas de compresión implementados para las pruebas específicas del estudio se definen seguidamente, en la sección 4.2. A continuación, en la sección 4.3, se describe de manera rigurosa el análisis de calidad llevado a cabo, que representa el núcleo del estudio. Por su parte, el análisis realizado en términos de compresión se presenta en la sección 4.4. Para finalizar, las conclusiones extraídas de este trabajo se comentan en la sección 4.5.

4.1. Introducción

En el campo del procesado digital de señales biomédicas, las métricas directas permiten cuantificar de manera sencilla y automática la calidad de reconstrucción en aplicaciones que no ofrecen una recuperación perfecta de la señal original, como sucede en el ámbito de la compresión con pérdidas. En el caso de señales electrocardiográficas, la métrica directa más comúnmente usada para controlar o evaluar la calidad de reconstrucción en esquemas de compresión con pérdidas es el PRD [32, 55, 13, 36, 42, 43, 38, 39, 108, 37]. El PRD se emplea frecuentemente para restringir el error de compresión dentro de un intervalo predefinido, pero el concepto teórico de dicho parámetro ofrece dudas sobre su utilidad para determinar la validez clínica de los ECG obtenidos tras la compresión. Una línea de argumentación que sustenta dicha teoría es que el PRD no proporciona información consistente sobre la degradación de la señal. Esta idea se discute en [127], donde se exponen las ventajas e inconvenientes del uso del PRD y el RMSE a la hora de

garantizar la calidad en compresión de ECG, y también en [128], donde se propone la utilización del RMSE como el parámetro objetivo más adecuado para medir la calidad de reconstrucción en electroencefalogramas.

Con el fin de intentar clarificar este asunto, en este estudio se lleva a cabo un análisis exhaustivo, tanto teórico como empírico, de estas dos métricas, el PRD, incluyendo su versión normalizada (PRDN), y el RMSE. El objetivo es establecer la idoneidad de estos parámetros para la medida de calidad en señales electrocardiográficas y el control del error en aplicaciones de compresión de ECG. Para ello, en primer lugar se realiza un análisis matemático de ambos tipos de medida, con el objetivo de obtener una idea teórica acerca de su estabilidad y consistencia. Partiendo de los resultados teóricos, se define una estrategia de control de calidad para compresores de ECG que permite incorporar ambas métricas, con el fin de evaluar y comparar su comportamiento práctico. Este método de control de calidad se combina con varias técnicas actuales de compresión de ECG que proporcionan buenos resultados trabajando en el dominio de la frecuencia, para poder ver la influencia de las métricas bajo estudio no solo en los resultados de calidad de reconstrucción sino también en la tasa de compresión final. Así, con la incorporación de una etapa previa de conversión tiempo–frecuencia, se definen unos esquemas de compresión completos capaces de proporcionar alta calidad de reconstrucción y buenas tasas compresión.

Finalmente, los diferentes esquemas de compresión, considerando ambas métricas en la etapa de control de calidad, se analizan mediante una base de datos amplia y representativa como es la MIT–BIH Arrhythmia Database. A este respecto, se emplea siempre la primera derivación de las señales y antes del procesado se elimina el nivel de *offset* artificial de valor 1024 que presentan por motivos de almacenamiento. El objetivo de estos experimentos es evaluar la capacidades prácticas de los distintos parámetros en términos de control de calidad, a la vez que se analiza su influencia en los resultados de compresión. La evaluación y comparación de los errores globales y locales, así como de la tasas de compresión obtenidas con las diferentes señales, permiten extraer conclusiones sobre cuál de las figuras de mérito bajo estudio, el PRD o el RMSE, es más adecuada para llevar a cabo un control consistente de la calidad de reconstrucción en esquemas de compresión de ECG.

4.2. Esquemas de compresión

Para poder llevar a cabo una evaluación práctica de las métricas directas bajo estudio, con el fin de comprobar las conclusiones teóricas alcanzadas, es necesario seleccionar e implementar unos esquemas de compresión concretos. Los compresores que se propongan para esta finalidad deben satisfacer dos condiciones principales. La primera es que se trate de métodos actuales del estado de la técnica que proporcionen buenos resultados de compresión. De esta manera, se incrementan los niveles de credibilidad y

utilidad práctica de los resultados obtenidos, al conseguirse con esquemas de compresión reconocidos por la comunidad científica. La segunda es que presenten una etapa de control de calidad donde poder incorporar las distintas medidas a analizar, ya que es el objetivo central del estudio. En base a estas premisas, se decide utilizar esquemas de compresión de ECG basados en umbralización, ya que han suscitado un gran interés en los últimos años debido a que ofrecen excelentes resultados en lo referente a la tasa de compresión, la eficiencia en la implementación y la calidad de reconstrucción [24, 55, 34, 36, 42, 53, 43, 108, 37]. Además, en este tipo de compresores la etapa de umbralización es la que contribuye en mayor medida al error de la señal comprimida, por lo que es habitual que contengan algún mecanismo que permita controlar la calidad de reconstrucción [24, 55, 36, 42, 43, 108, 37], tal y como se necesita para el análisis propuesto en este trabajo.

En este estudio se definen por tanto dos métodos de compresión diferentes pero con una etapa común de umbralización por energía retenida, que incluye la capacidad de controlar la calidad mediante métricas directas. De esta forma, se puede evaluar de manera práctica el control de la calidad de reconstrucción llevado a cabo con las distintas medidas de calidad bajo estudio. Ambos compresores comparten también la etapa inicial de descomposición, en la que se transforman las muestras de la señal original en coeficientes frecuenciales a través de bancos de filtros coseno modulado, ya que proporcionan buenos resultados para compresores basados en umbralización cuando se requiere alta calidad de reconstrucción [24, 126]. Finalmente, ambos esquemas se diferencian en las etapas de cuantificación y codificación entrópica empleadas. En este aspecto, se han elegido dos métodos reconocidos en el estado de la técnica que proporcionan una excelente relación entre el nivel de complejidad y las tasas de compresión resultantes [34, 36]. De esta manera, al reproducir varias estrategias de codificación ya definidas en la bibliografía y, por tanto, aceptadas por la comunidad científica, se pretende garantizar la independencia y representatividad de los resultados de compresión obtenidos con las distintas métricas bajo estudio.

Por tanto, los dos esquemas de compresión implementados se componen de las siguientes cuatro etapas: descomposición de la señal, umbralización por energía retenida con control de calidad, cuantificación y codificación entrópica, como puede verse en la figura 4.1. El primero de estos compresores, llamado Benzid, en referencia al autor que definió originalmente la parte que abarca el cuantificador y el codificador [36], se sirve del método TRE, como se muestra en la figura 4.1(a). Por otra parte, en la figura 4.1(b), se presenta el segundo compresor, que se denomina Chen, en correspondencia con el investigador que propuso los bloques de cuantificación y codificación [34]. Este método de compresión se basa principalmente en la aplicación de códigos Golomb. Las diferentes etapas que forman ambos esquemas de compresión se detallan en las siguientes secciones, donde además se muestra la evolución de la señal original a través de las distintas fases de procesado hasta llegar a la secuencia binaria comprimida.

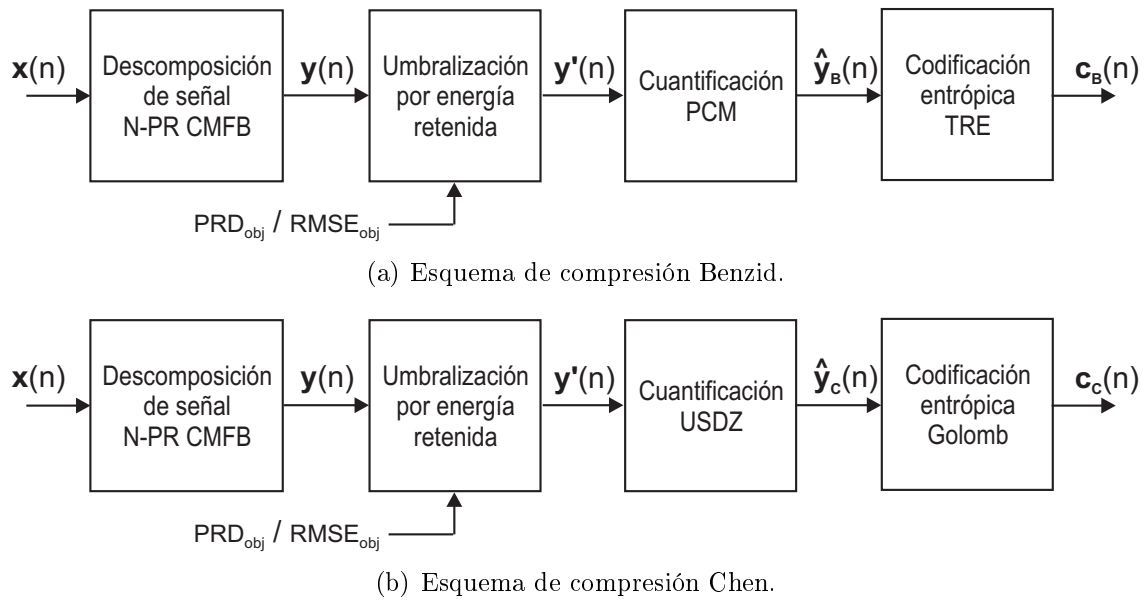


Figura 4.1 – Diagramas de bloques de los compresores desarrollados para evaluar las métricas de calidad.

4.2.1. Descomposición de señal

La energía del ECG no está uniformemente distribuida en el dominio de la frecuencia, por esta razón resulta muy útil descomponer en una primera etapa la señal original en subbandas frecuenciales. Así, cada subbanda se puede procesar de manera diferente según el nivel de importancia o utilidad de la información que aporta. En los registros de ECG, la información más relevante, que incluye las ondas que componen el complejo PQRST, tiende a encontrarse en la bandas correspondientes a frecuencias bajas. En cambio, las componentes de alta frecuencia del ECG se suelen relacionar con ruido o elementos anómalos. Para llevar a cabo este tipo de descomposición de señal, en este trabajo se propone el uso de bancos de filtros coseno modulado de reconstrucción aproximada. La razón principal es que los N-PR CMFB proporcionan mejores resultados de compresión, en comparación con otras técnicas que también permiten descomponer la señal en el dominio frecuencial como los paquetes *wavelet* [24] o la transformada *wavelet* discreta [126]. El incremento en la tasa de compresión al emplear N-PR CMFB es evidente sobre todo ante requisitos de calidad estrictos, es decir, para valores objetivo de PRD o RMSE bajos, como los que se demandan en este trabajo. Los N-PR CMFB son también preferidos respecto a los métodos *wavelet* porque presentan un bajo coste computacional, lo que facilita su implementación práctica en dispositivos portátiles para aplicaciones en tiempo real.

Los N-PR CMFB se describen matemáticamente en la sección 3.4.1 de manera rigurosa, pero básicamente consisten en una subclase de bancos de filtros con M canales modulados de diezmado máximo que son generados a partir de un esquema unifica-

do [112, 113]. Para los compresores desarrollados en este trabajo, se emplean $M = 16$ canales y un filtro base de ventana de Blackman de 192 muestras de longitud. Esta implementación de N-PR CMFB ha demostrado en [24], donde se denomina “clvb16192”, un buen comportamiento al compararse con otras clases de filtros prototipo. De esta forma, en los dos esquemas de compresión utilizados, el registro de ECG original, que se representa mediante el vector de entrada de N muestras $\mathbf{x}(n)$, se descompone en este primer bloque de procesado en 16 subbandas frecuenciales mediante un N-PR CMFB basado en el filtro base “clvb16192”. Los coeficientes de todas las subbandas frecuenciales se concatenan para formar el vector de salida $\mathbf{y}(n)$, también de longitud N , de esta etapa inicial de descomposición de la señal.

4.2.2. Umbralización

La mayor parte de la energía del ECG se concentra en las frecuencias bajas, por lo que al descomponer inicialmente la señal mediante N-PR CMFB se logra concentrar dicha energía en un conjunto reducido de coeficientes de las señales subbanda. En la etapa de umbralización el objetivo es encontrar un valor límite adecuado que descarte las muestras no significativas, correspondientes a las frecuencias altas, en función de la calidad que queramos obtener en la señal recuperada. De esta forma se incorpora a los esquemas de compresión propuestos la capacidad de controlar la calidad de reconstrucción, que es necesaria para poder evaluar en la práctica el comportamiento de las diferentes métricas directas que se estudian. La selección de un umbral más o menos restrictivo afecta también a la tasa de compresión que se alcanza, ya que las secuencias de ceros que se obtienen tras umbralizar dan lugar a una clara redundancia de datos que es aprovechada posteriormente por el codificador entrópico. Por tanto, existe un compromiso entre la calidad de reconstrucción y la tasa de compresión, ya que al aumentar la primera disminuye la segunda y viceversa, que debe resolverse de manera adecuada según la aplicación a implementar.

La etapa de umbralización se implementa mediante la técnica basada en energía retenida propuesta en [115], que se basa en preservar la cantidad de energía suficiente para garantizar un nivel de calidad de reconstrucción determinado. En dicho trabajo, el método de umbralización se define únicamente para el PRD, ya que es la figura de mérito elegida para controlar la calidad, tal y como se describe en la sección 3.4.3. En cambio, en este estudio se desea analizar también el PRDN y el RMSE como medidas de calidad alternativas, por lo que se adapta el método de umbralización por energía retenida para poder ser utilizado con estas dos métricas directas adicionales. En el caso del PRDN, para facilitar el entendimiento durante el desarrollo matemático, definimos una nueva señal $x_{dc}(n)$, que se corresponde con la señal de ECG original $x(n)$ a la que se le ha substraído la componente continua, es decir:

$$x_{dc}(n) = x(n) - \bar{x}, \quad (4.1)$$

donde \bar{x} es el valor medio de la señal $x(n)$, pudiéndose definir el PRDN como

$$PRDN = \sqrt{\frac{\sum_{n=0}^{N-1} (x(n) - \hat{x}(n))^2}{\sum_{n=0}^{N-1} x_{dc}^2(n)}} \cdot 100. \quad (4.2)$$

Esta ecuación se puede expresar en función de la señal de error $e(n)$, que se corresponde con la diferencia entre la señal de ECG original, $x(n)$, y la reconstruida tras compresión, $\hat{x}(n)$, y, consecuentemente, se puede introducir la energía perdida (ver ecuación (3.26)) de la siguiente manera:

$$PRDN = \sqrt{\frac{\sum_{n=0}^{N-1} e^2(n)}{\sum_{n=0}^{N-1} x_{dc}^2(n)}} \cdot 100 = \sqrt{\frac{E_L}{\sum_{n=0}^{N-1} x_{dc}^2(n)}} \cdot 100. \quad (4.3)$$

La energía perdida se despeja entonces de la ecuación (4.3), obteniendo

$$E_L = \left(\frac{PRDN}{100}\right)^2 \cdot \sum_{n=0}^{N-1} x_{dc}^2(n) = \left(\frac{PRDN}{100}\right)^2 \cdot E_{DC}, \quad (4.4)$$

donde se introduce la variable E_{DC} , que es la energía de la señal $x_{dc}(n)$. La energía retenida, E_R , se calcula como la diferencia entre la energía total de la señal $x(n)$, E_T , y la perdida durante el procesado, E_L , con lo que se tiene

$$E_R = E_T - E_L = E_T - E_{DC} \cdot \left(\frac{PRDN}{100}\right)^2. \quad (4.5)$$

Si se fija un valor objetivo de la medida de calidad $PRDN_{obj}$ para definir *a priori* la calidad de reconstrucción, es posible determinar la cantidad de energía que es necesario retener:

$$E_{Robj} = E_T - E_{DC} \cdot \left(\frac{PRDN_{obj}}{100}\right)^2. \quad (4.6)$$

Se puede observar que la ecuación (4.6) es equivalente a la obtenida con el PRD en la ecuación (3.32), con la diferencia de que, al emplear la señal normalizada respecto a la media, no hay redundancia de la variable E_T para poder simplificar utilizándola como factor común.

Con el RMSE, es posible llevar a cabo un análisis similar a los ya realizados tanto con el PRD como con el PRDN para conseguir una expresión de energía retenida que dependa del valor de calidad objetivo $RMSE_{obj}$. Por tanto, en primer lugar redefinimos el RMSE en términos del error entre señales, $e(n)$, y seguidamente de la energía perdida,

E_L , como sigue:

$$\text{RMSE} = \sqrt{\frac{\sum_{n=0}^{N-1} e^2(n)}{N}} = \sqrt{\frac{E_L}{N}}. \quad (4.7)$$

A continuación se despeja la variable E_L de la anterior ecuación, dando lugar a

$$E_L = N \cdot \text{RMSE}^2. \quad (4.8)$$

El siguiente paso consiste en obtener la expresión de la energía retenida E_R en función del RMSE:

$$E_R = E_T - E_L = E_T - N \cdot \text{RMSE}^2. \quad (4.9)$$

Finalmente, basta con especificar la ecuación (4.9) usando el valor concreto RMSE_{obj} , con el fin de determinar el nivel de energía que es necesario retener como objetivo:

$$E_{Robj} = E_T - N \cdot \text{RMSE}_{obj}^2. \quad (4.10)$$

Un aspecto importante a tener en cuenta en esta etapa concreta de umbralización por energía retenida, adaptada a los esquemas de compresión de la figura 4.1, es la manera de calcular la energía total de la señal E_T . En este sentido, hay que tener en cuenta que la técnica N-PR CMFB introduce una pequeña pérdida de energía, ya que se trata de un método de reconstrucción aproximada, por lo que no es conveniente emplear la secuencia de salida de la etapa inicial de descomposición $\mathbf{y}(n)$ para el cálculo de la energía total, como se propone en la sección 3.4.3. El motivo es que no se obtendría el valor de E_T de la señal original, con lo que se introduciría un pequeño error de reconstrucción, que puede ser significativo si se requieren niveles altos de calidad. Este inconveniente se soluciona fácilmente empleando en su lugar la secuencia de ECG original $\mathbf{x}(n)$ para calcular E_T :

$$E_T = \sum_{n=0}^{N-1} \mathbf{x}^2(n). \quad (4.11)$$

De esta forma, no se propaga el error de los N-PR CMFB, siendo absorbido en el proceso de control de calidad. Es decir, la cantidad de energía a preservar se obtiene respecto a la energía total original, asumiendo el error de los coeficientes generados con los N-PR CMFB. La consecuencia es, por tanto, que el valor umbral será algo más estricto que en el caso de haber usado una transformación de reconstrucción perfecta, para compensar el error de la etapa de descomposición. Como contraprestación, se mantienen las ventajas de los N-PR CMFB sin afectar al control de la calidad de reconstrucción.

Una vez que se determina la cantidad de energía E_{Robj} que es necesario retener en la señal comprimida para controlar la calidad en concordancia con un valor objetivo establecido *a priori* en términos de PRD (PRD_{obj}), PRDN (PRDN_{obj}) o RMSE (RMSE_{obj}),

se calcula el umbral correspondiente que permita preservarla con la mayor exactitud posible. En este sentido, no es adecuado obtener un umbral demasiado alto, de manera que no se alcance la energía retenida objetivo, ya que degradaría la calidad de reconstrucción por encima del valor requerido *a priori*. Tampoco es útil establecer un umbral demasiado bajo, ya que restringiría en exceso la calidad de la señal recuperada, reduciendo las capacidades de compresión.

Por tanto, para calcular el umbral más apropiado, se parte de la secuencia de coeficientes $\mathbf{y}(n)$ generada tras la primera etapa de descomposición subbanda mediante N-PR CMFB. Los valores generados tras aplicar esta descomposición mantienen una relación cuadrática con la energía de la señal por lo que se puede aplicar el método de umbralización por energía retenida, tal y como se describe en la sección 3.4.3. Por tanto, en primer lugar se ordenan las muestras de $\mathbf{y}(n)$ de menor a mayor según su valor absoluto para obtener el vector ordenado $\mathbf{y}_s(n)$ (ver ecuación (3.33)). A continuación, se van acumulando los coeficientes de mayor magnitud hasta alcanzar la cantidad de energía retenida objetivo:

$$E_{Robj} \geq \sum_{i=0}^u y_{(i)}^2, \quad (4.12)$$

mientras que el resto de coeficientes, que son los de menor valor, se descartan al corresponderse con la energía perdida de manera controlada:

$$E_L \leq \sum_{i=u+1}^{N-1} y_{(i)}^2. \quad (4.13)$$

De esta forma, se obtiene como salida la señal umbralizada $\mathbf{y}'(n)$ de N muestras que mantiene en las posiciones originales de $\mathbf{y}(n)$ los coeficientes significativos, proporcionados por el vector $\mathbf{y}_s^{(u)}(n) = [y_{(1)}, y_{(2)}, \dots, y_{(u)}]^T$, de dimensión $u \times 1$, mientras el resto se rellenan con ceros.

4.2.3. Cuantificación

Los dos esquemas de compresión propuestos divergen a partir de la etapa de cuantificación, como se puede ver en la figura 4.1. En lo que respecta al control de la calidad de reconstrucción, la cuantificación introduce cierto error, al pasar de un formato de representación de más precisión, como por ejemplo el de coma flotante, a uno que utiliza un menor número de bits por muestra. Para restringir la influencia de dicha distorsión, en este trabajo se establece una estrategia que consiste en asegurar que la calidad obtenida con la señal cuantificada $\hat{\mathbf{y}}(n)$ no se desvía más que un determinado límite respecto al valor de calidad objetivo. En este sentido, para asegurar un control estricto de calidad, se establece una tolerancia del 2% respecto al parámetro objetivo PRD_{obj} , $PRDN_{obj}$ o $RMSE_{obj}$, según la métrica de control empleada.

El esquema de compresión Benzid utiliza la cuantificación PCM adaptativa propuesta en [36]. Esta técnica se basa en la cuantificación PCM estándar, descrita en la sección 3.4.4, con la diferencia de que se va aumentando el número de bits, Q , desde 6 hasta 10, mientras que el error de reconstrucción sobrepase el límite de tolerancia. Es decir, en primer lugar se aplica a la señal umbralizada de entrada $\mathbf{y}'(n)$, de longitud N , una cuantificación PCM típica con $Q = 6$, obteniendo la primera versión de la señal $\hat{\mathbf{y}}_{\mathbf{B}}(n)$ con los N coeficientes cuantificados. A continuación se calcula la calidad de reconstrucción entre $\hat{\mathbf{y}}_{\mathbf{B}}(n)$ y $\mathbf{x}(n)$ usando la métrica de control elegida. Si el valor de calidad obtenido supera el límite de tolerancia especificado con respecto a la medida de calidad objetivo, se incrementa el valor de Q en uno. Este proceso se repite hasta que se alcanza el nivel de calidad objetivo, considerando el margen de desviación del 2%, o se supera el tope de número de bits, $Q > 10$, lo que ocurra antes. La versión de señal cuantificada $\hat{\mathbf{y}}_{\mathbf{B}}(n)$ que haya sido calculada inmediatamente antes de que se cumpla cualquiera de estas dos condiciones es la que se proporciona como salida y se emplea en la etapa final de codificación entrópica.

Por su parte, el compresor Chen emplea la cuantificación USDZQ de [34], pero modificada para proporcionar un tamaño de intervalo variable y poder mantener la calidad de reconstrucción bajo control. De esta forma, la técnica de cuantificación que finalmente se implementa toma como base la estrategia USDZQ original, expuesta en la sección 3.4.4, pero incorpora una disminución iterativa del coeficiente δ mientras el error de reconstrucción no cumpla con el requisito de desviación con respecto al parámetro objetivo fijado *a priori*. Por tanto, el procedimiento es similar al explicado anteriormente para el PCM adaptativo. Primeramente, se lleva a cabo una cuantificación USDZQ original con la señal umbralizada de entrada $\mathbf{y}'(n)$, que presenta N muestras, usando $\delta = 0,6 \cdot \varepsilon$, siendo ε el umbral de la etapa anterior. De esta manera, se consigue la primera versión de la señal cuantificada $\hat{\mathbf{y}}_{\mathbf{C}}(n)$, también de longitud N . Seguidamente se determina la calidad de reconstrucción entre $\hat{\mathbf{y}}_{\mathbf{C}}(n)$ y $\mathbf{x}(n)$ mediante el parámetro de control correspondiente. Si el nivel de calidad que se obtiene no se encuentra dentro del margen de tolerancia establecido con respecto a la métrica de calidad objetivo, se reduce δ , y consecuentemente el intervalo de cuantificación, a la mitad. Este procedimiento se repite hasta que el nivel de calidad de reconstrucción conseguido cumpla con el criterio de desviación máxima permitida del 2%, o que δ quede por debajo de un valor mínimo, δ_{min} . El umbral inferior para δ se establece como aquel que proporciona un intervalo de cuantificación equivalente a la que ofrecería una cuantificación PCM de 10 bits, para que los límites de calidad de ambos compresores sean equivalentes:

$$\delta_{min} = \frac{\max_{\forall n} \{\mathbf{y}'(n)\} - \min_{\forall n} \{\mathbf{y}'(n)\}}{2^{11}}. \quad (4.14)$$

Así, la versión de señal $\hat{\mathbf{y}}_{\mathbf{C}}(n)$, con N coeficientes cuantificados, que sea generada inmediatamente antes de que se satisfaga cualquiera de las dos condiciones anteriores es la

que se entrega como salida y pasa al bloque de codificación entrópica, que es la última fase del esquema de compresión.

4.2.4. Codificación entrópica

La etapa de codificación entrópica es la principal responsable de reducir la cantidad de datos necesarios para representar la señal electrocardiográfica. La efectividad del método de codificación elegido depende en gran medida de la capacidad de los bloques de procesamiento anteriores para adaptar la señal original de manera adecuada. Al utilizar esquemas de compresión basados en umbralización se espera obtener largas secuencias de ceros, con los coeficientes significativos, que se preservan por albergar la información más relevante, intercalados entre ellas. Por tanto, la estrategia de codificación entrópica que conviene aplicar debe ser eficiente ante señales de entrada de este tipo. Este es el caso de los sistemas de codificación RLE que se emplean en [34, 36], que son los que se seleccionan para los compresores de este estudio.

El codificador entrópico que se implementa en el esquema de compresión Benzid es el correspondiente al algoritmo definido en [36]. Esta técnica, que se expone con más detalle en la sección 3.4.5, se basa en codificar tanto las longitudes de las secuencias de ceros como los coeficientes significativos de manera directa, con un bit más que los empleados en la cuantificación: $Q + 1$. Este bit adicional se emplea en la palabra código como prefijo, para indicar el tipo de dato al que se refiere, es decir, valor significativo (“1”) o cadena de ceros (“0”). De esta manera, la señal cuantificada $\hat{\mathbf{y}}_{\mathbf{B}}(n)$, de longitud N , se codifica con el método TRE para dar lugar a una secuencia binaria $\mathbf{c}_{\mathbf{B}}(n)$, que permite recuperar posteriormente la señal ECG original respetando el valor de calidad objetivo fijado *a priori*.

Por su parte, para el compresor Chen se reproduce la técnica de codificación original presentada en [34]. Este método se basa en códigos Golomb, ya que consiste en codificar por una parte las extensiones de las secuencias de ceros mediante una técnica de tipo Exp–Golomb, y por otra parte los coeficientes significativos usando una estrategia Golomb–Rice, tal y como se describe en la sección 3.4.5. Las secuencias de ceros y los valores no nulos se codifican siempre de manera alterna, por lo que cuando aparecen dos coeficientes significativos consecutivos hay que introducir una cadena de ceros de longitud nula entre ellos. Así, las sucesivas palabras código binarias que se generan al aplicar esta codificación Golomb a los N coeficientes cuantificados de $\hat{\mathbf{y}}_{\mathbf{C}}(n)$ se concatenan para formar la secuencia final de salida $\mathbf{c}_{\mathbf{C}}(\mathbf{n})$. De esta forma, al decodificar posteriormente dicha secuencia binaria, tras almacenamiento o transmisión, se reconstruye el registro ECG original manteniendo el nivel de calidad definido inicialmente como objetivo.

En ambos casos, las señales binarias de salida no solo incluyen las palabras código de los coeficientes cuantificados, que se obtienen con los codificadores TRE y Golomb, sino también el resto de parámetros auxiliares que permiten recuperar posteriormente la señal. De esta manera se asegura la obtención de resultados de compresión representati-

vos para aplicaciones prácticas, donde las tasas de compresión no están sobreestimadas. Estos datos adicionales se codifican de forma directa con un número de bits fijos y se incluyen en las cabeceras de $\mathbf{c}_B(n)$ o $\mathbf{c}_C(n)$, según se emplee el compresor Benzid o Chen, respectivamente. Una de estas variables auxiliares, que es común para ambos esquemas de compresión, es la longitud del segmento, que debe incluirse si la señal original se divide en bloques para su procesamiento. El tamaño de segmento se toma como una potencia de 2 para acelerar la computación de determinadas operaciones, por ello basta con codificar el exponente con 4 bits para poder usar bloques de hasta $2^{15} = 32768$ muestras. En el caso del compresor Benzid hay que considerar además los límites superior e inferior de la cuantificación PCM (16 bits en coma flotante cada uno) y el número final de bits de cuantificación (4 bits) como datos auxiliares. Por su parte, al comprimir con el método Chen, también hay que tener en cuenta como parámetro adicional el valor final de δ empleado para la cuantificación USDZQ (16 bits en coma flotante).

4.3. Análisis de calidad

El análisis principal al que se someten las diferentes métricas directas bajo estudio, es decir el PRD y el RMSE, tiene como objetivo evaluar si son capaces de proporcionar un control consistente de la calidad de reconstrucción en el ámbito de la compresión de ECG. El propósito es llegar a determinar si el PRD, que es la figura de mérito más habitual en la bibliografía, y el RMSE, que se ofrece en ocasiones como alternativa, proporcionan una referencia robusta de la calidad de la señal de ECG comprimida, en comparación con el registro original. Para ello, en primer lugar se lleva a cabo un estudio teórico, basado en el análisis de sus expresiones matemáticas, con el fin de establecer de manera rigurosa sus ventajas e inconvenientes. Además, para complementar de manera práctica algunas de las hipótesis teóricas que se van estableciendo, se incluyen ejercicios experimentales, para los que se requiere la utilización de los esquemas de compresión basados en umbralización propuestos. Para estos sencillos ejercicios se emplea concretamente el compresor Chen. En este sentido, hay que tener en cuenta que el esquema de compresión Benzid usa exactamente la misma estrategia de control de la calidad de reconstrucción, como se explica en la sección 4.2, por lo que proporcionaría resultados equivalentes.

Antes de comenzar el estudio teórico, con la finalidad de facilitar el análisis matemático, se introduce una nueva notación para definir tanto las distintas señales como las diferentes medidas de calidad que se emplean. El motivo es que la segmentación inicial de los registros de ECG originales en bloques es una práctica común, ya que permite agilizar la computación, reducir las necesidades de almacenamiento temporal y facilitar las aplicaciones en tiempo real. Estos segmentos son procesados individualmente a través de los esquemas de compresión, con lo que se va obteniendo la señal de ECG comprimida por partes. Así, se puede ir recuperando en destino la señal de ECG poco a poco y no es necesario esperar a la adquisición del registro de ECG completo para comenzar el

análisis. Con la notación habitual usada hasta ahora no resulta inmediato conocer qué parte de la señal de ECG se está evaluando mediante la métrica en cuestión, véase por ejemplo la ecuación (3.1) del PRD. En cambio, en la notación que se presenta a continuación se indica explícitamente la posición final del segmento de ECG empleado así como su longitud.

Con la nueva notación, un segmento de la señal de ECG original se representa mediante el vector $\mathbf{x}_N(n) = [x(n), x(n-1), \dots, x(n-N+1)]^T$, de dimensión $N \times 1$, donde variable n indica la posición final del segmento, comenzando en 0, y el subíndice N su tamaño. A modo de ejemplo, si el registro de ECG original se divide en bloques de 1024 muestras, el vector correspondiente al segundo segmento se expresa como $\mathbf{x}_{1024}(2047)$. Así, empleando esta nueva notación, el PRD se define como:

$$\mathcal{D}_N(n) = \frac{\sqrt{\sum_{l=0}^{N-1} e^2(n-l)}}{\sqrt{\sum_{l=0}^{N-1} x^2(n-l)}} \cdot 100 = \frac{\|\mathbf{e}_N(n)\|}{\|\mathbf{x}_N(n)\|} \cdot 100, \quad (4.15)$$

donde $\mathbf{e}_N(n) = \mathbf{x}_N(n) - \hat{\mathbf{x}}_N(n)$, siendo $\hat{\mathbf{x}}_N(n)$ la señal reconstruida tras la compresión de $\mathbf{x}_N(n)$, y $\|\cdot\|$ se corresponde con la norma euclídea de un vector, también referida como su magnitud. Además se actualiza el símbolo que se utiliza para denotar el PRD a \mathcal{D} , con el fin de clarificar que se está empleando la nueva notación. Al analizar matemáticamente la ecuación (4.15), se puede observar que el valor de calidad proporcionado por el PRD es de tipo porcentual y que depende de la amplitud de la señal de ECG original. Así, para un valor concreto de PRD, el error permitido en términos absolutos es mayor para señales que presentan una mayor energía. Esto se desprende directamente de la ecuación (4.15), donde se observa que el PRD es un cociente entre el error medio y la magnitud del registro original. Por tanto, para señales con idéntico error medio, siendo éste el valor que se encuentra en el numerador de la ecuación (4.15), el PRD es menor cuanto mayor es la amplitud media del registro de ECG original, que es el dato que se presenta en el denominador de la ecuación (4.15). Por tanto, el PRD apenas proporciona información sobre la desviación absoluta entre la señal original y la reconstruida, ya que el resultado queda supeditado a la norma del registro de ECG adquirido inicialmente.

Esta idea se ilustra claramente mediante el ejemplo de la figura 4.2 donde dos señales diferentes de $N = 1024$ muestras se comprimen, usando el esquema de compresión Chen e imponiendo *a priori* una misma calidad objetivo de $\text{PRD}_{obj} = 2\%$ con una tolerancia de error del 2%. Para comprobar la influencia de la magnitud de ambas señales en los resultados de PRD, se calcula su valor cuadrático medio (RMS: *root mean square*), que proporciona información de la norma de un vector normalizada con respecto a su longitud:

$$x_{rms,N}(n) = \frac{\|\mathbf{x}_N(n)\|}{\sqrt{N}}. \quad (4.16)$$

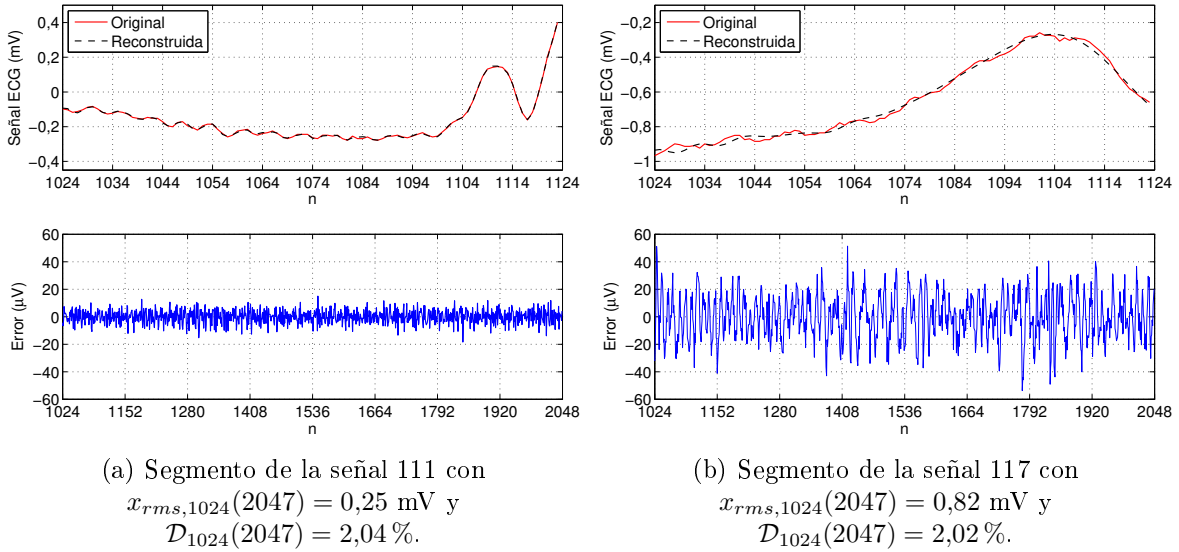


Figura 4.2 – Ejemplo de compresión de dos señales de ECG de 1024 muestras de la MIT-BIH Arrhythmia Database. El panel superior de ambas figuras muestra una sección de 100 muestras de las señales original y reconstruida superpuestas. El error de compresión, diferencia entre la señal recuperada y la original, se representa en el panel inferior.

El RMS es proporcional al denominador de la ecuación (4.15) y ofrece, por tanto, una idea de la variación que sufre el PRD en función de la energía de la señal que se evalúa. En el ejemplo propuesto, el RMS del segmento de la señal 111 ($x_{rms,1024}(2047) = 0,25 \text{ mV}$) es tres veces menor que el de la señal 117 ($x_{rms,1024}(2047) = 0,82 \text{ mV}$). Esta diferencia en amplitud global se puede apreciar visualmente si comparamos entre sí los extractos de 100 muestras, correspondientes a los segmentos originales de ECG, que se presentan en los paneles superiores de la figura 4.2 mediante líneas rojas continuas. De esta forma, aunque el valor de PRD que se obtiene con ambas señales es el mismo, el error absoluto de reconstrucción que se obtiene tras la compresión, medido en voltios en los gráficos inferiores, es significativamente mayor para la señal 117, que es la que presenta el RMS más alto. Esto también se puede ver en los gráficos superiores de ambos casos, ya que en el de la derecha la forma de onda de la señal recuperada difiere claramente de la original, mientras que en la de la izquierda la diferencia entre ambas la líneas, la roja continua y la negra discontinua, es imperceptible.

Por todos estos motivos se concluye que existe un problema de consistencia en la interpretación de los resultados del PRD, ya que un mismo valor de dicha métrica da lugar a reconstrucciones de la señal de diferente calidad, como se muestra en el ejemplo de la figura 4.2. Este hecho se corrobora tanto de manera cognitiva, al comparar visualmente la semejanza entre la señal comprimida y la original, como matemáticamente, al calcular el error absoluto entre ellas en términos de voltaje. Por tanto, de partida resulta confuso evaluar de manera sistemática la calidad de reconstrucción en compresión de ECG en base a un parámetro que presenta este tipo de comportamiento.

El PRDN resuelve en parte el problema de dependencia que presenta el PRD con la amplitud de la señal. Siguiendo la nueva notación, el PRDN se expresa como

$$\mathcal{D}_{0,N}(n) = \frac{\|\mathbf{e}_N(n)\|}{\|\mathbf{x}_N(n) - \bar{x}_N(n)\mathbf{1}_N\|} \cdot 100, \quad (4.17)$$

donde $\bar{x}_N(n)$ representa la media del vector $\mathbf{x}_N(n)$ y $\mathbf{1}_N$ es un vector columna de unos de longitud N . En la ecuación (4.17) se puede ver que el PRDN consiste básicamente en el cálculo del PRD sobre una señal de ECG a la que se le ha extraído la componente continua. Esta línea de base contribuye de manera importante a la energía de una señal, por lo que si se elimina, la diferencia en amplitud entre distintas señales del mismo tipo, adquiridas de manera idéntica, se reduce. El problema es que, aún eliminando la componente continua, se pueden encontrar variaciones significativas de magnitud entre registros diferentes. Esto es debido a que cada señal es susceptible de presentar una morfología bien distinta, según el estado de cada paciente, con tamaños variados de las ondas que forman el complejo PQRST. El PRDN presenta además un inconveniente significativo, ya que no es apto para controlar la calidad de todo el registro de ECG, en conjunto, cuando se procesa por segmentos. Esta problemática, que se analiza en detalle con los resultados de los ejercicios prácticos, se basa en que la extracción de los valores medios bloque a bloque permite que se garantice el mismo nivel de PRDN objetivo para los segmentos, pero no así para la señal completa, a la que le corresponde un valor medio global.

El RMSE también se puede denotar de acuerdo a la nueva notación propuesta, de la siguiente forma:

$$e_{rms,N}(n) = \frac{\|\mathbf{e}_N(n)\|}{\sqrt{N}} = \frac{\mathcal{D}_N(n) \cdot x_{rms,N}(n)}{100}. \quad (4.18)$$

Esta expresión permite concluir que el RMSE, a diferencia de las métricas de la familia del PRD, elimina cualquier dependencia con respecto a la magnitud de la señal de ECG original. El RMSE es una medida de calidad que sólo depende del error absoluto correspondiente a la diferencia que existe entre señales. De hecho, al expresar el RMSE en función del PRD, se requiere la incorporación del término relativo al RMS de la señal que se examina para especificar la información porcentual aportada por el PRD.

La medida de calidad MAX, que permite evaluar el grado de distorsión que presenta la señal de ECG recuperada a nivel local, en términos de error máximo absoluto, también se puede definir con la nueva notación:

$$\mathcal{E}_N(n) = \max_{\forall n} \{|\mathbf{e}_N(n)|\}. \quad (4.19)$$

Para poder asegurar que el control de la calidad de la señal reconstruida se lleva a cabo de manera consistente, el análisis debe tener en cuenta la manera en la que es necesario ejecutar la compresión de registros de ECG para aplicaciones prácticas. Como

se ha explicado anteriormente, a la hora de procesar registros de ECG de larga duración no se suele trabajar sobre la secuencia completa sino usando segmentos sin solapamiento. Las ventajas principales que se obtienen al emplear esta estrategia son la reducción de los requisitos computacionales y la posibilidad de implementar soluciones en tiempo real, entre otras. Al llevar a cabo la segmentación, antes de comenzar el proceso de compresión, la señal de ECG original se divide en bloques de N muestras:

$$\mathbf{x}_i(n) = \mathbf{x}_N(n + iN), \quad (4.20)$$

donde $i = 0, 1, \dots, K - 1$, siendo K el número total de bloques que forman el registro completo. Por ello, la medida de calidad debe llevarse a cabo segmento a segmento, de forma que los resultados de calidad de reconstrucción para cada uno de ellos se ajusten al valor fijado *a priori* como objetivo. Así, en el caso de emplear el PRD como métrica de calidad, se requiere cumplir con la condición:

$$\mathcal{D}_N(n + iN) \simeq \text{PRD}_{obj} \quad \forall 0 \leq i < K \quad (4.21)$$

De esta manera se pretende que, al evaluar la calidad de reconstrucción sobre la señal completa $\mathbf{x}_{KN}(n + (K - 1)N)$, se respete igualmente la condición objetivo:

$$\mathcal{D}_{KN}(n + (K - 1)N) \simeq \text{PRD}_{obj}, \quad (4.22)$$

donde el subíndice KN simboliza una longitud de vector equivalente a $K \cdot N$ muestras. En este estudio se emplea un tamaño de segmento de $N = 1024$. En general, se aprovecha la ventaja que supone procesar la señal de ECG en bloques de tamaño igual a una potencia de 2, ya que así se facilita la computación de determinadas operaciones, reduciendo los requisitos de memoria y agilizando su ejecución. El uso de $N = 1024$ no proporciona las tasas de compresión más altas, pero está adecuadamente orientado a aplicaciones prácticas en tiempo real, donde es importante que la información llegue al destino lo antes posible para ser analizada, por lo que es el preferido en múltiples trabajos de la bibliografía referentes a compresión de ECG [30, 34, 42, 56, 39, 53, 116, 38, 119, 126].

Tras realizar el análisis teórico preliminar con las distintas medidas de calidad, se propone un primer experimento práctico, con la finalidad de estudiar la capacidad que ofrecen dichas figuras de mérito para controlar la calidad de reconstrucción segmento a segmento cuando se fija *a priori* un valor global de calidad como objetivo. Esta prueba se realiza con la señal 117 completa, de la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database, dividiéndola en $K = 634$ bloques de $N = 1024$ muestras (las muestras finales restantes se descartan al no poderse completar un segmento completo). Estos segmentos se van introduciendo consecutivamente en el esquema de compresión Chen de manera que se procesen uno a uno. El experimento se divide en tres ejecuciones del compresor con la señal descrita, de manera que en cada una de ellas se emplea una métrica diferente como

parámetro objetivo con el que controlar la calidad de reconstrucción. Los resultados obtenidos con cada una de las medidas de calidad, es decir, el PRD, el PRDN y el RMSE, se muestran en la tabla 4.1. En ella, se proporcionan en primer lugar los valores obtenidos con la señal completa, denotados con el subíndice KN , es decir después de que se procesen todos los bloques y la señal sea recuperada en su totalidad. Además se calculan los 634 valores de calidad que se obtienen para cada segmento y se computa tanto la media, representada mediante la esperanza matemática $E\{\cdot\}$, como la desviación estándar, que se expresa con la variable σ .

Para llevar a cabo una comparación justa entre los resultados de las tres figuras de mérito que se examinan, los valores definidos *a priori* como objetivo han de ser equivalentes, de manera que los niveles de calidad que se pretenden alcanzar en todas las simulaciones sean análogos y se pueda evaluar en qué caso se proporciona un comportamiento más preciso y consistente. Para ello, los resultados que se obtienen en la primera ejecución, en la que se utiliza el PRD como parámetro de control de calidad, se emplean como referencia para determinar los niveles de calidad requeridos posteriormente para el PRDN y el RMSE. Así, el procedimiento que se sigue es el siguiente:

1. En la primera ejecución, se usa el PRD para controlar la calidad, definiéndose como valor objetivo $PRD_{obj} = 2\%$. En esta prueba, se obtienen los resultados que se muestran en la segunda columna de la tabla 4.1.
2. El valor de PRDN para la señal completa obtenido como resultado de la primera simulación se emplea en la segunda prueba como objetivo $PRDN_{obj} = 7,48\%$, usándose, por tanto, en este caso el PRDN para controlar la calidad de reconstrucción. Los valores de calidad conseguidos en esta segunda ejecución se presentan en la tercera columna de la tabla 4.1.
3. Para la tercera simulación se utiliza el RMSE como medida para controlar la calidad y se aplica como valor objetivo el resultado de RMSE para la señal completa obtenido en la primera ejecución $RMSE_{obj} = 17,46\mu V$. En este caso, los resultados de calidad se pueden observar en la última columna de la tabla 4.1.

Tabla 4.1 – Resultados de calidad para la señal 117 completa de la MIT-BIH Arrhythmia Database usando las distintas métricas directas bajo estudio como parámetro objetivo.

	$PRD_{obj} = 2\%$	$PRDN_{obj} = 7,48\%$	$RMSE_{obj} = 17,46\mu V$
$\mathcal{D}_{KN}(KN - 1)$	2,02	1,80	2,04
$\mathcal{D}_{0,KN}(KN - 1)$	7,48	6,66	7,55
$e_{rms,KN}(KN - 1)$	17,46	15,55	17,62
$E\{\mathcal{D}_N(n)\} \pm \sigma$	2,02 \pm 0,05	1,79 \pm 0,42	2,09 \pm 0,32
$E\{\mathcal{D}_{0,N}(n)\} \pm \sigma$	8,80 \pm 1,37	7,57 \pm 0,15	8,98 \pm 1,04
$E\{e_{rms,N}(n)\} \pm \sigma$	17,32 \pm 2,22	15,15 \pm 3,50	17,61 \pm 0,39

Los resultados obtenidos muestran que los valores de PRD por segmento se corresponden de manera consistente con el valor final para toda la señal. Este mismo comportamiento se puede apreciar para el RMSE, tal y como reflejan los datos de la tabla 4.1. En ambos casos, la calidad de reconstrucción final para el registro completo se desvía únicamente entorno al 1 % del requisito de partida. Por el contrario, en el caso del PRDN, se observa que para una calidad objetivo del 7.48 %, se obtiene un valor medio por segmento en consonancia, del 7.57 %, algo que es lógico ya que el control de calidad se realiza bloque a bloque. El problema es que el valor final de PRDN para el registro completo es del 6.66 %, es decir, muy diferente al objetivo especificado *a priori*. De esta manera, la calidad proporcionada al reconstruir toda la señal presenta una desviación del 11 % respecto al valor objetivo, muy por encima del 2 % de tolerancia establecido como requisito.

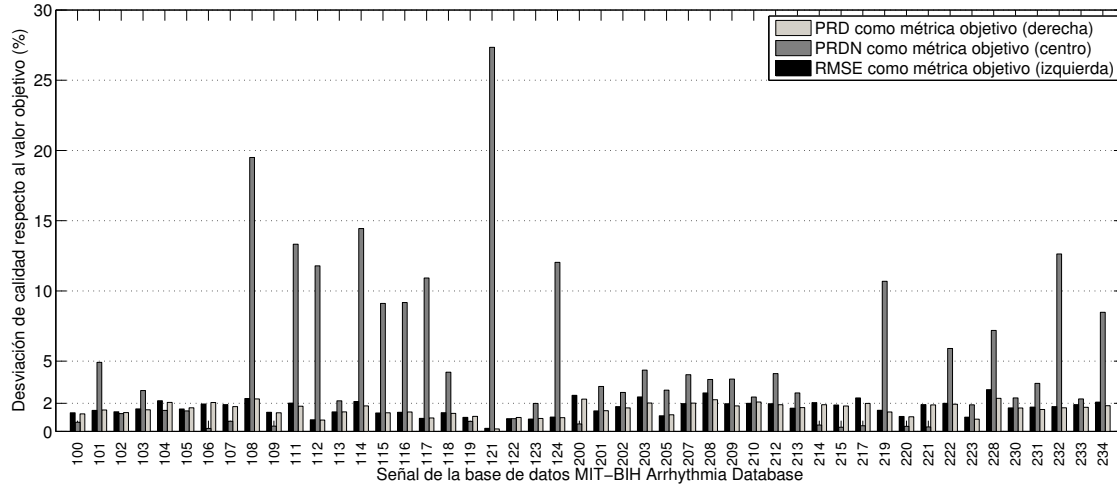
Este mismo experimento se reproduce con el resto de señales completas de la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database con la finalidad de comprobar si se pueden generalizar las conclusiones extraídas. Los resultados de desviación de la calidad obtenida tras la compresión con respecto al valor objetivo definido inicialmente se muestran en la figura 4.3 para los 48 registros. En el panel superior, se representa la desviación de la calidad de reconstrucción final para la señal completa respecto al valor objetivo establecido *a priori*. Por ejemplo, tomando como referencia la nomenclatura de la tabla 4.1, para el caso del PRD como métrica objetivo, la desviación que se proporciona en la figura 4.3(a) se calcula como $|\mathcal{D}_{KN}(KN - 1) - \text{PRD}_{obj}| \cdot 100/\text{PRD}_{obj}$.

De esta forma, en la gráfica de la figura 4.3(a) se observa que el PRDN manifiesta una clara falta de estabilidad y consistencia, ya que la desviación varía de forma significativa de una señal a otra. De hecho, para múltiples señales, los niveles de desviación del PRDN superan la tolerancia especificada del 2 % respecto al valor objetivo. Por contra, las otras dos métricas bajo análisis, tanto el PRD como el RMSE, ofrecen desviaciones regulares entorno al límite de error establecido del 2 %.

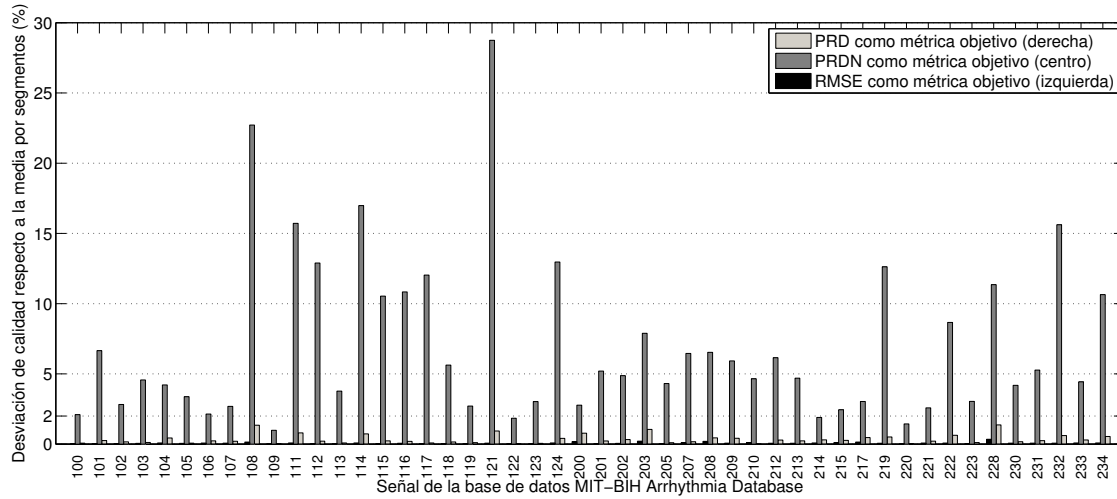
La razón por la cual se obtienen estos resultados cuando se emplea el PRDN como métrica objetivo para el control de la calidad de reconstrucción es que las componentes continuas de cada segmento, y consecuentemente la de la señal completa, son distintas. Sea $\bar{x}_N(n + iN)$ el valor medio del segmento $(i - 1)$, es habitual por tanto encontrarse con que $\bar{x}_N(n + iN) \neq \bar{x}_N(n + jN)$, $\forall i \neq j$. Esto es equivalente en la práctica a tener una señal con discontinuidades en el borde de cada bloque debido a la extracción de diferentes niveles de línea de base. A pesar de dichas discontinuidades, el valor objetivo de PRDN definido *a priori* sí que se respeta en cada uno de los segmentos:

$$\mathcal{D}_{0,N}(n + iN) = \text{PRDN}_{obj}, \quad i = 0, 1, \dots, K - 1, \quad (4.23)$$

porque el control de calidad se lleva a cabo bloque a bloque de manera individual y los desajustes entre segmentos no afectan. Sin embargo, el PRDN global se calcula sobre el registro completo $\mathbf{x}_{KN}(n + (K - 1)N)$, que presenta un único valor medio



(a) Desviación de la calidad para la señal completa con respecto al valor objetivo.



(b) Desviación de la calidad para la señal completa con respecto al valor medio de los segmentos.

Figura 4.3 – Estudio de la consistencia de la calidad obtenida con las diferentes métricas directas bajo estudio para las 48 señales completas de la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database (en el eje de abscisas se muestran los identificadores de las distintas señales).

$\bar{x}_{KN}(n + (K - 1)N)$ que se subtrae a toda la señal, manteniendo la continuidad entre bloques. Esto da lugar a un resultado de PRDN total, para la señal completa, que no tiene porqué coincidir con los obtenidos segmento a segmento ni, consecuentemente, con el valor objetivo:

$$\mathcal{D}_{0,KN}(n + (K - 1)N) \neq \text{PRDN}_{obj}. \quad (4.24)$$

Este problema se observa con nitidez en el panel inferior de la figura 4.3, donde se muestra la desviación de la calidad para la señal completa respecto a la media de los distintos valores de calidad obtenidos por segmento ($K = 634$). Es de-

cir, partiendo de la nomenclatura de la tabla 4.1, para el caso del PRD como parámetro objetivo, la desviación que se presenta en la figura 4.3(b) se obtiene como $|\mathcal{D}_{KN}(KN - 1) - E\{\mathcal{D}_N(n)\}| \cdot 100/E\{\mathcal{D}_N(n)\}$.

Así, las barras de la figura 4.3(b) revelan desviaciones importantes cuando se usa el PRDN como métrica para controlar la calidad, mientras que las otras dos figura de mérito, el PRD y el RMSE, proporcionan variaciones pequeñas. En concreto, usando el PRD y el RMSE, dichas desviaciones se mantienen por debajo del 1.5% en todos los casos. Por tanto, tanto el PRD como el RMSE aseguran que el control de calidad segmento a segmento es consistente con respecto a los resultados globales, algo que no puede conseguirse si se emplea el PRDN. Debido a estas conclusiones, donde los resultados de los ejercicios prácticas sustentan los argumentos extraídos de manera teórica, se decide descartar el PRDN como métrica adecuada para poder llevar a cabo un control consistente de la calidad de reconstrucción en aplicaciones de compresión de ECG.

Como se comenta en el análisis teórico inicial, el RMSE informa acerca de la variación en magnitud, en términos absolutos, que presenta la señal recuperada tras la compresión con respecto a la original. Por ello, los valores de desviación estándar de los resultados de RMSE por bloque pueden ser un buen indicador de la variabilidad del error entre segmentos. En este sentido, en la última fila de la tabla 4.1, se observa que el valor más bajo de desviación estándar se obtiene cuando se emplea precisamente el RMSE como parámetro de control de calidad. Por su parte, al usar el PRD, en la primera fila de la tabla 4.1 se muestra que el valor de PRD resultante para la señal completa se corresponde de manera idéntica con los valores de PRD por segmento, como se desprende del conjunto de valor medio y desviación estándar mostrados en la cuarta fila de la misma tabla. Esta correspondencia no se refleja de la misma manera al analizar los resultados de RMSE manteniendo el PRD como parámetro objetivo. Así, examinando los valores de las filas tercera y última de la segunda columna, se observa que el valor medio de RMSE por segmento difiere del global, presentando una desviación estándar de casi el 13%. Esto lleva a la conclusión de que no existe una relación directa consistente entre los resultados de PRD y la distorsión en términos absolutos de voltaje que aparece finalmente entre la señal original y la recuperada, algo que sí se consigue al controlar la calidad con el RMSE. Esta tendencia se puede generalizar a todas las señales de la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database, tal y como se muestra en la figura 4.4.

El último experimento que se lleva a cabo para el análisis de calidad está orientado a determinar qué métrica, el PRD o el RMSE, reduce en mayor proporción los errores locales. Este ejercicio consiste en examinar la variabilidad del parámetro MAX, en base a las funciones de densidad de probabilidad obtenidas con todas las señales de la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database. Para ello se calculan los resultados de MAX por segmento, con $N = 1024$ muestras por bloque, para las señales completas en dos tandas, de forma que en la primera se usa el PRD como parámetro objetivo y en la segunda se emplea el RMSE en su lugar. Para poder llevar a cabo una comparación justa de los

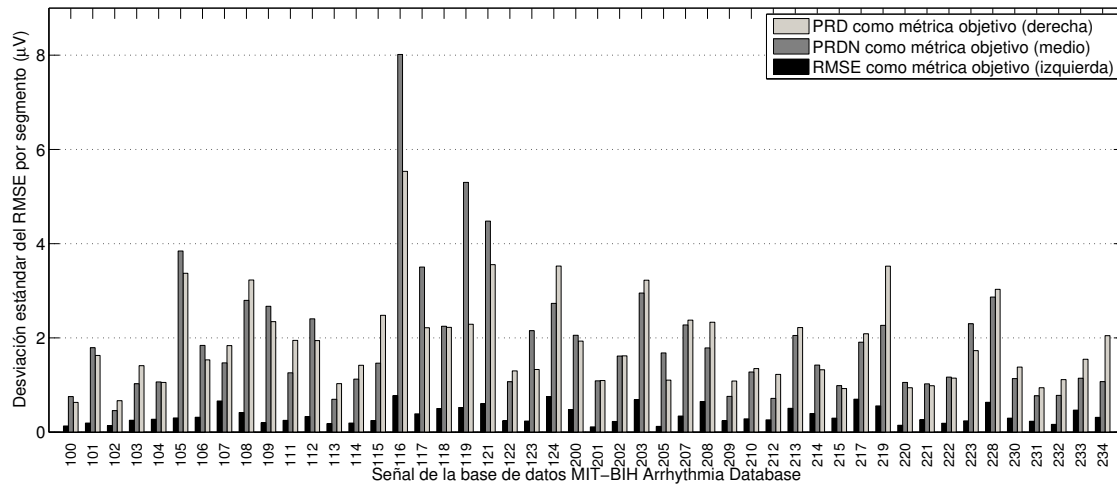
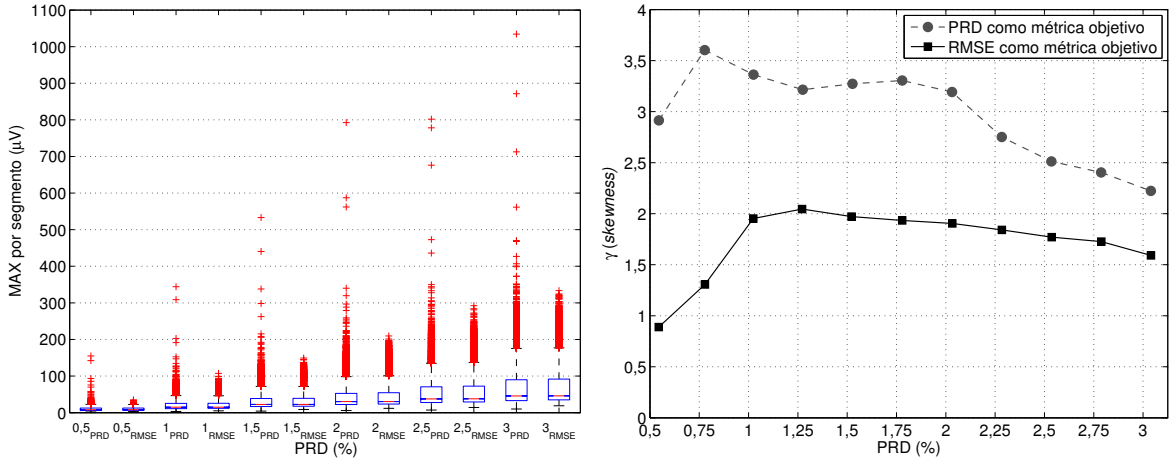


Figura 4.4 – Desviación estándar del RMSE por segmento $\sigma\{e_{rms,N}(n)\}$ para cada una de las señales de la base de datos MIT–BIH Arrhythmia Database (en el eje de abscisas se muestran los identificadores de las distintas señales).

resultados, ambas estrategias de control se evalúan para los mismos niveles de calidad final de la señal completa en términos de PRD. Para ello se ajustan los parámetros objetivos especificados *a priori*, ya sea el PRD_{obj} o el $RMSE_{obj}$, para obtener los mismos valores finales de PRD.

En el caso de usar el método de control basado en el PRD, el ajuste es inmediato, ya que el nivel de PRD final deseado se establece directamente con el valor objetivo PRD_{obj} . En cambio, cuando se emplea la técnica de control basada en el RMSE, la correspondencia no es directa y hay que realizar varias simulaciones en bucle con la misma señal, de forma que el valor de $RMSE_{obj}$ se va ajustando hasta que el resultado final de PRD tras la compresión se corresponde con el requerido. Es decir, se tiene como objetivo un valor de PRD_{obj} , que hay que alcanzar en la práctica usando un control de calidad basado en el RMSE. Para ello, se parte de un valor inicial de $RMSE_{obj}$, que puede ser por ejemplo el que se obtiene usando el control de calidad por PRD para obtener el mismo valor de PRD_{obj} . Seguidamente se aplica el esquema de compresión y se determina el PRD final obtenido. Si el PRD no coincide con el deseado, asumiendo una tolerancia del %1, se modifica el $RMSE_{obj}$ en concordancia, aumentándolo al doble o disminuyéndolo a la mitad, y se vuelve a comprimir la señal. Este procedimiento se itera, modificando el $RMSE_{obj}$, hasta que se alcanza el nivel de PRD requerido, pero siempre usando el RMSE como parámetro de control.

Los resultados de esta prueba se muestran en la figura 4.5. Al analizar la distribución de los valores de MAX presentados en el diagrama de cajas de la figura 4.5(a), se percibe una clara asimetría hacia los valores superiores en todos los casos, que parece que se agrava cuando se emplea la estrategia de control basada en el PRD. Para poder evaluar de manera más precisa este comportamiento, se procede a cuantificar la magnitud de la



(a) Distribución de MAX por segmento ($\mathcal{E}_N(n)$). Los subíndices de los valores del eje de abscisas indican la métrica objetivo empleada para controlar la calidad. (b) Coeficiente de asimetría de Fisher (*skewness*) para los resultados de MAX por segmento ($\mathcal{E}_N(n)$).

Figura 4.5 – Resultados de variabilidad del error local MAX por segmento ($N = 1024$) para todas las señales completas de la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database, considerando tanto el PRD como el RMSE como métricas objetivo.

asimetría, medida entorno al valor medio de los datos. Para ello, se emplea el coeficiente de asimetría de Fisher, también conocido como *skewness*, que para una secuencia discreta de valores \mathbf{v} se define como:

$$\gamma = \frac{\mathbf{E} \{(\mathbf{v} - \mu)^3\}}{\sigma^3}, \quad (4.25)$$

donde μ y σ se corresponden con el valor medio y la desviación estándar de \mathbf{v} , respectivamente. Así, si el coeficiente proporciona un valor negativo, significa que existe una asimetría hacia la izquierda, con predominancia de valores que son más bajos que la media. En cambio, esta medida de asimetría presenta resultados positivos para funciones de distribución de densidad con colas hacia la derecha, en referencia a una mayor cantidad de coeficientes superiores a la media. De esta forma, un *skewness* nulo se relaciona con una distribución simétrica perfecta, como en el caso de tener una distribución normal. Las gráficas de la figura 4.5(b) revelan, por tanto, que al usar el PRD como métrica objetivo las desviaciones de MAX respecto a la media son mayores que en el caso de emplear el RMSE, dando lugar a una menor estabilidad de la calidad local. Este estudio pone de manifiesto que el PRD es menos adecuado para restringir los errores locales, algo que aquí se demuestra únicamente en términos de variabilidad, pero que además quedará corroborado en la siguiente sección en términos de amplitud del error. Por tanto, se concluye que es más consistente usar el RMSE para controlar la calidad también a nivel local, con el fin de estabilizar la magnitud de los errores máximos obtenidos en la señal de ECG reconstruida tras la compresión.

4.4. Análisis de compresión

En el análisis anterior se presentan las ventajas que ofrece el RMSE frente al PRD ante la necesidad de llevar a cabo un control consistente de la calidad de reconstrucción en compresión de ECG, sin llegar a tener en cuenta los resultados de CR generados. En el contexto práctico de la compresión de ECG, no solo hay que examinar las métricas en lo referente al control de calidad, sino que se debe estudiar su influencia en los niveles de compresión obtenidos. No es conveniente emplear un método de control de calidad estricto pero que proporciona tasas de compresión bajas en comparación con otras alternativas. En definitiva, la evaluación de la utilidad de las distintas figuras de mérito propuestas debe basarse no sólo en sus capacidades para controlar la calidad de reconstrucción sino también en su influencia en los niveles de compresión que se alcanzan. En el análisis de calidad llevado a cabo en la sección 4.3 se ha restringido el estudio final al PRD y el RMSE, una vez que se ha demostrado la poca utilidad del PRDN para controlar la calidad por segmentos. Por tanto, el análisis de compresión se restringe a estos dos parámetros. El objetivo es preservar una calidad de reconstrucción adecuada manteniendo la mayor tasa de compresión posible, de manera que la introducción de un sistema más riguroso y consistente de control de calidad no repercuta negativamente en los niveles de CR que se consiguen.

En la aplicación práctica de compresión de ECG el objetivo es preservar una calidad de reconstrucción adecuada manteniendo la mayor tasa de compresión posible, ya que aumentar el CR a expensas de la calidad no es una opción aceptable [13]. Este requisito de alta calidad es indispensable si se pretenden emplear las señales de ECG comprimidas con finalidades clínicas. Por esta razón, los experimentos de compresión de este trabajo se restringen a valores objetivo de baja distorsión, es decir niveles exigentes tanto de PRD_{obj} como de $RMSE_{obj}$. Del mismo modo, es importante ofrecer resultados de compresión fidedignos, que reflejen en la medida de lo posible el comportamiento real que tendrían en la práctica los esquemas de compresión propuestos. Por este motivo, no se aplica la técnica de rellenar con ceros el último segmento si éste queda incompleto (*zero-padding*), lo cual contribuye a incrementar de manera artificial los valores finales de CR. Con el fin de evitar este efecto, si no hay muestras originales suficientes para completar el último bloque del registro de ECG, dicho segmento se descarta y no se procesa. En los ejercicios prácticos de compresión que se muestran a continuación se emplean las señales completas de la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database segmentadas en bloques de $N = 1024$ muestras (ver justificación en la sección 4.3), por lo que se procesan $K = 634$ bloques al descartar el último, ya que queda incompleto. Además, de manera equivalente a lo realizado con las medidas de calidad en la sección 4.3, el CR se expresa también mediante la notación nueva propuesta, de la siguiente manera:

$$\mathcal{R}_N(n) = \frac{b_{x,N}(n)}{b_{c,N}(n)}. \quad (4.26)$$

En la primera prueba de este estudio de compresión, se emplea el PRD como medida de calidad de referencia, común a ambos métodos de control de calidad, el basado en el propio PRD y el que usa el RMSE. La finalidad es por tanto comparar los resultados de compresión obtenidos con ambas técnicas para los mismos niveles de calidad final de la señal completa en términos, en este caso, de PRD. Como ya se ha comentado, en la mayoría de los trabajos del estado de la técnica se emplea el PRD como métrica para evaluar la calidad de la señal comprimida. En dichos estudios es habitual mostrar los resultados de CR en función del PRD, por lo que se ofrecen también aquí esta clase de resultados con el fin de facilitar la comparación. Para conseguir unos valores concretos de PRD para la señal completa cuando se emplea el RMSE como parámetro de control de calidad, se emplea la estrategia iterativa descrita en la sección 4.3. Además, como se quiere restringir el estudio a niveles de alta calidad de reconstrucción, se establecen unos niveles de PRD_{obj} estrictos, que van del 0.5 % al 3 % en intervalos del 0.25 %, con un límite de tolerancia del 2 %.

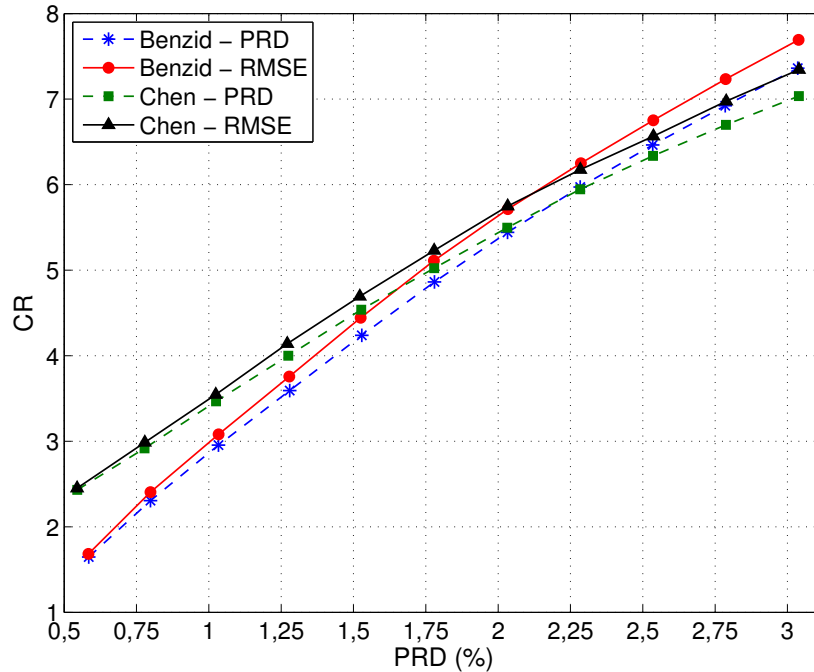


Figura 4.6 – Resultados de compresión ($E\{\mathcal{R}_{KN}(KN - 1)\}$) en función de la calidad global en términos de PRD ($E\{\mathcal{D}_{KN}(KN - 1)\}$) para los métodos Benzid y Chen, empleando tanto el PRD como el RMSE para controlar la calidad de reconstrucción, con la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa.

Los datos de CR en función del PRD que se alcanzan en las simulaciones para los dos esquemas de compresión, Benzid y Chen, y ambas variantes para la etapa de control de calidad, se muestran en la figura 4.6. En los ejes de abscisas y ordenadas de la gráfica se representan los valores medios de PRD y CR, respectivamente, obtenidos con las 48 señales completas de la MIT-BIH Arrhythmia Database. Al comparar las distintas

funciones obtenidas mediante interpolación lineal de los datos discretos, se comprueba que los esquemas de compresión que emplean el RMSE para controlar la calidad de reconstrucción mejoran los resultados de CR de los compresores equivalentes que usan el PRD en su lugar. Este comportamiento se refleja en ambos compresores y para todo el margen de PRD utilizado, lo que contribuye a la generalización de los resultados. Por lo tanto, la introducción del RMSE como métrica objetivo para el control de calidad no solo no deteriora la capacidad de compresión, sino que incluso la mejora.

Por otra parte, los resultados de distorsión local se presentan en la figura 4.7, donde los valores medios de MAX calculados con todas las señales completas de la base de datos se presentan en el eje vertical. El comportamiento de los dos métodos de control de calidad corroboran las conclusiones extraídas en el último experimento de la sección 4.3, ya que se observa que el uso del RMSE para controlar al calidad permite restringir el MAX a valores más bajos para ambos esquemas de compresión, preservando los mismos niveles finales de calidad global en términos de PRD.

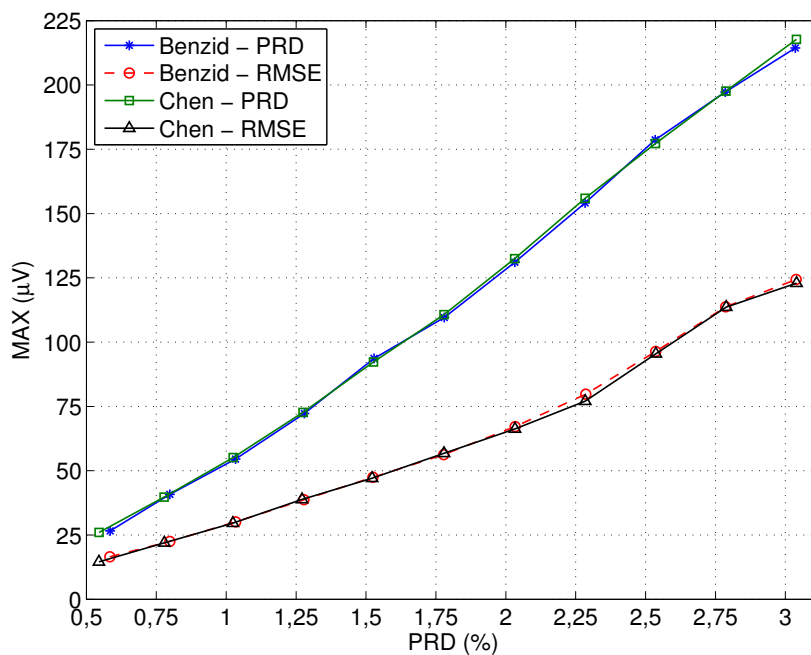


Figura 4.7 – Resultados de error local máximo ($E\{\mathcal{E}_{KN}(KN-1)\}$) en función de la calidad global en términos de PRD ($E\{\mathcal{D}_{KN}(KN-1)\}$) para los compresores Benzid y Chen, empleando tanto el PRD como el RMSE para controlar la calidad de reconstrucción, con la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa.

En la prueba anterior se generaron las tasas de compresión en función del PRD con el fin de ofrecer una referencia de cara a la bibliografía del estado del arte, pero en el análisis de calidad de la sección 4.3 queda patente que el RMSE ofrece un comportamiento más consistente que el PRD a la hora de examinar la distorsión de la señal comprimida. Por este motivo, en este nuevo experimento se reproducen las simulaciones anteriores, pero empleando el RMSE como parámetro común de evaluación para ambos métodos

de control de calidad. En este caso, se buscan, por tanto, unos valores de calidad finales en términos de RMSE, por lo que al usar los esquemas con control de calidad basado en el PRD hay que aplicar la estrategia iterativa explicada en la sección 4.3, pero intercambiando las métricas, para alcanzar un valores de $RMSE_{obj}$ determinados. De esta manera, los resultados de CR en función del RMSE se pueden visualizar en la figura 4.8, para ambos compresores y las dos técnicas de control de calidad, la que depende del PRD y la que se basa en el RMSE. En este caso, en el eje horizontal se proporcionan los valores medios de RMSE para las 48 señales completas de la MIT-BIH Arrhythmia Database.

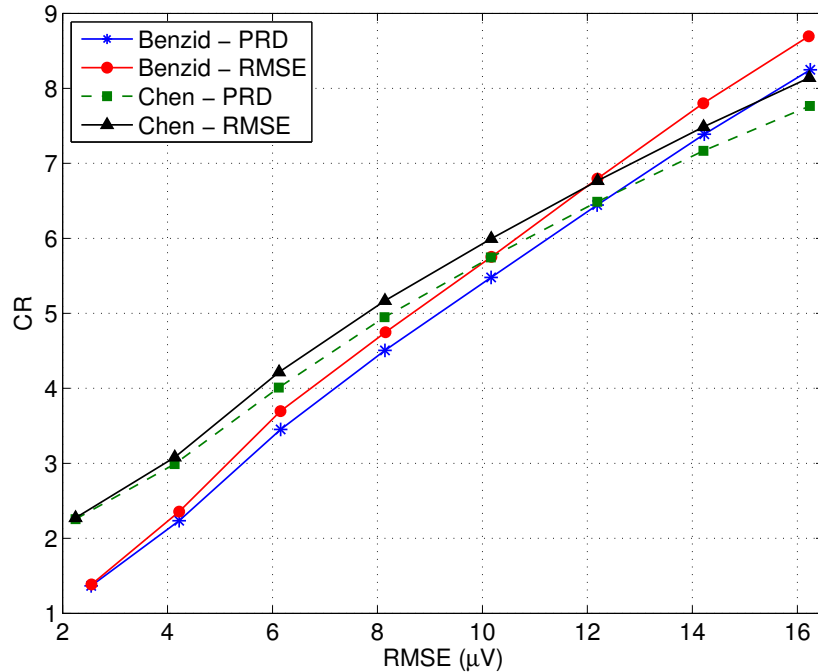


Figura 4.8 – Resultados de compresión ($E\{\mathcal{R}_{KN}(KN-1)\}$) en función de la calidad global en términos de RMSE ($E\{e_{rms,KN}(KN-1)\}$) para los métodos Benzid y Chen, empleando tanto el PRD como el RMSE para controlar la calidad de reconstrucción, con la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa.

El rango de valores de RMSE utilizado en esta prueba para evaluar la tasa de compresión va entre $2 \mu V$ y $16 \mu V$ en intervalos de $2 \mu V$, con el margen de desviación del 2%, conservando así de nuevo el requisito de alta calidad de reconstrucción. Es por ello que las distorsiones que podemos encontrar en la señal recuperada tras la compresión son muy pequeñas, de hecho son próximas en ocasiones al propio error de adquisición de la señal. A este respecto, como se explica en la sección 3.5, los registros de la MIT-BIH Arrhythmia Database se digitalizan con 11 bits en un rango de 10 mV, por lo que al registrar la señal se asume un error de unos 2,4 mV. En lo referente a compresión, las gráficas obtenidas interpolando los datos discretos de CR generados para los distintos niveles de $RMSE_{obj}$ muestran el mismo comportamiento que en la figura 4.6. Así, los

valores de CR más altos se alcanzan con ambos compresores cuando se emplea el RMSE como métrica objetivo para controlar la calidad.

Los resultados locales de error de estas simulaciones se pueden ver en la figura 4.9, donde se representa el MAX en función del RMSE, en términos de sus valores medios para todas las señales completas de la base de datos. Los resultados corroboran que la utilización del RMSE como métrica para controlar la calidad reduce considerablemente la distorsión local en comparación con el PRD, en concordancia con las conclusiones ya expuestas tanto en el experimento anterior como en la sección 4.3. Las distintas gráficas generadas, al igual que las de la figura 4.9, muestran evidencia de que los resultados de calidad son prácticamente independientes del codificador entrópico usado, ya que las líneas de MAX correspondientes a una misma métrica objetivo coinciden de manera casi perfecta, a pesar de obtenerse con métodos de codificación distintos.

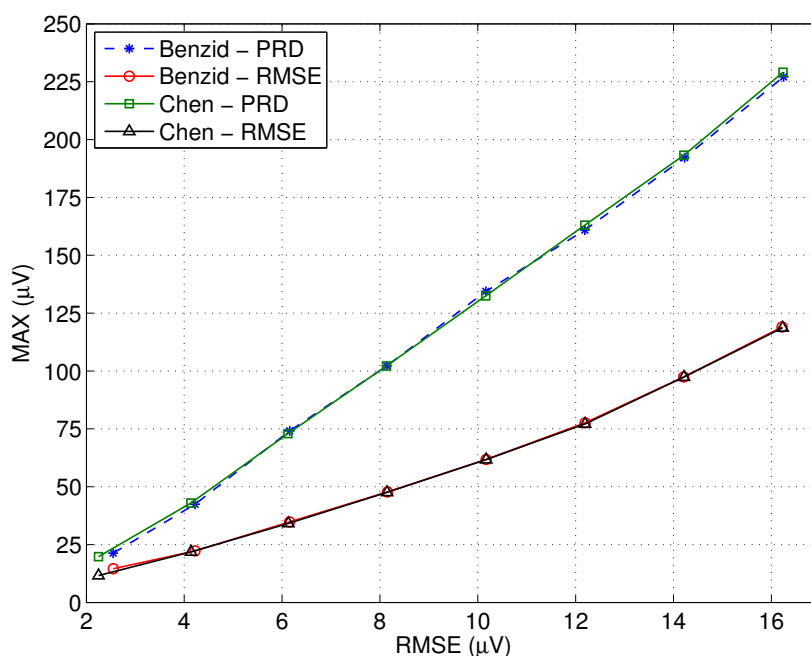


Figura 4.9 – Resultados de error local máximo ($E\{\mathcal{E}_{KN}(KN - 1)\}$) en función de la calidad global en términos de RMSE ($E\{e_{rms,KN}(KN - 1)\}$) para los compresores Benzid y Chen, empleando tanto el PRD como el RMSE para controlar la calidad de reconstrucción, con la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa.

Finalmente, los resultados numéricos concretos tanto de CR como de MAX presentados en la figura 4.8 y la figura 4.9 junto con sus valores de desviación estándar, para poder evaluar la variabilidad de los resultados entre los distintos registros de ECG de la MIT-BIH Arrhythmia Database, se exponen en la tabla 4.2. En lo referente a estos datos, cabe destacar que la desviación estándar del MAX es mucho menor cuando se emplea el RMSE como métrica de control de calidad en comparación con el PRD. Por tanto, la magnitud de los errores locales en la reconstrucción de señal tras la compresión se restringe de una forma más estable al usar el RMSE.

Tabla 4.2 – Resultados de compresión de la figura 4.8 con desviación estándar.

Compresor	RMSE _{obj} (μV)	2	4	6	8	10	12	14	16
Benzid – PRD	$E\{\mathcal{R}_{KN}(KN-1)\}$	1,37	2,23	3,45	4,51	5,48	6,44	7,39	8,25
	$\sigma_{\mathcal{R}}$	0,07	0,35	0,71	1,00	1,31	1,59	1,82	1,97
Benzid – RMSE	$E\{\mathcal{R}_{KN}(KN-1)\}$	1,38	2,36	3,70	4,75	5,75	6,80	7,80	8,69
	$\sigma_{\mathcal{R}}$	0,07	0,38	0,76	1,05	1,37	1,67	1,89	2,05
Chen – PRD	$E\{\mathcal{R}_{KN}(KN-1)\}$	2,26	2,99	4,01	4,95	5,75	6,49	7,17	7,76
	$\sigma_{\mathcal{R}}$	0,20	0,34	0,58	0,76	0,92	1,07	1,20	1,27
Chen – PRD	$E\{\mathcal{R}_{KN}(KN-1)\}$	2,27	3,08	4,22	5,17	6,00	6,77	7,49	8,14
	$\sigma_{\mathcal{R}}$	0,20	0,37	0,63	0,81	0,97	1,13	1,24	1,37

Tabla 4.3 – Resultados de error local de la figura 4.9 con desviación estándar.

Compresor	RMSE _{obj} (μV)	2	4	6	8	10	12	14	16
Benzid – PRD	$E\{\mathcal{E}_{KN}(KN-1)\}$ (μV)	21,3	42,5	74,1	102	134	161	192	227
	$\sigma_{\mathcal{E}}$ (μV)	8,16	21,5	48,6	65,0	80,8	86,7	93,2	114
Benzid – RMSE	$E\{\mathcal{E}_{KN}(KN-1)\}$ (μV)	14,6	22,3	34,8	47,8	61,8	77,6	97,4	119
	$\sigma_{\mathcal{E}}$ (μV)	4,19	2,42	4,85	8,26	13,0	15,2	21,3	27,7
Chen – PRD	$E\{\mathcal{E}_{KN}(KN-1)\}$ (μV)	19,8	43,0	73,0	102	132	163	193	229
	$\sigma_{\mathcal{E}}$ (μV)	7,80	22,9	47,0	64,6	78,3	88,3	94,8	115
Chen – RMSE	$E\{\mathcal{E}_{KN}(KN-1)\}$ (μV)	11,6	21,8	34,1	47,6	61,7	77,1	97,4	119
	$\sigma_{\mathcal{E}}$ (μV)	1,43	2,17	4,15	8,54	13,3	14,7	20,8	27,8

En lo referente a las capacidades de compresión de los esquemas implementados, los resultados obtenidos en ambos experimentos muestran que el compresor Chen ofrece un mejor rendimiento que el Benzid para requisitos de calidad exigentes, como se observa tanto en la figura 4.6 como en la figura 4.8. Esto es debido en primer lugar a la técnica de “zona muerta” empleada en el cuantificador, ya que permite ahorrar niveles de cuantificación que pueden ser aprovechados en el intervalo correspondiente a los coeficientes significativos. Además los códigos Golomb se adaptan mejor a la distribución de coeficientes que tiende a obtenerse cuando se requieren niveles de distorsión bajos, donde predominan los coeficientes significativos sobre las secuencias de ceros. En cambio, a medida que los requisitos de calidad se relajan, las tasas de compresión del método Benzid van alcanzando y finalmente superando a las del compresor Chen. La razón es que las secuencias de ceros van cobrando cada vez más importancia y el codificador TRE las consigue comprimir con más eficacia, de manera que incluso se compensa la desventaja en cuantificación ya comentada. Por tanto, se concluye que resulta más conveniente emplear el compresor Chen si se exige alta calidad de reconstrucción, ya que en general proporciona mayores tasas de compresión.

Siguiendo con el análisis de las técnicas de codificación empleadas, en las figuras correspondientes a ambos experimentos, se puede observar que para los niveles de calidad más altos los requisitos que se especifican *a priori* son tan estrictos que los compresores implementados no consiguen cumplir el margen de tolerancia establecido del 2% con respecto al parámetro objetivo. En la tabla 4.4 se presentan los valores finales de cali-

dad obtenidos junto a su desviación porcentual respecto a los requeridos inicialmente. Los datos que se proporcionan provienen del segundo experimento, donde se emplea el RMSE como referencia común para evaluar la calidad final de las señales completas. En concreto, se muestran únicamente los resultados de aquellas simulaciones donde el parámetro de control también es el RMSE, ya que cuando se utiliza el PRD se fuerza a obtener valores prácticamente idénticos mediante la estrategia iterativa expuesta en la sección 4.3. La diferencia porcentual en términos de RMSE se representa en la tabla mediante la variable Δ_e , que se calcula como

$$\Delta_e = \frac{|e_{rms,KN}(KN - 1) - \text{RMSE}_{obj}|}{\text{RMSE}_{obj}} \cdot 100. \quad (4.27)$$

Los datos de la tabla 4.4 muestran que el compresor Chen ofrece mejores aproximaciones a los valores objetivos que el esquema de compresión Benzid. Aún así, en ambos casos no se alcanza el requisito de tolerancia del %2 hasta que se llega a un nivel de distorsión objetivo especificada *a priori* de $8 \mu\text{V}$ en términos de RMSE.

Tabla 4.4 – Desviación de la calidad final obtenida respecto al valor objetivo fijado *a priori* relativa a los resultados del segundo experimento del análisis de compresión.

Compresor	RMSE _{obj} (μV)	2	4	6	8	10	12	14	16
Benzid – RMSE	$E\{e_{rms,KN}(KN - 1)\} (\mu\text{V})$	2,55	4,22	6,15	8,15	10,2	12,2	14,2	16,2
	$\Delta_e (\%)$	27,5	5,51	2,54	1,90	1,71	1,60	1,48	1,36
Chen – RMSE	$E\{e_{rms,KN}(KN - 1)\} (\mu\text{V})$	2,25	4,14	6,13	8,14	10,17	12,19	14,21	16,23
	$\Delta_e (\%)$	12,4	3,47	2,11	1,80	1,69	1,61	1,52	1,43

El origen de este problema es que los métodos del estado de la técnica que se reproducen en los esquemas de compresión de este trabajo no están diseñados para soportar requisitos de calidad tan exigentes [34, 36], donde se reduce la distorsión hasta valores incluso cercanos al propio error de adquisición de la señal, como se comenta anteriormente. En concreto, el problema reside en la etapa de cuantificación, donde se introduce un error que puede parecer pequeño, pero cuya influencia va cobrando importancia a medida que los niveles de distorsión requeridos *a priori*, PRD_{obj} o RMSE_{obj} se reducen. Los métodos de cuantificación implementados disponen de la capacidad de controlar la calidad hasta cierto punto mediante sendas técnicas de adaptación del intervalo de cuantificación, como se describe en la sección 4.3. El inconveniente es que estas técnicas presentan un tope máximo de calidad, definido por los límites inferiores establecidos para el intervalo de cuantificación, con la finalidad de alcanzar siempre tasas de compresión aceptables. De hecho, para el caso de máxima calidad simulado, es decir $\text{RMSE}_{obj} = 2\mu\text{V}$, se consiguen valores de CR muy bajos, similares a los que obtienen mediante métodos sencillos de compresión sin pérdidas (en [20] se alcanza una tasa de compresión media de 2.84). Esto es una evidencia más de la falta de atención que se presta a la calidad en el desarrollo de compresores de ECG, que es precisamente la motivación principal de este estudio.

4.5. Conclusiones

Las métricas directas se emplean habitualmente en el diseño de métodos de compresión de ECG orientados a diversas aplicaciones prácticas, principalmente en el campo de la telemedicina. Este tipo de medidas de calidad presentan importantes ventajas, ya que al calcularse de manera directa sobre la señal de ECG permiten reducir los recursos computacionales, agilizar la ejecución del procesado y limitar los errores derivados de la extracción de parámetros adicionales. A pesar de ello, la utilidad práctica de esta clase de figuras de mérito queda supeditada a su capacidad de evaluar la calidad de reconstrucción de manera precisa, representativa y fiable. Por este motivo, en el estudio que se presenta en este capítulo se investiga la posibilidad de establecer una estrategia consistente de control de calidad en compresión de ECG basada en la utilización de métricas directas. Para ello, se examina de manera tanto teórica como práctica el PRD, ya que se trata del parámetro más comúnmente empleada en el estado de la técnica para evaluar la distorsión de señales comprimidas. Además se examina de la misma manera el RMSE, propuesto en algunos trabajos como medida de calidad alternativa, pero que no dispone de una aceptación tan generalizada por parte de la comunidad científica como el PRD. La hipótesis inicial consiste en que la medida de distorsión que proporciona el RMSE en términos absolutos puede llegar a ser más adecuada que los parámetros basados en el PRD, que ofrecen resultados de tipo porcentual.

Al analizar en primer lugar las expresiones matemáticas de las métricas, se determina de manera teórica que el PRD puede proporcionar información acerca de la calidad de reconstrucción que no es consistente entre señales, ya que los resultados obtenidos dependen de la magnitud de la señal original. Para poder aliviar este problema se examina la opción del PRDN, que es una versión normalizada del PRD donde se elimina la influencia de la componente continua de la señal. En este caso, se comprueba que, aunque el efecto se reduce, el PRDN sigue dependiendo de la amplitud de la señal resultante tras extraer el valor medio. Además, mediante el estudio matemático, se introduce la posibilidad de que el PRDN no sea adecuado para mantener un cierto nivel de calidad global para toda la señal cuando ésta se procesa por segmentos, debido a la variación de la línea de base entre bloques. Finalmente, se confirma la utilidad teórica del RMSE, a través del análisis de la ecuación que lo define, para ofrecer una evaluación absoluta del error en términos de voltaje, lo cual permite comparar de forma fiable la calidad obtenida con señales diferentes.

Tras el análisis teórico de las diferentes métricas, se lleva a cabo una serie de experimentos con el fin de complementar de manera práctica las ideas obtenidas. Para ejecutar las simulaciones, se implementan dos esquemas de compresión basados en sendos métodos del estado de la técnica que ofrecen un buen rendimiento. De esta manera, se pretende garantizar la imparcialidad y representatividad de los resultados prácticos obtenidos. Ambos compresores incluyen una etapa de control de calidad por energía retenida adaptada a las métricas directas bajo estudio. En el primero de los ejercicios se

examinan los resultados generados por los tres parámetros de calidad con una única señal procesada por segmentos. Los datos obtenidos con esta prueba ponen de manifiesto la inoperancia del PRDN a la hora de controlar la calidad de la señal cuando se comprime por bloques. Además se comprueba que el uso del RMSE como parámetro objetivo en la etapa de control de calidad permite restringir de manera consistente el error absoluto, en términos de voltaje, entre segmentos. El PRD por su parte preserva de manera adecuada el error porcentual, pero presenta una mayor variabilidad en lo referente al error absoluto entre los distintos bloques, debido principalmente a las diferencias de magnitud entre ellos. Estos resultados son posteriormente generalizados, al obtener resultados equivalentes con todas las señales de la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database, por lo que se descarta definitivamente el PRDN como métrica adecuada para el control de calidad en compresión de ECG. El segundo de los experimentos consiste en evaluar la capacidad tanto del PRD como del RMSE de reducir los errores locales, para lo que se emplea el parámetro MAX. Los resultados de las simulaciones permiten analizar la distribución de los valores de MAX entre segmentos para todas las señales de la base de datos. La evaluación de las funciones de densidad de probabilidad y del coeficiente de Fisher (*skewness*) revelan que el RMSE permite obtener distorsiones locales más estables entre segmentos que el PRD, que presenta valores de asimetría significativamente mayores.

También es relevante evaluar la influencia que tiene sobre los resultados de compresión el uso del PRD o del RMSE en la etapa de control de la calidad de reconstrucción. Con esta finalidad, se ejecutan dos experimentos análogos, que se diferencian en la medida de calidad empleada como referencia para mostrar el rendimiento alcanzado. De esta manera, primeramente se presentan los resultados de CR en función del PRD final obtenido para la señal completa. Esto se realiza con fines principalmente comparativos, ya que se trata del criterio más ampliamente empleado en el estado del arte. A continuación, en el segundo ejercicio, se proporcionan los valores de CR en función del RMSE, ya que esta métrica es más adecuada para poder extraer conclusiones consistentes, de acuerdo con el análisis previo de calidad. Los resultados de ambos experimentos reflejan una misma tendencia, consistente en que el uso del RMSE como parámetro de control del error no solo no perjudica a la tarea de compresión, sino que incluso permite obtener valores de CR mayores que con el PRD. Estas pruebas de compresión permiten además obtener resultados acerca de la magnitud del error local, en términos de MAX, los cuales ponen de manifiesto que el RMSE restringe en mayor medida la distorsión máxima de la señal comprimida, en comparación con el PRD.

Por tanto, en base a los resultados obtenidos a lo largo de todo este estudio, se concluye que el RMSE es más adecuado que el PRD para llevar a cabo un control consistente de la calidad de reconstrucción en compresión de ECG. Esta declaración queda inicialmente justificada desde el punto de vista teórico, tras el análisis de las expresiones matemáticas, ya que el RMSE permite cuantificar el error absoluto introducido en la

señal comprimida, mientras que el PRD informa de la distorsión de manera relativa, por lo que la magnitud del error puede variar significativamente entre señales a pesar de preservar un nivel idéntico de PRD. Por ello, el uso del RMSE, que permite presentar el error en términos de voltaje, no sólo es más fiable sino también más práctico, ya que sus valores se pueden relacionar de manera directa con los niveles eléctricos que componen la forma de onda de la señal, lo que contribuye a facilitar la aceptación y comprensión de los registros de ECG comprimidos por parte de los especialistas clínicos.

Los resultados de los experimentos prácticos, que se realizan a través de compresores basados en métodos del estado de la técnica, confirman que la utilización del RMSE en la etapa de control de calidad permite restringir el error global a lo largo de toda la señal de ECG de manera más eficaz y consistente que el PRD. Además el RMSE consigue controlar de manera más estricta y estable las distorsiones locales, limitando el error máximo, en términos tanto de variabilidad como de amplitud, a valores más bajos que los que se alcanzan empleando el PRD. Este mejor rendimiento por parte del RMSE, en lo que a calidad se refiere, se consigue sin degradar las capacidades de compresión de los esquemas propuestos. De hecho, los resultados prácticos de compresión revelan que el CR medio para toda la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database se incrementa al utilizar el RMSE en lugar del PRD para controlar la calidad. Por estos motivos, tanto teóricos como prácticos, se puede extraer la conclusión global de que el RMSE es una medida de calidad más adecuada que el PRD para ser empleada en compresión de ECG, particularmente como parámetro objetivo de la etapa de control de calidad de esquemas de compresión basados en umbralización, como los implementados en este trabajo.

Capítulo 5

Descomposición *matching pursuit* de ECG para compresión y detección QRS conjunta

En este capítulo se describe la tarea de investigación llevada a cabo para introducir el uso de la técnica de descomposición *matching pursuit* como herramienta eficaz para el procesado de electrocardiogramas, demostrando su utilidad práctica con el desarrollo de un algoritmo que permite comprimir la señal de ECG y detectar sus complejos QRS de manera conjunta. Inicialmente, en la sección 5.1, se introduce la motivación y la metodología a seguir en el estudio. A continuación, se describe la estrategia propuesta para descomponer la señal electrocardiográfica mediante la técnica de *matching pursuit*, en la sección 5.2, además de los diccionarios de triángulos que se proponen, en la sección 5.3. Después, en la sección 5.4, se define de manera rigurosa el algoritmo diseñado, basado en MP, para compresión de ECG y detección QRS conjunta. Los experimentos realizados para evaluar el método propuesto junto con los resultados alcanzados se presentan en la sección 5.5. Seguidamente, en la sección 5.6, se analiza el uso de otro tipo de diccionarios basados en átomos derivados de funciones de tipo B-spline. Por último, las conclusiones obtenidas con este estudio se exponen en la sección 5.7.

5.1. Introducción

En el ECG, la información más relevante sobre el funcionamiento del corazón se recoge en las ondas que forman el complejo PQRST. Por ello, la mayoría de los análisis destinados al diagnóstico se llevan a cabo examinando dichos componentes, teniendo en cuenta tanto sus características individuales como las relaciones entre ellos. A través del tratamiento digital de ECG se pretende obtener de manera sistemática información significativa de los registros para facilitar la tarea a los especialistas clínicos. Por tanto, resulta evidente la utilidad de poder extraer las distintas ondas que forman una señal de

ECG concreta, con la finalidad de procesarlas individualmente y ser capaz de determinar sus características de manera directa.

Los distintos componentes del complejo PQRST del ECG coinciden en que tienden a encontrarse en un rango de frecuencias bajas. Por ello, abundantes trabajos del estado de la técnica se decantan por emplear inicialmente una descomposición frecuencial, con la finalidad de aislar dichas ondas y poder procesarlas por separado. Como se puede ver en el capítulo 2, lo más habitual es preprocesar la señal de ECG mediante métodos transformados (paquetes *wavelet*, DWT, DCT) o descomposición subbanda (CMFB) para aplicaciones comunes como la compresión o la detección de latidos. Por contra, la descomposición del ECG en el dominio del tiempo no suele tenerse en cuenta a la hora de desarrollar nuevos esquemas, ya que requiere el diseño de procesos digitales más pesados, a pesar de ser la forma más intuitiva de segmentar la señal desde el punto de visto cognitivo. Por tanto, la utilización de métodos de procesado de ECG basados en el dominio de la frecuencia tiende a ofrecer un mayor rendimiento, sustentado en la agilidad computacional que se consigue con este tipo de técnicas.

Gracias a los avances tecnológicos, sobre todo en el campo del *hardware*, las limitaciones relativas a los recursos computacionales requeridos para el procesado de señales en general, y del ECG en particular, se van reduciendo continua y significativamente. Por ello, en este estudio se plantea la idea de usar la descomposición de señal electrocardiográfica en el dominio del tiempo para el desarrollo de esquemas eficaces de procesado. El objetivo es facilitar la implementación de aplicaciones prácticas que contribuyan por ejemplo a la transmisión eficiente de registros de ECG para tareas de telemedicina. En este sentido, el mantener la señal en el sistema de referencia temporal presenta la ventaja de que los análisis subjetivos realizados de manera visual por los especialistas clínicos se pueden adaptar con mayor facilidad a los algoritmos en desarrollo. Del mismo modo, los nuevos procedimientos diseñados por los investigadores técnicos pueden ser entendidos y, consecuentemente, aceptados con mayor facilidad por parte de los facultativos, al poderles presentar la evolución de la señal siempre sobre el eje temporal.

La ejecución de manera conjunta de dos tareas tan habituales en el procesado de señales ECG como son la compresión y la detección de latidos es una propuesta de gran utilidad para aplicaciones de telemedicina. El poder abordar ambas actividades con un solo algoritmo, combinando etapas comunes con otras que se desarrollan en paralelo, aporta beneficios desde el punto de vista de tiempo de ejecución y de optimización de recursos. Esta estrategia permite además evitar que los errores derivados de una de las tareas afecten a la otra, ya que, tras un bloque inicial común, ambas líneas de procesado actúan en paralelo, sin dependencias entre ellas. Esta realización simultánea de las dos actividades es preferible frente a una implementación secuencial dependiente, como son los casos, por ejemplo, de realizar una detección QRS sobre la señal reconstruida tras haberla comprimido, o de llevar a cabo una compresión basada en los complejos QRS previamente obtenidos.

En este trabajo, se propone el uso de la técnica de *matching pursuit* para descomponer el ECG en componentes individuales en el dominio del tiempo, lo que permite centrar el procesado posterior en aquellos elementos que son interesantes para cada aplicación concreta. Para llevar a cabo la descomposición de manera eficiente se necesita un diccionario con átomos que se adapten de manera adecuada a la forma de onda de los elementos principales de señales electrocardiográficas. Por esta razón, se consideran diccionarios formados por funciones triangulares [54] y de tipo B-spline, ya que son geometrías sencillas y se correlacionan bien con los componentes típicos del ECG. El tener disponibles los distintos elementos temporales que forman el ECG y poderlos obtener de manera iterativa, de mayor a menor relevancia en términos de energía, se traduce de manera inmediata en una aplicación de compresión con pérdidas. Esta idea se basa en que un registro de ECG puede representarse hasta un cierto nivel de calidad determinado por el conjunto de átomos derivados de su descomposición MP, consiguiéndose una reducción de la cantidad de información si dichos elementos se pueden definir con pocos datos. Además, entre los componentes individuales generados se extraen las ondas R, que permiten identificar los tiempos en los que se producen los latidos, con lo que se dispone de forma simultánea de una técnica potencial de detección QRS. Esta solución para la detección de latidos se comenta en las conclusiones de [129], pero sin llegar a ser implementada. Una propuesta similar pero de mayor complejidad se presenta en [130], donde el ECG se descompone con diccionarios de funciones de Gabor y los latidos se localizan mediante un análisis tiempo-frecuencia en energía, pero la evaluación del método no es exhaustiva, ya que se lleva a cabo con un conjunto reducido de señales.

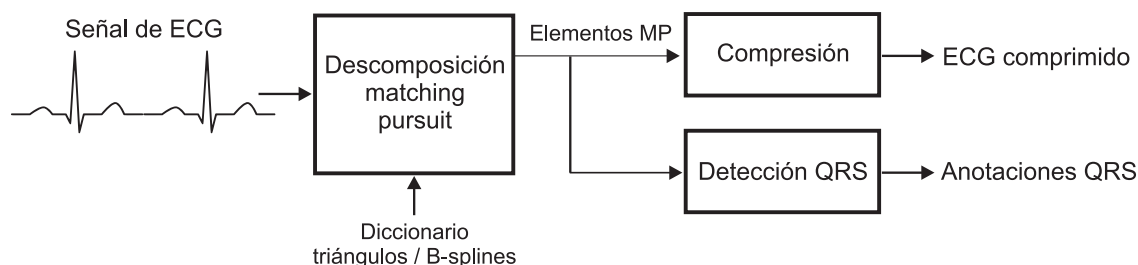


Figura 5.1 – Diagrama de bloques del esquema de procesado de ECG basado en MP que se propone para llevar a cabo compresión y detección QRS conjunta.

En base a estos razonamientos, se procede al desarrollo de un esquema de procesado de ECG basado en la descomposición de la señal en el dominio del tiempo mediante la técnica de MP para abordar de manera conjunta la compresión y la detección QRS, tal y como se muestra en la figura 5.1. La única propuesta equivalente, en lo referente a la implementación de ambas funciones simultáneamente, que se puede encontrar en la bibliografía es la presentada recientemente en [21, 22], donde la compresión que se aplica es sin pérdidas. En este trabajo, el MP es el núcleo del algoritmo, ya que los procesos posteriores se basan en la disponibilidad de los distintos elementos individuales del ECG. De esta forma, la compresión se lleva a cabo descartando los componentes menos signifi-

cativos en términos de energía, que suelen corresponderse con detalles menos relevantes para el diagnóstico y con ruido. Por otra parte, la detección de latidos se realiza seleccionando aquellos elementos de MP cuyas características se asemejan a las de las ondas R. El algoritmo implementado se prueba con distintos tipos de diccionarios con el objetivo de determinar qué clases de átomos son los más adecuados. Finalmente, se lleva a cabo una evaluación exhaustiva, empleando la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa. Los resultados de compresión y detección QRS obtenidos son analizados, no solo de manera absoluta sino también relativa, comparándolos con los obtenidos con esquemas del estado de la técnica que realizan estas tareas pero de manera individual.

5.2. Descomposición del ECG

El ECG está compuesto por una serie de ondas típicas originadas en las distintas fases de actividad eléctrica del corazón. De esta forma, cada latido se manifiesta a través de cinco componentes, formando el denominado complejo PQRST, teóricamente bien diferenciados que aportan distinta información acerca del funcionamiento del músculo cardíaco. Si se registra el ECG de un paciente sano mediante la derivación adecuada, como la clases “MLII” y “V5” de la primera derivación de las señales de la MIT-BIH Arrhythmia Database, las ondas que forman el complejo PQRST tienden a presentar la morfología típica mostrada en la sección 2.1, que se aproxima a la forma de onda que se reproduce en el gráfico de la figura 5.2(a). A pesar de su sencillez, esta representación del ECG es la que se usa habitualmente en ejercicios teóricos de interpretación de la señal electrocardiográfica, incluyendo actividades relacionadas con el diagnóstico [131], ya que recoge sus características principales, así como las relaciones fundamentales entre ellas. Por ejemplo, la onda R tiende a ser la de mayor energía, ya que marca el instante preciso de la despolarización ventricular; la distancia P-R suele ser menor que la R-T, debido a que la repolarización es un proceso más gradual que la despolarización; y las ondas Q y S presentan una dirección opuesta a la R, ya que se corresponden con pequeñas despolarizaciones ventriculares que se realizan en sentido contrario a la principal en lo referente al movimiento muscular. En cualquier caso, se debe tener en cuenta que la morfología típica de las ondas de ECG puede variar considerablemente entre las distintas clases de derivaciones, aunque esto es algo que se puede controlar, y entre diferentes patologías del corazón, siendo ésta la clave de la utilidad de los registros de ECG de cara al diagnóstico médico.

Si se toma como punto de partida la representación simplificada del ECG, se pueden diferenciar con claridad las 5 ondas típicas, que acumulan la mayor cantidad de energía. De esta forma, una descomposición adecuada del ECG en el dominio del tiempo debe ser capaz de extraer cada uno de estos componentes principales en un sólo elemento que sea lo más similar posible al original. En este sentido, el modelado de alguna de estas ondas básicas mediante dos o más átomos no es una opción práctica, ya que incrementaría

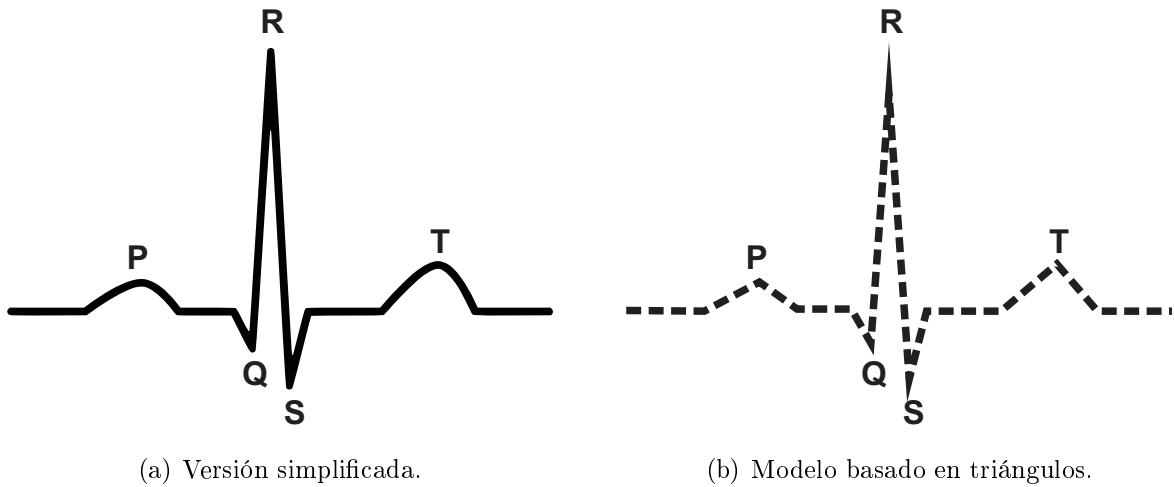


Figura 5.2 – Forma de onda típica del complejo PQRST del ECG.

la complejidad del procesamiento posterior. Al analizar visualmente la forma de onda del complejo PQRST típico, se llega a la conclusión de que una figura geométrica sencilla que a la vez se asemeja de manera razonable a los distintos elementos del ECG es el triángulo. Así, los componentes principales que forman la morfología básica del ECG se pueden correlacionar de manera adecuada con funciones triangulares de diferentes amplitudes y asimetrías, tal y como se muestra en la figura 5.2(b).

Por tanto, en este trabajo se propone la búsqueda de un método de descomposición que permita modelar la señal de ECG como una suma de triángulos en el dominio del tiempo. El objetivo es que teniendo un vector $\mathbf{x}(n)$ de N muestras que representa un segmento de ECG original, éste se pueda aproximar mediante una combinación lineal $\hat{\mathbf{x}}(n)$ de elementos triangulares, de la siguiente forma:

$$\hat{\mathbf{x}}(n) = \sum_{k=1}^I \alpha_k \cdot \mathbf{triang}_{\gamma_k}(n), \quad 0 \leq n < N, \quad (5.1)$$

donde γ identifica el conjunto de parámetros que define cada triángulo concreto en el dominio del tiempo.

Además del requisito de que los elementos que se emplean en la descomposición deben ser sencillos, reduciendo la complejidad del procesamiento, y asemejarse a los componentes principales del ECG, potenciando la calidad del modelado, existe otra condición importante a la hora de seleccionar la técnica más apropiada. Este nuevo requerimiento consiste en que la extracción de las ondas y demás características de la señal se haga de manera ordenada, y a ser posible, de mayor a menor relevancia. La idea es que en primer lugar se obtengan las ondas de mayor amplitud, como pueden ser las referentes a la R, la T o la P, seguidamente las de tamaño medio como la Q o la S y finalmente el resto de características, más relacionadas con ruido o pequeñas anomalías. Esta estrategia es

precisamente la que sigue el método de descomposición *matching pursuit*, que se describe de forma rigurosa en la sección 3.4.2. La descomposición MP consiste básicamente en comparar todos los átomos de un determinado diccionario con la señal que se desea descomponer y seleccionar aquel que se correlaciona mejor con ella en energía. Para ello, se emplea el criterio de maximización del área extraída, ya que se elige el átomo que presenta una mayor cantidad de área común con la señal original, al superponerse ambos en el dominio del tiempo. El átomo obtenido es entonces sustraído de la señal inicial, quedando una señal residual, y añadido al conjunto de elementos de MP. Este proceso se itera, usando las señales residuales para la comparación, hasta que la reconstrucción obtenida mediante el conjunto de MP alcanza la calidad deseada.

En la figura 5.3 se muestra un ejemplo visual del tipo de descomposición que se pretende obtener empleando MP junto a un diccionario de triángulos. En esta simulación se modela un segmento de ECG que abarca cuatro latidos. En las gráficas de la figura 5.3 se puede ver como a medida que se van incorporando los triángulos generados mediante MP, uno por iteración, a la señal reconstruida, ésta se va asemejando cada vez más al registro de ECG original. Así, en la figura 5.3(c) se observa cómo los cuatro primeros triángulos que se extraen con MP se corresponden con las ondas R de la señal original, reproducida en la figura 5.3(a). Dichos componentes son los primeros en extraerse porque son los que presentan mayor energía a lo largo del segmento de ECG y permiten por tanto localizar de manera automática las posiciones de los latidos. Los triángulos obtenidos en las siguientes iteraciones se relacionan con el resto de ondas principales típicas del ECG, como se observa en las figuras 5.3(d) y 5.3(e), donde se recuperan morfologías relacionadas con ondas de tipo P, Q, S y T. Finalmente, los últimos elementos que se obtienen sirven para modelar los detalles restantes o para refinar los anteriormente obtenidos. De esta manera, el segmento de ECG reconstruido tras un número suficiente de iteraciones proporciona un modelo de alta calidad de la señal original, como se puede observar en la figura 5.3(f), basado en la combinación lineal de un conjunto adecuado de átomos triangulares.

Este procedimiento, basado en MP, permite modelar el registro de ECG original en el dominio del tiempo de forma gradual y manteniendo el orden de relevancia en los átomos de descomposición obtenidos. De esta manera, el método de MP va generando, iteración a iteración, un conjunto de elementos que recoge la información más significativa de la señal y que puede ser procesado de manera estratégica en función de la aplicación a implementar. Así, una tarea que puede llevarse a cabo aprovechando los resultados de la descomposición MP es la compresión de ECG. La utilización de átomos definidos de manera sencilla con una cantidad limitada de parámetros permite la representación de la señal con menos datos que los proporcionados originalmente. En este sentido, las funciones tanto triangulares como de tipo B-spline parecen convenientes para dicho propósito. Además, el uso de la estrategia de MP facilita el control de la calidad de la señal comprimida. Como con cada iteración la señal recuperada se va pareciendo cada

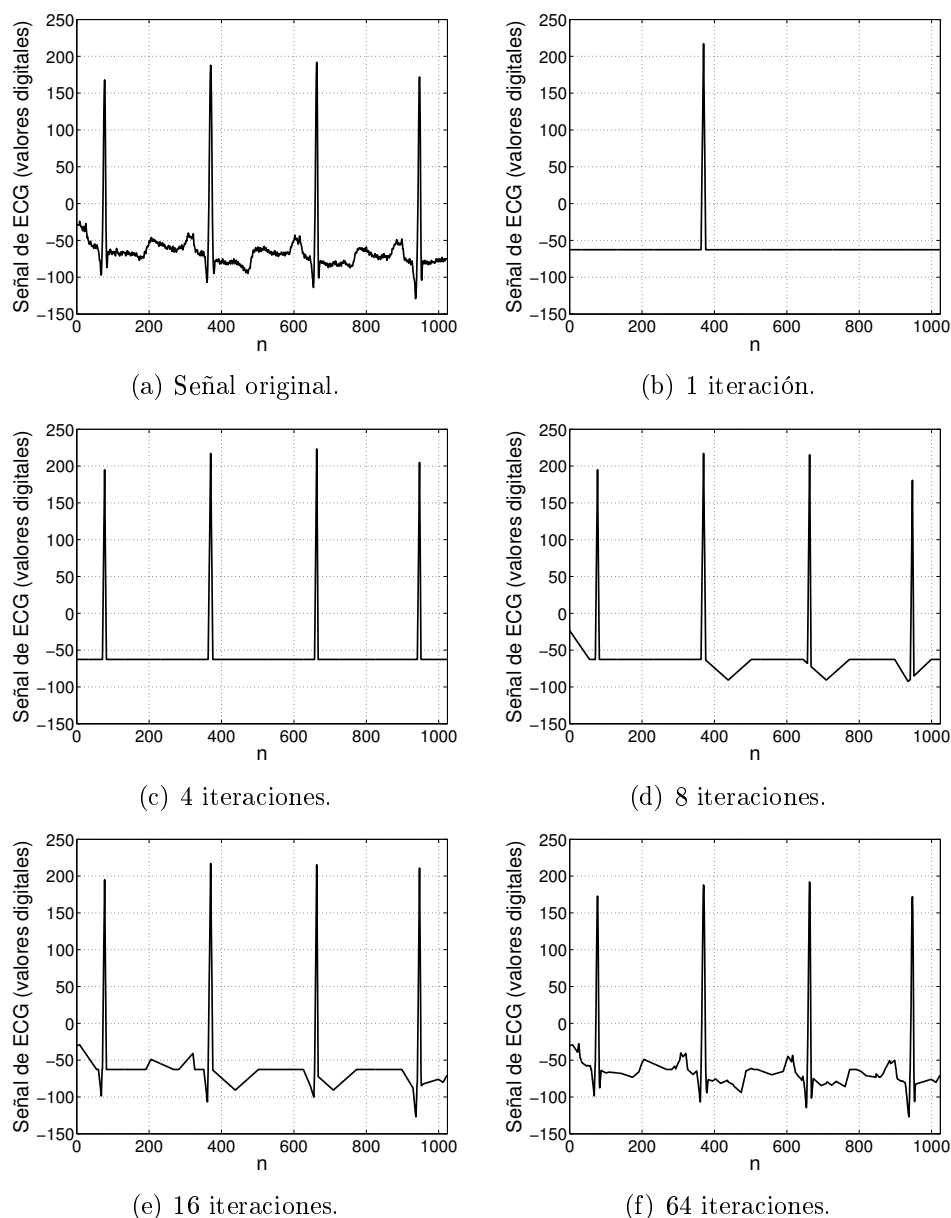


Figura 5.3 – Descomposición de un segmento de ECG original de 1024 muestras, que incluye 4 latidos, mediante MP y un diccionario de triángulos.

vez más a la original, al final de cada ciclo se puede examinar la calidad y detener el proceso si se alcanza un valor objetivo especificado *a priori*. Otra actividad que puede beneficiarse de manera evidente de la descomposición MP del ECG es la detección de latidos. En este caso, el ejemplo de la figura 5.3 pone de manifiesto la capacidad del método de MP para extraer automáticamente las posiciones temporales de los complejos QRS. En este trabajo se propone por tanto la implementación de ambas aplicaciones, compresión de ECG y detección QRS, en un solo algoritmo que tiene como núcleo la descomposición MP en el dominio del tiempo del registro de ECG original.

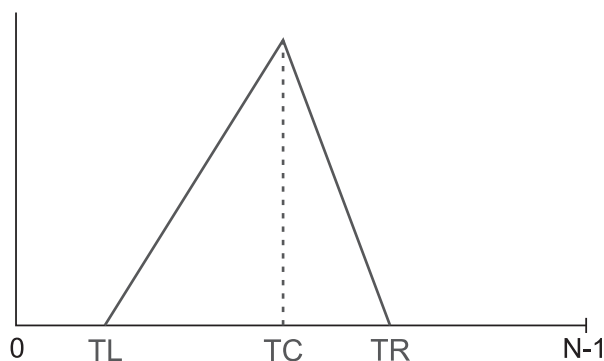


Figura 5.4 – Ejemplo de triángulo con su tripleta de parámetros (TL, TC, TR) .

5.3. Diccionarios

A la hora de aplicar MP como método de descomposición, la elección de un diccionario adecuado es esencial para poder extraer los componentes de la señal que son de utilidad para la aplicación concreta a desarrollar [132, 133]. En el estado de la técnica correspondiente al procesado de señal electrocardiográfica mediante MP, se pueden encontrar implementaciones con diferentes clases de diccionarios, principalmente orientadas a propósitos de compresión. En unos casos, el diccionario se genera con segmentos obtenidos de un conjunto de registros de ECG de entrenamiento [134, 135]. En este tipo de propuestas, el reto principal es la selección de una base de datos adecuada, que sea lo suficientemente representativa de la amplia variabilidad que ofrecen las señales cardíacas, pero que a la vez no tenga un tamaño excesivo, ya que se incrementarían los recursos computacionales necesarios. En otras ocasiones, se propone el uso de estructuras estándar para poblar el diccionario MP, como funciones de tipo B-spline [129], Hermite [136] y Gabor [137]. Estas entidades pueden proporcionar un buen comportamiento en términos de descomposición, pero a costa de un elevado coste computacional, que es proporcional a la complejidad de los átomos.

Los diccionarios empleados para descomponer el ECG mediante el método de MP deben contener por tanto átomos que se adapten de manera precisa a las diferentes ondas típicas de este tipo de señal, con el fin de mejorar tanto la calidad en compresión como la detección de las ondas R. Los elementos del diccionario deben ser, además de suficientemente precisos, lo más sencillos posible, de forma que puedan ser representados con pocos parámetros. Así, se consigue no solo incrementar la tasa de compresión sino también agilizar el procesado. Por estas razones, en este estudio se propone el uso de funciones triangulares y de tipo B-spline para conformar los átomos de los diccionarios de MP. Por razones de claridad, la descripción del estudio se centra en los átomos triangulares, que a la postre son los que proporcionan mejores resultados. Por su parte, el análisis correspondiente a los diccionarios de tipo B-spline se presenta al final del capítulo, en la sección 5.6, aprovechando como referencia los procedimientos ya descritos para los diccionarios de triángulos.

Los átomos basados en triángulos se pueden definir mediante una tripleta de parámetros, $\gamma = (TL, TC, TR)$, que se corresponden con el inicio, la posición del pico y el final del triángulo a lo largo del tiempo, tal y como se representa en la figura 5.4. Estos tres valores permiten definir unívocamente elementos triangulares a través de la siguiente función:

$$\mathbf{triang}_{\gamma}(n) = \begin{cases} 0, & 0 \leq n \leq TL, \\ h \cdot \frac{n-TR}{TC-TR}, & TR < n < TC, \\ h, & n = TC, \\ h \cdot \frac{TL-n}{TL-TC}, & TC < n < TL, \\ 0, & TR \leq n < N, \end{cases} \quad (5.2)$$

donde el valor de h se calcula de manera que el área del triángulo, o lo que es lo mismo, su energía, sea igual a la unidad, es decir, $h = 2(TR - TL)^{-1}$. La normalización de la energía permite que el criterio de maximización de área de MP se ejecute de manera justa con todos los átomos. Si no se llevara a cabo esta operación, aquellos triángulos más extensos, que originalmente presentan una mayor cantidad de energía, tendrían más opciones de compartir área con la señal a descomponer, véase el producto escalar de la ecuación (3.19), y, por tanto, de ser seleccionados.

Los diccionarios de MP que se proponen inicialmente para ser utilizados con la estrategia de descomposición MP en el dominio del tiempo de señales de ECG están compuestos por triángulos. Estos átomos triangulares pueden ser tanto simétricos como asimétricos, presentan una norma unitaria y son identificados individualmente mediante la tripleta (TL, TC, TR) , tal y como se expone en la ecuación (5.2). El valor de TC , correspondiente al centro del triángulo, puede tomar cualquier valor del intervalo $[0, N-1]$. La naturaleza asimétrica de las ondas que aparecen en los registros de ECG obliga a considerar triángulos no simétricos, de manera que las longitudes desde los extremos izquierdo y derecho de los átomos hasta el centro, esto es $TC - TL$ y $TR - TC$ respectivamente, no tienen porqué ser iguales. Además, un átomo singular a tener cuenta es el impulso unitario, que se corresponde con una única muestra de valor uno y se define, por tanto, mediante los parámetros $TL = TC = TR$. La introducción del impulso unitario en los diccionarios garantiza la representación de cualquier señal en el espacio \mathbb{R}^N [138], ya que permite extraer muestras individuales en un elemento de MP.

Desde el punto de vista práctico, para definir un diccionario específico de triángulos tan solo hay que establecer un valor denominado LT_{max} , que determina la extensión máxima permitida, en número de muestras, para las longitudes laterales, es decir tanto para $TC - TL$ como para $TR - TC$. De esta forma, considerando que el centro del triángulo puede situarse en cualquier posición a lo largo del segmento de ECG, la posición inicial de los átomos del diccionario se denota como

$$TL = [\text{máx} \{0, TC - LT_{max}\}, TC], \quad (5.3)$$

mientras que la posición final queda limitada de la siguiente manera:

$$TR = [TC, \text{mín} \{N - 1, TC + LT_{max}\}]. \quad (5.4)$$

La elección de LT_{max} debe realizarse como un compromiso entre la variedad de átomos a utilizar, lo que mejora la calidad de la descomposición, y el tamaño del diccionario, que afecta al coste computacional del proceso y al tamaño de los descriptores de los triángulos. Si el valor de LT_{max} es alto, hay más patrones disponibles, pero se requieren más recursos computacionales y más bits para codificar los parámetros identificativos de los átomos. Por otra parte, para valores de LT_{max} menores, las iteraciones de descomposición se ejecutan con mayor rapidez, ya que el diccionario contiene menos átomos, pero es necesario extraer más elementos para un mismo nivel de calidad de reconstrucción.

5.4. Algoritmo para compresión y detección QRS

La descomposición en el dominio del tiempo del ECG mediante el método de MP sirve de núcleo para el desarrollo de un esquema que permite realizar de manera conjunta las funciones de compresión y detección QRS. La idea es que ambas tareas compartan la etapa inicial de MP pero sus procesos específicos posteriores se lleven a cabo simultáneamente, como se muestra en la figura 5.1, con la finalidad de agilizar la computación y evitar la propagación de errores entre ellos. El algoritmo completo se describe de manera general en el diagrama de bloques de la figura 5.5. En este gráfico se puede ver cómo la descomposición MP constituye el bloque inicial común que alimenta a las dos líneas secundarias de procesamiento, tanto la de compresión como la de detección QRS, que se ejecutan por separado. Finalmente, los resultados de ambas ramas se combinan para proporcionar la señal de ECG comprimida junto con las anotaciones correspondientes a las posiciones de los latidos.

5.4.1. Descomposición MP

El primer paso del algoritmo consiste en la descomposición MP. El método que se propone para esta etapa se basa en el procedimiento de MP estándar descrito en la sección 3.4.2. Así, al proceso iterativo tradicional de descomposición MP se le añade un procedimiento para controlar la calidad de la señal reconstruida. El objetivo de esta funcionalidad adicional es mantener bajo control la distorsión de la señal comprimida, restringiendo el error que introduce la descomposición MP. Para ello, se emplea un parámetro de calidad objetivo cuyo valor se especifica *a priori*, de manera similar a lo realizado en el capítulo 4. Además, esta estrategia de control de calidad en compresión no afecta a la tarea de detección de latidos, ya que los niveles objetivo establecidos para obtener una señal comprimida útil deben preservar las ondas principales de los complejos QRS, que se extraen en las primeras iteraciones.

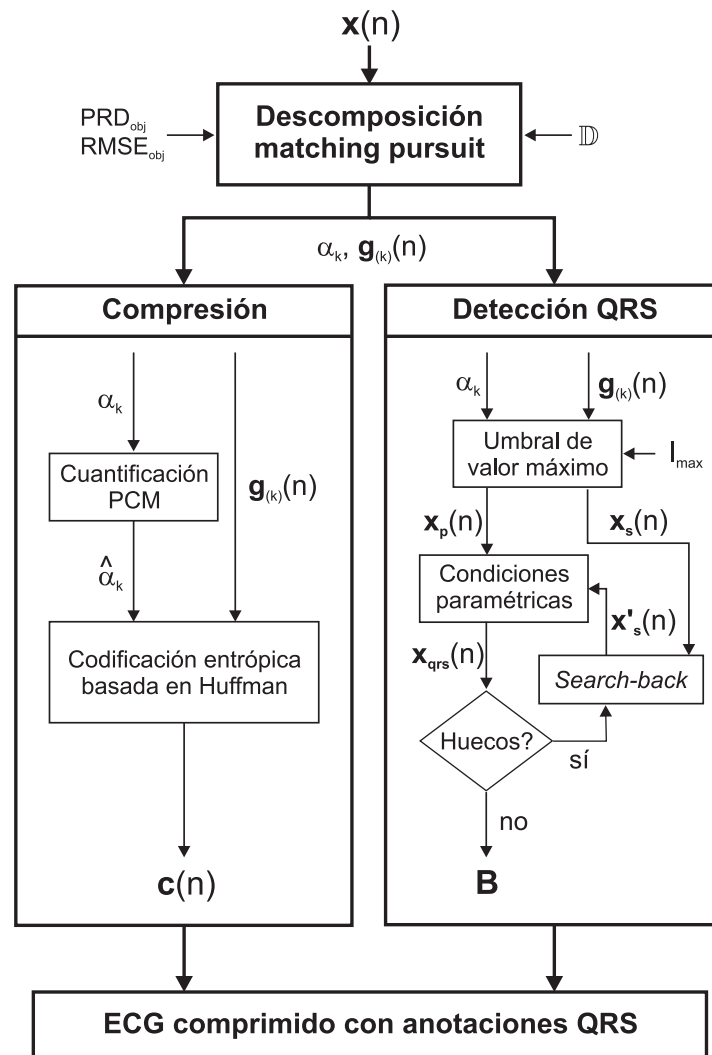


Figura 5.5 – Diagrama de bloques del algoritmo propuesto para compresión y detección QRS conjunta de señal electrocardiográfica mediante descomposición MP.

Para llevar a cabo el control de la calidad de reconstrucción, se especifica *a priori* un valor de distorsión objetivo, en términos de RMSE ($RMSE_{obj}$) o de PRD (PRD_{obj}). El RMSE es la medida de calidad más adecuada para este propósito, como se demuestra en los análisis del capítulo 4. El PRD, por su parte, es la figura de mérito más comúnmente utilizada en la bibliografía, por lo que se utiliza para poder comparar los resultados con los de otros trabajos del estado de la técnica.

Al terminar cada iteración de MP se determina el valor de calidad entre la señal de ECG original, $x(n)$, y la modelada con los k elementos obtenidos hasta entonces, $\hat{x}_k(n)$. Esta medida de calidad por iteración se calcula mediante el RMSE, obteniendo el valor $RMSE_k$, o el PRD, generando el dato PRD_k , en concordancia con el parámetro objetivo seleccionado. De esta forma, si se utiliza el RMSE para controlar la calidad, la descomposición MP de la señal de ECG implementada en el algoritmo propuesto se

detiene en la iteración I cuando se cumple

$$\text{RMSE}_I \simeq \text{RMSE}_{obj}. \quad (5.5)$$

En cambio, al emplear el PRD, la condición de parada es

$$\text{PRD}_I \simeq \text{PRD}_{obj}. \quad (5.6)$$

En ambos casos se admite un rango de tolerancia del 5 % con respecto al valor objetivo, con la finalidad de dejar otro margen idéntico del 5 % para absorber el error de la etapa posterior de cuantificación y que el valor final de calidad no se desvíe respecto al parámetro objetivo en más del 10 %. Así, el nivel de distorsión objetivo elegido *a priori*, ya sea el PRD_{obj} o el RMSE_{obj} , determina en cada caso el número de iteraciones de descomposición I que se llevan a cabo mediante la técnica de MP. En este sentido, para evitar descomposiciones que den lugar a un número excesivo de elementos, ya sea porque los requisitos de calidad son demasiado exigentes o porque los átomos no se adaptan bien a la morfología de la señal, se establece un límite máximo de iteraciones igual a la mitad del número de muestras de la señal de ECG:

$$I \leq \frac{N}{2}. \quad (5.7)$$

De esta forma, se evita que la estrategia de control de calidad imponga una cantidad ilógica de iteraciones, al tener como objetivo un nivel de distorsión inalcanzable, que derive en unos resultados de compresión ineficientes.

Por tanto, en esta primera etapa del algoritmo, el registro de ECG original, que se representa mediante el vector $\mathbf{x}(n)$ de longitud N , se descompone mediante MP en un conjunto de átomos $\mathbf{g}_{(k)}(n)$, con sus correspondientes coeficientes α_k , para $1 \leq k \leq I$, respetando un nivel de calidad objetivo establecido *a priori*.

5.4.2. Compresión

El método de compresión se basa en la codificación del conjunto de elementos de MP obtenidos, es decir los I átomos $\mathbf{g}_{(k)}(n)$ con sus respectivos coeficientes α_k , para representar la señal de ECG en lugar de usar las muestras originales. Para ello, en el caso de los coeficientes, primeramente se realiza una cuantificación para la cantidad de bits necesaria para su representación. Para ello, se emplea la técnica PCM, descrita en la sección 3.4.4, con un número de bits adaptativo $6 \leq Q \leq 11$, con el fin de controlar la calidad final de reconstrucción. Así, inicialmente se lleva a cabo la cuantificación PCM con $Q = 6$ y se comprueba si la distorsión de la señal de ECG recuperada con los coeficientes cuantificados cumple la condición objetivo especificada *a priori* en términos de RMSE o PRD, según corresponda. Si no es así, se repite la cuantificación de manera sucesiva, incrementando el valor de Q , hasta que el nivel de calidad de reconstrucción alcanza el

valor de RMSE_{obj} o PRD_{obj} , con el margen de tolerancia del 10 %, o se llega a cuantificar con el tope de bits $Q = 11$. De esta forma, a partir de los coeficientes originales, α_k , expresados por ejemplo con 64 bits en formato de coma flotante de doble precisión, se generan sus equivalentes cuantificados, $\hat{\alpha}_k$. Debido al bajo nivel de redundancia de este tipo de datos, no se les aplica ningún tipo de codificación entrópica, por lo que se mantiene la representación binaria de Q bits para cada uno de ellos, sin introducir ningún tipo de compresión. Además, es necesario transmitir el número de elementos I resultado de la descomposición, que se corresponde también con la cantidad de coeficientes, para lo que se emplean A_b bits:

$$A_b = \left\lceil \log_2 \left(\frac{N}{2} \right) \right\rceil, \quad (5.8)$$

en concordancia con la cantidad máxima de iteraciones de MP permitidas, que se define en la ecuación (5.7). Por tanto, los propios coeficientes cuantificados, $\hat{\alpha}_k$, junto con la cantidad de átomos de MP, I , el valor de Q (4 bits) y los límites inferior y superior de la cuantificación PCM (16 bits en coma flotante cada uno), se añaden a la señal comprimida de salida $\mathbf{c}(n)$.

Por otra parte, para codificar los átomos $\mathbf{g}_{(k)}(n)$, las posiciones laterales de la tripleta de representación vista anteriormente, TL y TR , se sustituyen por las extensiones laterales de los triángulos para aumentar la entropía de los datos. Así, la longitud izquierda de un átomo triangular se calcula como

$$LTL = TC - TL, \quad (5.9)$$

mientras que la longitud derecha se obtiene mediante la expresión

$$LTR = TR - TC. \quad (5.10)$$

De esta forma, cada átomo de descomposición obtenido, $\mathbf{g}_{(k)}(n)$, queda definido por la nueva tripleta (LTL_k, TC_k, LTR_k) , que es la que finalmente se usa en la codificación. Las posiciones centrales de todos los átomos, $TC_k \forall k = 1, 2, \dots, I$, se codifican directamente de manera binaria debido a su baja entropía. Para este propósito, se utilizan C_b bits por parámetro:

$$C_b = \lceil \log_2(N) \rceil, \quad (5.11)$$

garantizando la representación de cualquier posición del segmento de ECG. Así, a la señal binaria de salida $\mathbf{c}(n)$ se le añaden los valores de TC_k de todos los átomos de descomposición, codificados con C_b bits.

Los datos correspondientes a las dos longitudes laterales de todos los átomos, es decir LTL_k y LTR_k para $k = 1, 2, \dots, I$, se agrupan para codificarse de forma conjunta. La codificación se puede llevar a cabo de dos formas diferentes, de manera que para cada segmento de ECG se emplea la que más conviene según la entropía de los datos. De forma práctica, se calcula la cantidad de bits que requieren las dos opciones de codificación

disponibles y se selecciona la más eficiente, es decir, la que proporciona el valor más bajo. La razón de emplear esta estrategia es que la redundancia de estos parámetros varía de forma significativa entre señales y niveles de calidad, por lo que en cada caso específico conviene aplicar un método u otro. La primera opción, que necesita menos bits en comparación con la segunda alternativa cuando la redundancia de los valores es baja, consiste en codificar cada uno de los parámetros con L_b bits:

$$L_b = \lceil \log_2(LT_{max}) \rceil. \quad (5.12)$$

La segunda técnica de codificación, que da lugar a una menor cantidad de bits que la anterior si la entropía del conjunto es suficientemente elevada, se basa en la codificación Huffman de [121], que se describe en la sección 3.4.5. La clave es que el uso del método Huffman es adecuado sólo si la reducción de información que se obtiene compensa el incremento simultáneo de datos que se produce debido a la tabla auxiliar de correspondencia entre símbolos y palabras código que también hay que transmitir. Por tanto, si se lleva cabo el método de codificación directa, se incorporan todos los valores tanto de $LT L_k$ como $LT R_k$, representado cada uno de ellos con L_b bits, a la señal binaria final $\mathbf{c}(n)$. En cambio, si los datos de las longitudes laterales se procesan con el codificador Huffman, a la señal comprimida de salida $\mathbf{c}(n)$ se le añade la secuencia de palabras código generada junto con la tabla auxiliar. En cualquiera de los casos se ha de transmitir además un bit adicional que indica el tipo de codificación elegida.

Recopilando, el esquema de bloques dedicado a la compresión de ECG recibe como variables de entrada el conjunto de átomos $\mathbf{g}_{(k)}(n)$, con sus respectivos coeficientes, α_k , para $k = 1, 2, \dots, I$. Estos datos son procesados para generar la secuencia binaria $\mathbf{c}(n)$, que incluye todos los parámetros necesarios para reconstruir una aproximación de la señal de ECG original con el nivel de calidad establecido *a priori* en términos de RMSE o PRD. En este sentido, la extensión del segmento de ECG, N , no se codifica ya que se asume que es conocida en destino. De esta forma, la señal comprimida $\mathbf{c}(n)$ incorpora los siguientes datos: el número de átomos de MP, los coeficientes de descomposición cuantificados, el número de bits del cuantificador, los límites mínimo y máximo de cuantificación, las posiciones centrales de los átomos, el tipo de codificación usada con las longitudes laterales de los átomos y los valores codificados de dichas longitudes.

5.4.3. Detección QRS

La detección QRS se sustenta en la extracción de las ondas R del registro de ECG de entrada mediante los componentes de descomposición en el dominio del tiempo obtenidos con la técnica MP. La propiedad de alta energía que suele caracterizar a estas ondas permite que los elementos de MP correspondientes a las ondas R se obtengan durante las primeras iteraciones. Por este motivo se establece un parámetro de configuración, denominado I_{max} , que limita el número de iteraciones, y, consecuentemente, de

átomos a utilizar. De esta manera, se reducen los recursos computacionales y el tiempo de ejecución, a la vez que se evita la intervención de los componentes de la últimas iteraciones, normalmente relacionados con ruido y otras anomalías, que pueden dar lugar a errores. Así, los primeros elementos de descomposición obtenidos mediante MP, $\mathbf{e}_k(n) \forall 1 \leq k \leq I_{max}$, donde $\mathbf{e}_k(n) = \alpha_k \cdot \mathbf{g}_{(k)}(n)$, se evalúan mediante un umbral adaptativo de valor máximo, T_h , con la finalidad de construir dos señales características de la siguiente manera:

$$\begin{aligned} \mathbf{x}_p(n) &= \sum_{j=1}^J \mathbf{p}_j(n), \quad \mathbf{p}_j(n) = \mathbf{e}_k(n) \forall \underset{\forall n}{\text{máx}} \{\mathbf{e}_k(n)\} > T_h, \\ \mathbf{x}_s(n) &= \sum_{m=1}^M \mathbf{s}_m(n), \quad \mathbf{s}_m(n) = \mathbf{e}_k(n) \forall T_h \geq \underset{\forall n}{\text{máx}} \{\mathbf{e}_k(n)\} > \frac{T_h}{2}, \end{aligned} \quad (5.13)$$

donde, por tanto, $J+M \leq I_{max}$. De esta forma, cada uno de los elementos de descomposición $\mathbf{e}_k(n) \forall 1 \leq k \leq I_{max}$ pasa a formar parte de $\mathbf{x}_p(n)$ o de $\mathbf{x}_s(n)$, o es directamente descartado.

La primera señal característica $\mathbf{x}_p(n)$ está formada por los componentes más significativos de la señal de ECG obtenidos mediante MP y permite localizar los átomos que son candidatos principales a complejo QRS. Por su parte, la señal $\mathbf{x}_s(n)$ contiene elementos que se consideran secundarios, por lo que se emplea únicamente en un proceso posterior de *search-back*, en caso de ser necesario. El *search-back* se encarga de rellenar los huecos que aparecen debido a complejos QRS que no se detectan inicialmente con la señal $\mathbf{x}_p(n)$. Para ello, se ejecuta un procedimiento iterativo de búsqueda hacia atrás de los latidos perdidos, empleando los candidatos alternativos presentes en $\mathbf{x}_s(n)$. Por otra parte, si se procesa el registro de ECG por segmentos, aparece al problema de detectar ondas R que quedan divididas por la frontera entre dos bloques. Para solucionarlo, si un componente queda incompleto al final de un segmento, se analiza ya completo como candidato en el bloque siguiente. Para ello, se incorpora en su totalidad a la señal $\mathbf{x}_p(n)$ o $\mathbf{x}_s(n)$, según corresponda, por lo que dichas señales pueden extenderse a parte del segmento anterior.

El umbral T_h se calcula de manera adaptativa, ya que su valor se actualiza cada vez que se añade un nuevo elemento de descomposición $\mathbf{p}_j(n)$ a la señal $\mathbf{x}_p(n)$. Así, T_h se inicializa a cero, con lo que el primer componente de MP, $\mathbf{e}_1(n)$, siempre se incluye en la señal principal $\mathbf{x}_p(n)$. A partir de ese momento, el valor de T_h se obtiene como la fracción P_{th} del valor máximo del último componente incluido en $\mathbf{x}_p(n)$:

$$T_h = \begin{cases} 0, & j = 0, \\ P_{th} \cdot \underset{\forall n}{\text{máx}} \{\mathbf{p}_j(n)\}, & j > 0, \end{cases} \quad (5.14)$$

siendo P_{th} un parámetro configurable del detector. La selección de un porcentaje P_{th} elevado puede provocar que se pierdan elementos correspondientes a latidos, en el caso,

por ejemplo, de que el segmento de ECG presente ondas R de diferente amplitud. En cambio, tampoco es apropiado elegir un valor de P_{th} demasiado pequeño, ya que se incrementa la posibilidad de que se obtengan falsos positivos, al añadirse componentes secundarios irrelevantes que únicamente introducen ruido y confunden al algoritmo de detección. A este respecto, la estrategia que se recomienda consiste en establecer un nivel de P_{th} conservador, de manera que no se descarte de inicio ningún verdadero positivo, a expensas de dejar pasar más falsos positivos de lo normal, ya que estos últimos se pueden descartar en etapas posteriores.

Seguidamente se procede a analizar la señal principal, $\mathbf{x}_p(n)$, con el fin de examinar los elementos individuales que la conforman y determinar cuáles de ellos se seleccionan como latidos. Así, se caracteriza cada uno de los elementos $\mathbf{p}_j(n)$ de la señal $\mathbf{x}_p(n)$ a través de la tripleta de parámetros (A_j, S_j, L_j) , que contiene su amplitud en milivoltios, su pendiente en milivoltios por milisegundo y la posición del pico en milisegundos, respectivamente. Para obtener estos datos se trabaja sobre la señal original, $\mathbf{x}(n)$, analizando las ondas que se encuentran alrededor de las posiciones centrales, TC , de los distintos componentes $\mathbf{p}_j(n)$. En este sentido, varias pruebas realizadas en este estudio demuestran que al emplear el registro original se obtienen mejores resultados que con la señal reconstruida, $\hat{\mathbf{x}}(n)$, con la propia señal principal, $\mathbf{x}_p(n)$, o incluso con una combinación de las señales principal y secundaria, $\mathbf{x}_{ps}(n) = \mathbf{x}_p(n) + \mathbf{x}_s(n)$. El motivo es que al emplear la señal original se elimina la influencia de los errores derivados de la descomposición, que pueden falsear los resultados reales de los parámetros.

Para el cálculo tanto de la amplitud y como de la pendiente, hay que tener en cuenta que existen dos valores posibles, correspondientes a ambos lados de la onda que se analiza. A este respecto, se escoge el más restrictivo de los casos, con el fin de asegurar la búsqueda de picos prominentes, que se asemejan a la morfología habitual de la onda R. Además, si se procesa la señal de ECG por bloques y el último componente del segmento actual quede incompleto, dicho elemento se elimina de $\mathbf{x}_p(n)$ y se guarda para ser tratado como candidato ya completo en el bloque siguiente. Formalmente se considera que el último componente de un segmento está incompleto si la distancia entre la posición del pico, L_j , y el final del segmento es menor que 150 ms, que se corresponde con la mitad del tamaño de la ventana que se emplea para validar las posiciones de los latidos según [109].

Una vez que se obtienen las tripletas de parámetros de todos los componentes, se procesan una a una para decidir si se corresponden con un complejo QRS del segmento de ECG de entrada o no. Para ello, los elementos $\mathbf{p}_j(n) \forall 1 \leq j \leq J$, junto con sus tripletas (A_j, S_j, L_j) , se ordenan de manera cronológica, es decir, según van apareciendo a lo largo de la señal $\mathbf{x}_p(n)$:

$$\mathbf{p}_{(1)}, \mathbf{p}_{(2)}, \dots, \mathbf{p}_{(J)} \forall L_1 \leq L_2 \leq \dots \leq L_J, \quad (5.15)$$

y se les aplican las siguientes condiciones paramétricas:

- I) La primera condición especifica que la amplitud debe ser mayor que un determinado porcentaje, P_{amp} , de la amplitud del elemento que lo precede:

$$A_j > P_{amp} \cdot A_{j-1}. \quad (5.16)$$

- II) El segundo requisito establece que la pendiente debe ser mayor que cierto porcentaje, P_{sl} , de la pendiente del componente anterior, superando siempre un nivel de pendiente mínimo, S_{min} :

$$S_j > \text{máx} \{P_{sl} \cdot S_{j-1}, S_{min}\}. \quad (5.17)$$

El valor de S_{min} se refiere a la mínima pendiente que se considera en la práctica para una onda R. Para calcularlo, se tiene en cuenta la amplitud mínima que debe tener un complejo QRS de un paciente adulto para ser detectado según [139], que es 0,15 mV, y la duración típica de una onda R, que establecemos en 60 ms. De esta manera, el umbral de pendiente mínima que se obtiene es de 5 mV/s, que es el que se aplica en el detector por defecto. Sin embargo, en el caso de trabajar con pacientes neonatos o infantiles, dicho límite debe reducirse en concordancia.

- III) La tercera regla impone que los complejos QRS estén suficientemente separados entre sí, definiéndose una separación mínima de 200 ms, que se corresponde con la máxima frecuencia cardíaca máxima de 300 latidos por minuto:

$$L_j \geq L_{j-1} + 200. \quad (5.18)$$

En el caso de que coincidan varios componentes que cumplen las dos primeras condiciones, relativas a la amplitud y a la pendiente, dentro de la misma ventana temporal de 200 ms, como por ejemplo al encontrar una onda R típica seguida de una onda S prominente, se descarta el de menor pendiente.

Los componentes $\mathbf{p}_j(n)$ que no cumplen con alguna de las tres condiciones anteriores se substraen de $\mathbf{x}_p(n)$ y reciclados en la señal secundaria, $\mathbf{x}_s(n)$, con el fin de ser considerados como candidatos en la etapa de *search-back*, en el caso de que finalmente queden huecos por rellenar. Por otra parte, aquellos elementos que satisfacen las tres condiciones se preservan, dando lugar a una nueva señal característica, $\mathbf{x}_{qrs}(n)$, que contiene los componentes etiquetados como complejos QRS:

$$\mathbf{x}_{qrs}(n) = \sum_{h=1}^H \mathbf{q}_h(n), \quad (5.19)$$

donde $\mathbf{q}_h(n) = \mathbf{p}_j(n)$ para todo $\mathbf{p}_j(n)$ que satisface (5.16), (5.17) y (5.18). Mientras que la nueva señal característica $\mathbf{x}_s'(n)$ se genera complementando la antigua señal $\mathbf{x}_s(n)$

con los componentes de la señal principal, $\mathbf{x}_p(n)$, descartados en la etapa anterior:

$$\mathbf{x}_s'(n) = \sum_{m=1}^M \mathbf{s}_m(n) + \sum_{r=1}^{J-H} \mathbf{p}_r(n) = \sum_{u=1}^U \mathbf{s}'_u(n), \quad (5.20)$$

donde $\mathbf{p}_r(n)$ son los elementos $\mathbf{p}_j(n)$ que no cumplen con alguna de las tres condiciones paramétricas.

La duración de los intervalos que se generan entre los complejos QRS de $\mathbf{x}_{\text{qrs}}(n)$ permite identificar la posible ausencia de latidos no detectados en dicha señal. En la práctica, el límite temporal que marca la presencia de huecos se fija mediante la variable G , que se calcula a través de la expresión

$$G = 1,5 \cdot G_m, \quad (5.21)$$

donde G_m es la mediana de las duraciones de los 30 intervalos inmediatamente anteriores. En el caso de encontrar huecos, se aplica el proceso de *search-back*, considerando como candidatos los componentes $\mathbf{s}'_u(n)$ de la señal $\mathbf{x}_s'(n)$. Para ello se sigue un procedimiento basado en condiciones paramétricas equivalente al descrito anteriormente para la señal principal, $\mathbf{x}_p(n)$. La diferencia que presentan las condiciones de la etapa de *search-back*, es que los requisitos tanto de amplitud como de pendiente se relajan con respecto a los especificados anteriormente. Concretamente, se reducen los niveles porcentuales P_{amp} y P_{sl} a la mitad, con el fin de que alguno de los candidatos secundarios sean aceptados como latidos.

Cada vez que se lleva a cabo el rellenado de un hueco mediante un proceso de *search-back*, se puede añadir únicamente un nuevo complejo QRS al intervalo correspondiente de la señal $\mathbf{x}_{\text{qrs}}(n)$. El objetivo es que los huecos se rellenen de manera gradual, dividiéndose en no más de dos partes por iteración de *search-back*, con lo que se reduce la posibilidad de incorporar falsos positivos. Para cumplir este requisito, si mas de un candidato cumple con las tres condiciones paramétricas, sólo aquel de mayor pendiente se añade como nuevo complejo QRS. El procedimiento de *search-back* se realiza para todos los huecos que se vayan identificando, completando así la señal $\mathbf{x}_{\text{qrs}}(n)$ con los latidos recuperados que habían pasado inicialmente desapercibidos:

$$\mathbf{x}_{\text{qrs}}(n) = \sum_{r=1}^R \mathbf{q}_r(n) + \sum_{v=1}^V \mathbf{s}'_v(n) = \sum_{z=1}^Z \mathbf{q}'_z(n), \quad (5.22)$$

donde $\mathbf{s}'_v(n)$ son los componentes $\mathbf{s}'_u(n)$ elegidos como latidos mediante el método de *search-back* para el rellenado de huecos. De esta forma, una vez que se comprueban todos los intervalos, se puede generar un vector \mathbf{B} de anotaciones QRS a partir de las posiciones de pico, L_z , de los diferentes elementos $\mathbf{q}'_z(n)$ que se incluyen en la versión final de la señal $\mathbf{x}_{\text{qrs}}(n)$.

Por tanto, en esta cadena de procesado, se consiguen determinar las posiciones de los complejos QRS del segmento original de ECG, $\mathbf{x}(n)$, a partir del conjunto de átomos $\mathbf{g}_{(k)}(n)$ y coeficientes α_k , para $k = 1, 2, \dots, I_{max}$, obtenidos en la etapa inicial de descomposición MP. El resultado final es un conjunto de anotaciones, \mathbf{B} , que indican las posiciones donde se localizan los picos principales de los latidos, o, lo que es lo mismo, las ondas R. El vector de anotaciones \mathbf{B} se codifica de manera binaria para añadirlo a la señal comprimida $\mathbf{c}(n)$ y conformar el resultado final del algoritmo.

En la figura 5.6 se presenta un ejemplo de detección QRS, para un segmento de 1024 muestras de la primera derivación (V5) de la señal 104 de la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database, que contiene cuatro complejos QRS. El primero de los latidos está marcado como normal, el segundo como anómalo, debido a una contracción ventricular prematura, y los dos últimos son generados por un marcapasos. El número máximo de iteraciones de MP que se establece para este ejercicio es de $I_{max} = 10$. Así, en la figura 5.6(b) se puede ver la señal de ECG equivalente que se reconstruye con los 10 primeros elementos de descomposición obtenidos en el primer paso del algoritmo global a través de la técnica de MP. Para ello, se ha empleado un diccionario de triángulos definido por $LT_{max} = 64$. Tras analizar la amplitud de los 10 componentes, se crean las señales $\mathbf{x}_p(n)$ y $\mathbf{x}_s(n)$, con 5 y 4 elementos, respectivamente, por lo que ya se descarta uno de los 10 elementos iniciales al no ser suficientemente significativo. Después de aplicar las condiciones paramétricas a los 6 elementos de la señal $\mathbf{x}_p(n)$, se seleccionan tres complejos QRS, correspondientes al latido normal y a los dos de marcapasos, ya que son los que presentan una mayor amplitud y, sobre todo, pendiente. Por su parte, los otros 2 átomos de $\mathbf{x}_p(n)$ que no cumplen las tres condiciones paramétricas se incorporan a la señal $\mathbf{x}_s(n)$ para un hipotético proceso posterior de *search-back*. De esta forma, se obtiene la señal $\mathbf{x}_s'(n)$, que se reproduce en la figura 5.6(e), con 6 elementos.

Al analizar el tamaño del intervalo entre los dos primeros complejos QRS inicialmente detectados, véase la línea verde discontinua de la figura 5.6(f), y compararlo con el límite G , se alerta de la posible ausencia de un latido, por lo que se procede a ejecutar la técnica de *search-back* para intentar rellenar el hueco existente. De esta forma, se aplican las condiciones paramétricas relajadas, esto es, con los porcentajes originales P_{amp} y P_{sl} reducidos a la mitad, a los componentes de $\mathbf{x}_s'(n)$. En este proceso se recupera como latido el único candidato disponible en el intervalo de búsqueda. Este elemento fue rechazado en el primer análisis debido tanto a su amplitud como a su pendiente, ya que ninguno de estos dos parámetros cumplían los requisitos correspondientes. En la figura 5.6(a) se puede comprobar visualmente que la onda asociada a dicho componente es menos alta y puntiaguda que la del latido predecesor. En la etapa de *search-back* esos mismos valores de amplitud y pendiente sí que se aceptan, gracias a que se suavizan los límites paramétricos. Así, se consiguen detectar finalmente todos los complejos QRS del segmento, esto es, el latido normal, el anómalo y los dos de marcapasos, como se muestra en la señal $\mathbf{x}_{qrs}(n)$, obtenida tras *search-back*, de la figura 5.6(f).

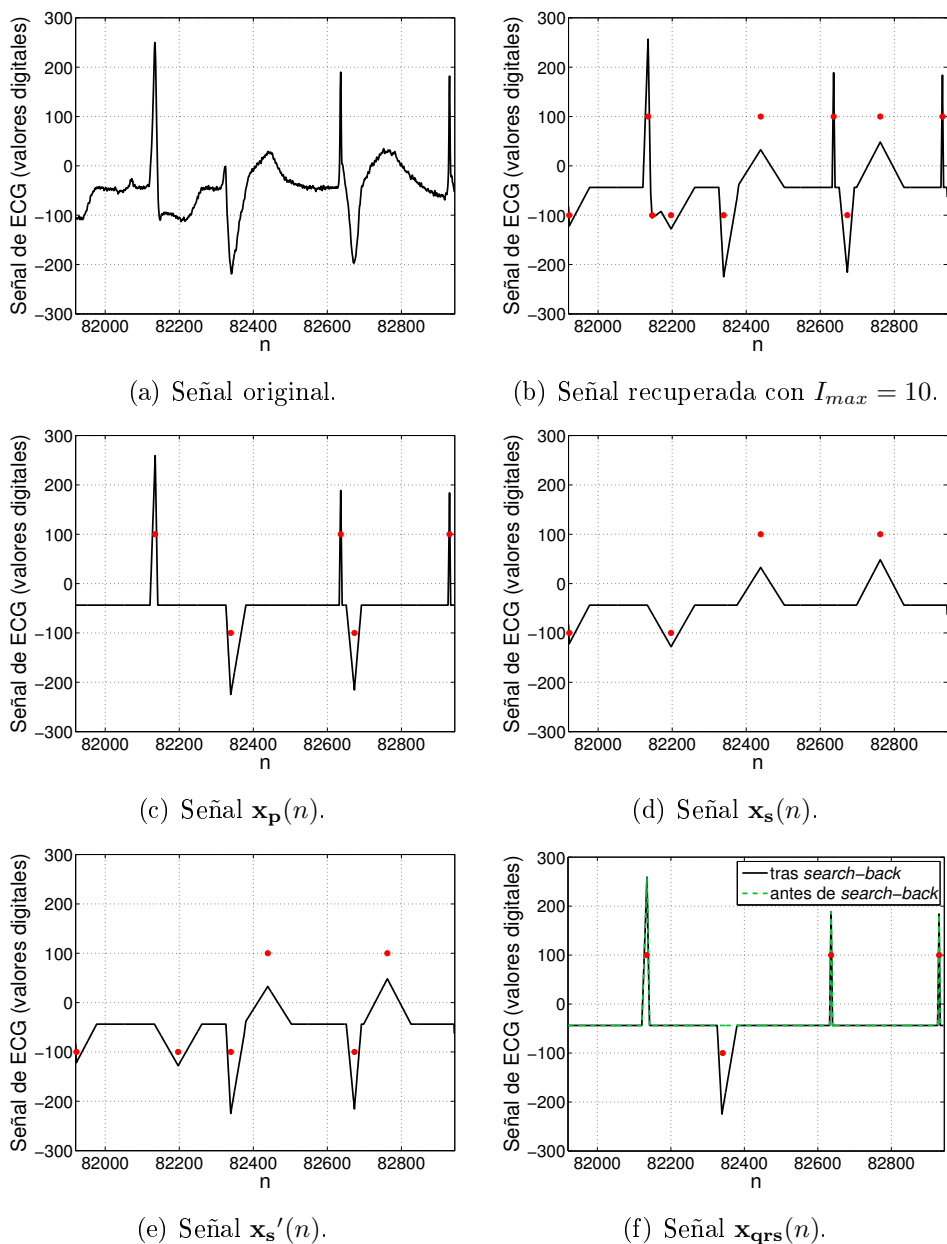


Figura 5.6 – Detección QRS en un segmento de ECG de 1024 muestras, que incluye un latido normal, otro anómalo y dos de marcapasos. Las posiciones de los componentes individuales de MP se marcan con círculos.

5.5. Resultados

El algoritmo propuesto en la sección 5.4 se examina de forma práctica en lo referente a sus dos funciones, la compresión de ECG y la detección QRS, a través de una base de datos amplia y representativa. El objetivo de los distintos experimentos de evaluación que se llevan a cabo es proporcionar unas conclusiones generales fiables acerca del rendimiento que podría alcanzar el método definido en este trabajo en el caso de ser

utilizado en aplicaciones de telemedicina. En este sentido, como se comenta también en el capítulo 4, es habitual que las señales de ECG se procesen por segmentos, sobre todo para trabajos de transmisión. De esta forma se facilita la ejecución de tareas en tiempo real, donde el análisis en recepción debe realizarse de manera simultánea a la adquisición de la señal. La división en bloques del registro de ECG permite también reducir los recursos computacionales y de ancho de banda requeridos, lo que facilita el uso de dispositivos portátiles y conexiones con ancho de banda limitado, respectivamente. Por ello, en las simulaciones de este estudio las señales de ECG se dividen y procesan por segmentos.

El uso de potencias de 2 en el tamaño de los segmentos es habitual en el procesado digital de señales ya que posibilita una computación más eficiente de determinadas operaciones, como las que se basan en la transformada rápida de Fourier (FFT: *fast Fourier transform*). En las simulaciones se utilizan dos longitudes de segmento distintas: $N = 1024$ y $N = 2048$, que se emplean habitualmente en los estudios de compresión de ECG [30, 24, 55, 13, 34, 42, 56, 39, 53, 116, 38, 119, 126]. En este sentido, el uso de bloques de mayor tamaño potencia la compresión, ya que se incrementa la redundancia de los parámetros a codificar, y facilita la detección QRS, al reducir la posibilidad de que las discontinuidades afecten a las ondas R. Además, siguiendo el razonamiento de la sección 4.4, en el caso de que el último bloque quede incompleto, se descarta y no se procesa, con el fin de evitar que se sobreestimen los resultados de compresión.

En estos experimentos prácticos se aplica el algoritmo propuesto a la primera derivación completa de todos los registros de la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database, dividida en bloques de N muestras. Este conjunto de 48 señales de ECG de 30 minutos se emplea comúnmente en el estado de la técnica, para la evaluación de métodos tanto de compresión como de detección QRS, por lo que su utilización permite comparar los resultados generados con los de otros trabajos.

A los segmentos de ECG de entrada se les aplica inicialmente un pequeño preprocesado, antes de introducirlos en el esquema propuesto, que constan de tres etapas. La primera consiste en substraer el *offset* artificial de almacenamiento, a continuación se normalizan en energía y finalmente se les extrae la componente continua. Estos dos últimos procesos no se llevaban a cabo en los ejercicios del capítulo 4, ya que entonces convenía realizar el análisis de las medidas de calidad sobre las muestras originales de adquisición. En este caso, en cambio, se utiliza una versión de la señal de ECG original que presenta norma unitaria y valor medio nulo, con el objetivo de homogeneizar el margen dinámico de los coeficientes de descomposición y así poder adaptar adecuadamente, de forma general, procedimientos posteriores como el de cuantificación. La desventaja de esta estrategia es que se necesita transmitir también en la señal comprimida los valores de la norma y la media, para poder reconstruir posteriormente la señal original. Para ello, ambos parámetros se codifican en coma flotante con 16 bits cada uno y son añadidos a la secuencia binaria de salida $\mathbf{c}(n)$.

Para la etapa inicial de descomposición MP se consideran dos diccionarios de triángulos diferentes. El primero, denominado D1, se caracteriza por una longitud máxima de lado $LT_{max} = 64$, extensión que se corresponde con un intervalo temporal de 178 ms para la frecuencia de muestreo de 360 Hz de los registros de la MIT-BIH Arrhythmia Database. De esta forma, el diccionario D1 incluye 4096 átomos diferentes, con una extensión máxima de triángulo de 356 ms, lo que garantiza que cualquier onda típica del ECG se pueda extraer en un solo elemento. Por su parte, el otro diccionario empleado, que se identifica como D2, se define mediante $LT_{max} = 128$, por lo que el átomo triangular más extenso llega a abarcar 712 ms. Así, el diccionario D2 contiene 16384 elementos distintos, es decir, 4 veces más que D1. El motivo para usar varios diccionarios es estudiar la influencia del tamaño de los átomos en los resultados del algoritmo.

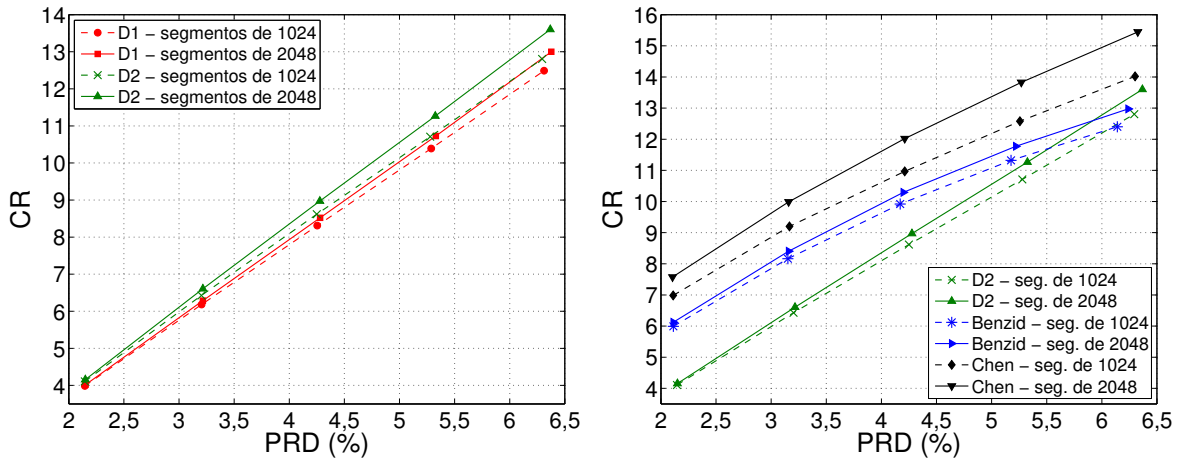
Pese a obtenerse de manera conjunta, los resultados de compresión de ECG y detección QRS se analizan por separado. Esto es razonable, ya que no existe influencia alguna entre ambas líneas de procesado tras la etapa común de descomposición MP y por tanto las conclusiones que se extraen para cada tarea son independientes. Los resultados obtenidos para ambas aplicaciones se evalúan de manera absoluta pero también en términos comparativos, con respecto a trabajos reconocidos del estado del arte. Como no se han encontrado en la bibliografía esquemas de procesado de ECG similares al propuesto en este estudio, es decir, que lleven a cabo compresión con pérdidas y detección de latidos de manera conjunta, la comparación se realiza con métodos dedicados exclusivamente a una de las dos tareas.

5.5.1. Resultados de compresión

Las capacidades de compresión de ECG del algoritmo presentado en este estudio se analizan a través del parámetro CR, descrito en la sección 3.2. Para poder evaluar de manera global y representativa el rendimiento del método propuesto, se examinan los resultados obtenidos con las 48 señales completas de la MIT-BIH Arrhythmia Database para distintos valores de calidad. Además, las tasas de compresión alcanzadas se comparan con el rendimiento que ofrecen otros esquemas del estado de la técnica, con el fin de poner en contexto los valores obtenidos. En este sentido, los compresores empleados como referencia en las simulaciones son los basados en umbralización del capítulo 4, cuya descripción rigurosa se encuentra en la sección 4.2. Así, tanto el esquema de compresión Benzid como el Chen son sometidos a los mismos experimentos que la nueva técnica basada en MP que se pretende evaluar.

En primer lugar se lleva a cabo un experimento donde el parámetro objetivo que se emplea para controlar la distorsión de la señal reconstruida es el PRD. Aunque en el capítulo 4 se demuestra que el PRD no es la figura de mérito más conveniente para el control de calidad, se trata de la medida más utilizada en la bibliografía de compresión de ECG, lo que justifica su uso para poder comparar los resultados obtenidos con los ofrecidos en otros trabajos. Con esta finalidad, se aplica el esquema de compresión

propuesto para un rango de valores de PRD_{obj} desde el 2% hasta el 6% en pasos del 1%. En este sentido, hay que recordar que el margen de tolerancia permitido en la etapa de control de calidad es del 10%. Los requisitos de calidad establecidos en esta prueba no son excesivamente estrictos, comparados por ejemplo con los del capítulo 4, pero se corresponden con los niveles utilizados generalmente por la comunidad científica en la evaluación de técnicas de compresión de ECG. Los resultados de CR en función del PRD para el algoritmo propuesto, considerando los dos diccionarios de descomposición y ambas longitudes de segmento, se muestran en la figura 5.7. En las dos gráficas, los valores medios de PRD total para las 48 señales completas se representan en el eje horizontal, mientras que en el vertical se hace lo propio para el CR. En ambos casos, así como para el resto de parámetros de los experimentos, el cálculo de la media para todas las señales simuladas se expresa formalmente mediante la esperanza matemática $E\{\cdot\}$.



(a) Resultados del algoritmo propuesto.

(b) Comparación con esquemas de compresión del estado de la técnica.

Figura 5.7 – Resultados de compresión ($E\{CR\}$) en función de la calidad global en términos de PRD ($E\{PRD\}$), con la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa, para distintos diccionarios, D1 y D2, y tamaños de bloque, $N = 1024$ y $N = 2048$.

Los resultados expuestos en la figura 5.7(a) muestran que las capacidades de compresión del algoritmo desarrollado en este trabajo aumentan con el diccionario D2, que contiene una mayor variedad de átomos. Al emplear triángulos de mayor longitud durante la descomposición MP es más probable que se adapten mejor a la morfología de la señal, disminuyendo la cantidad de elementos que son necesarios para alcanzar un mismo nivel de calidad de reconstrucción. A pesar de doblar el tamaño de longitud de lado, lo que deriva en un incremento exponencial del tamaño de los diccionarios, la mejora que se consigue en los valores de CR no resulta tan significativa. Esto es debido, en parte, a que el aumento del tamaño de los triángulos implica también un incremento en la cantidad de bits que se necesita para codificar los descriptores, pero el motivo principal es que los nuevos átomos sólo resultan beneficioso en situaciones concretas, como cuando hay que

modelar cambios en la línea de base de la señal (*baseline wander*). En cambio, las ondas que aparecen en la mayoría de las señales ya se representan de manera adecuada con los triángulos de D1. Por tanto, en la práctica habría que analizar para cada aplicación específica si la mejora de compresión que se consigue con diccionarios de triángulos más amplios compensa el coste computacional adicional que acarrea su uso.

En la figura 5.7(b) se presentan los niveles de compresión obtenidos con la mejor configuración del algoritmo propuesto, es decir, empleando el diccionario D2, junto con los conseguidos por otros trabajos. Los dos esquemas de compresión usados como referencia proporcionan resultados representativos de los métodos de compresión con pérdidas basados en umbralización que se proponen en la bibliografía. La comparación de las gráficas generadas permite observar que la estrategia propuesta en este estudio, basada en la descomposición de la señal en el dominio del tiempo mediante MP, no alcanza los valores de CR de los otros compresores. El motivo es que el tratamiento de las señales de ECG en el dominio de la frecuencia permite reducir de manera más eficiente los datos de representación de la señal, empleando técnicas como la umbralización de coeficientes. El nuevo método propuesto ofrece en cualquier caso niveles aceptables de compresión y su rendimiento se aproxima al de los compresores frecuenciales a medida que los requisitos de calidad disminuyen. El motivo es que la cantidad de información que incluyen los componentes de MP disminuye con las iteraciones, por lo que la capacidad de compresión se reduce a medida que se necesitan recuperar más detalles de la señal. Hay que recordar también que el algoritmo propuesto no está exclusivamente dedicado a compresión, mientras que las otras técnicas objeto de la comparación sí. Además, al mantener el procesado en el dominio del tiempo se facilita la comprensión de los métodos aplicados, ya que se puede visualizar la evolución de la señal respetando su formato de representación original, como se puede ver en el ejemplo de la figura 5.6, lo cual es importante de cara a su evaluación y aceptación por parte de representantes de la comunidad clínica.

El error global de los distintos segmentos y, en consecuencia, de la señal completa se mantiene bajo control mediante el parámetro objetivo definido *a priori*, pero también es importante analizar las distorsiones locales que se producen en zonas puntuales. Con esta finalidad, se evalúan los datos proporcionados por el parámetro MAX, que indica en unidades absolutas, en este caso voltios, el error máximo cometido al comparar el registro de ECG recuperado con el original, como se define en la ecuación (3.4). Los resultados de MAX en función del PRD se exponen en la figura 5.8. Las gráficas muestran en todos los casos una correlación lineal entre el MAX y el PRD. La similitud de resultados entre todos los esquemas de compresión se debe a que en todos ellos se usa una etapa de control de calidad equivalente, basada en la misma figura de mérito y que aplica el mismo margen de tolerancia del 10 %. Para el compresor basado en MP, se puede apreciar una tendencia en el error local que consiste en que su magnitud disminuye con la longitud del segmento. Así, en la figura 5.8(a) para un mismo diccionario, la línea continua (segmentos de

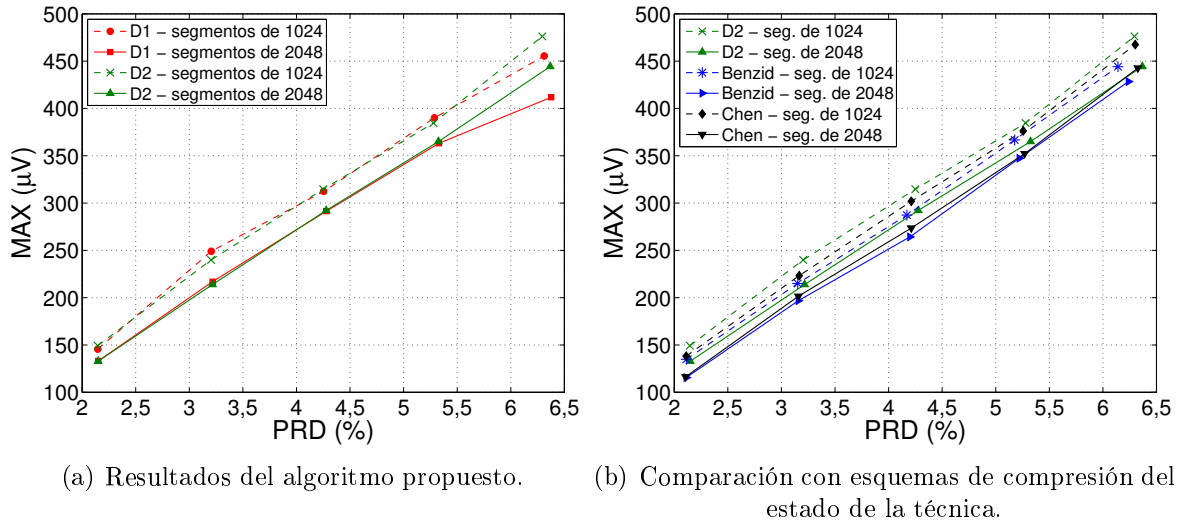


Figura 5.8 – Resultados de error local máximo ($E\{MAX\}$) en función de la calidad global en términos de PRD ($E\{PRD\}$), con la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa, para distintos diccionarios, D1 y D2, y tamaños de bloque, $N = 1024$ y $N = 2048$.

2048 muestras) aparece por encima de su equivalente discontinua (segmentos de 1024 muestras). La razón es que las probabilidades de que los átomos del diccionario se adapten adecuadamente a alguna de las partes de la señal aumentan al emplear bloques más largos, que incluyen una cantidad mayor de características diferentes. Esta misma hipótesis se podría aplicar al uso de diccionarios con un mayor número de átomos, pero dicho comportamiento no se ve reflejado al comparar los resultados de D1 y D2. Esto demuestra que los átomos adicionales que aporta D2 con respecto a D1 no son diferenciales a la hora de modelar mejor los elementos locales del ECG, algo que también se desprendía de los resultados anteriores de compresión. Los datos específicos, tanto de CR como de MAX, que se presentan en las distintas figuras de este experimento se muestran en la tabla 5.1.

En la figura 5.9 se muestran un par de ejemplos para comparar la calidad de reconstrucción obtenida al utilizar el método de compresión propuesto. Así, se presentan los resultados correspondientes a dos extractos de 4096 muestras de dos señales de ECG diferentes, uno relativo al registro 117 (figura 5.9(a)) y otro al 119 (figura 5.9(b)), procesados en bloques de 2048 muestras, que se obtienen con el diccionario D2. En el panel superior de ambas figuras se presenta la señal original, en el intermedio la recuperada tras la compresión y en el inferior el error entre ambas. Como se puede observar, el registro 117 presenta un ritmo de latidos normal, mientras que el 119 ofrece un comportamiento anómalo. En ambos casos, el error se distribuye uniformemente a lo largo del tiempo, sin distorsión en los bordes de los segmentos, garantizando la continuidad de la señal recuperada. De esta forma se comprueba que distintos tipos de señales se pueden reconstruir de manera adecuada, a la vez que se alcanzan buenos niveles de compresión.

Tabla 5.1 – Resultados de compresión y error local máximo en función del PRD para los distintos métodos analizados, correspondientes a la figura 5.7 y la figura 5.8.

Compresor	Segmento	$PRD_{obj}(\%)$	2	3	4	5	6
Propuesto con D1	1024	E {CR}	3,99	6,18	8,31	10,4	12,5
		E {MAX} (μV)	142	243	305	381	445
	2048	E {CR}	4,02	6,29	8,52	10,7	13,0
		E {MAX} (μV)	130	212	285	355	402
Propuesto con D2	1024	E {CR}	4,11	6,43	8,62	10,7	12,8
		E {MAX} (μV)	146	234	307	376	465
	2048	E {CR}	4,16	6,61	8,97	11,3	13,6
		E {MAX} (μV)	130	209	285	357	434
Benzid	1024	E {CR}	5,99	8,16	9,92	11,3	12,4
		E {MAX} (μV)	135	215	287	367	444
	2048	E {CR}	6,12	8,40	10,3	11,8	13,0
		E {MAX} (μV)	116	197	264	347	428
Chen	1024	E {CR}	6,98	9,20	11,0	12,6	14,0
		E {MAX} (μV)	135	218	295	368	457
	2048	E {CR}	7,58	9,99	12,0	13,8	15,4
		E {MAX} (μV)	114	197	267	344	433

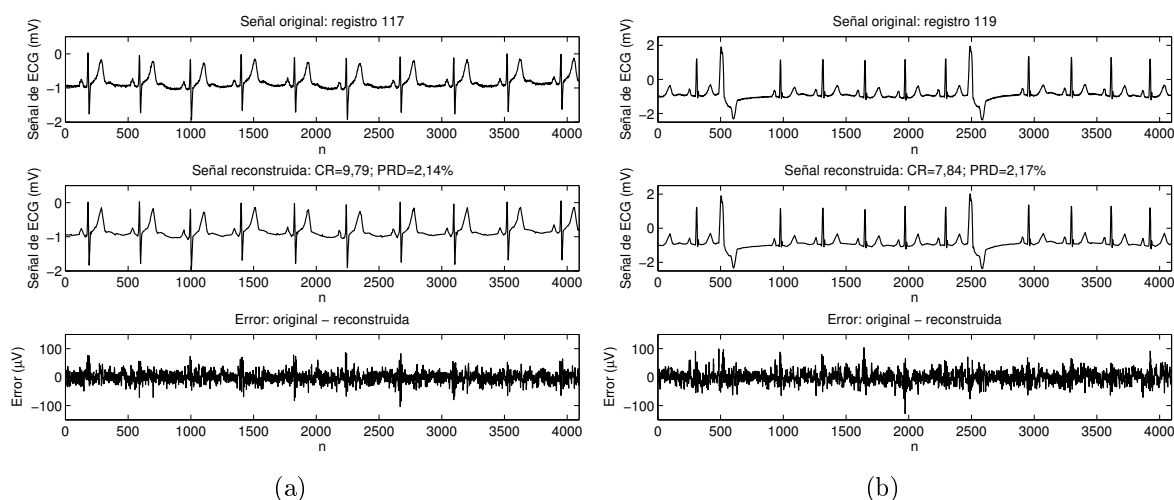


Figura 5.9 – Error de compresión para las primeras 4096 muestras de las señales 117 (a) y 119 (b) obtenido con el algoritmo basado en MP usando el diccionario D2 y segmentos de tamaño $N = 2048$.

En el estudio expuesto en el capítulo 4, se demuestra, de manera teórica y práctica, que el RMSE es una métrica directa más consistente que el PRD para mantener bajo control la distorsión de la señal reconstruida tras la compresión, sin degradar con ello los niveles de CR. Por este motivo, se lleva a cabo un segundo experimento, que es similar al anterior, donde se utiliza el RMSE como parámetro para controlar la calidad de la

señal comprimida en vez del PRD. En este caso, el rango de valores de $RMSE_{obj}$ que se emplea es equivalente al de PRD_{obj} de las simulaciones anteriores, con lo que se alcanzan resultados similares de CR. Así, los niveles de $RMSE_{obj}$ definidos *a priori* van desde los $10 \mu V$ hasta los $30 \mu V$ en intervalos de $5 \mu V$, restringiéndose la desviación máxima de nuevo al 10 %.

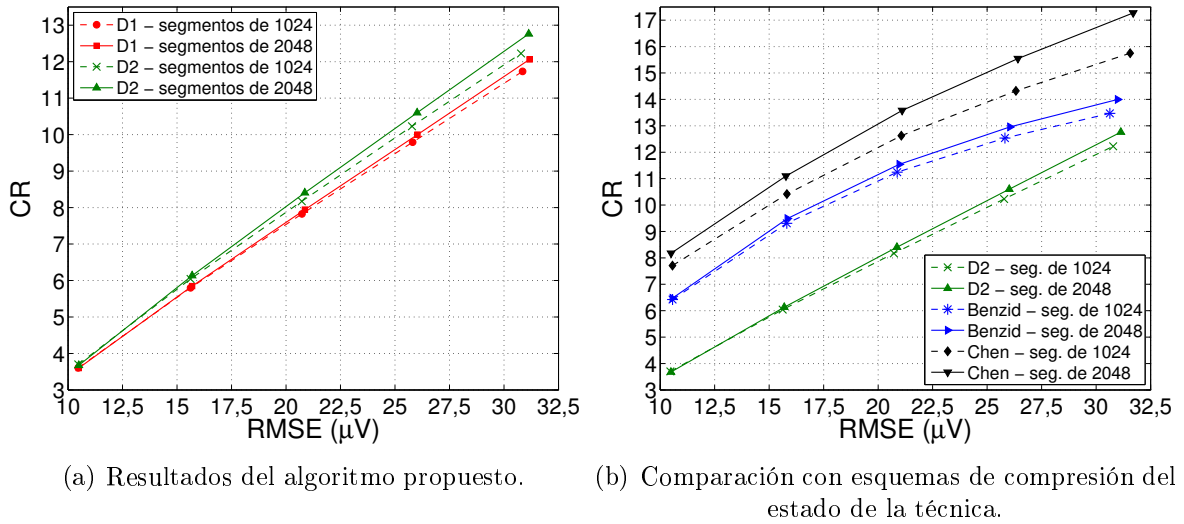


Figura 5.10 – Resultados de compresión ($E\{CR\}$) en función de la calidad global en términos de RMSE ($E\{RMSE\}$), empleando toda la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database, para diferentes diccionarios, D1 y D2, y longitudes de bloque, $N = 1024$ y $N = 2048$.

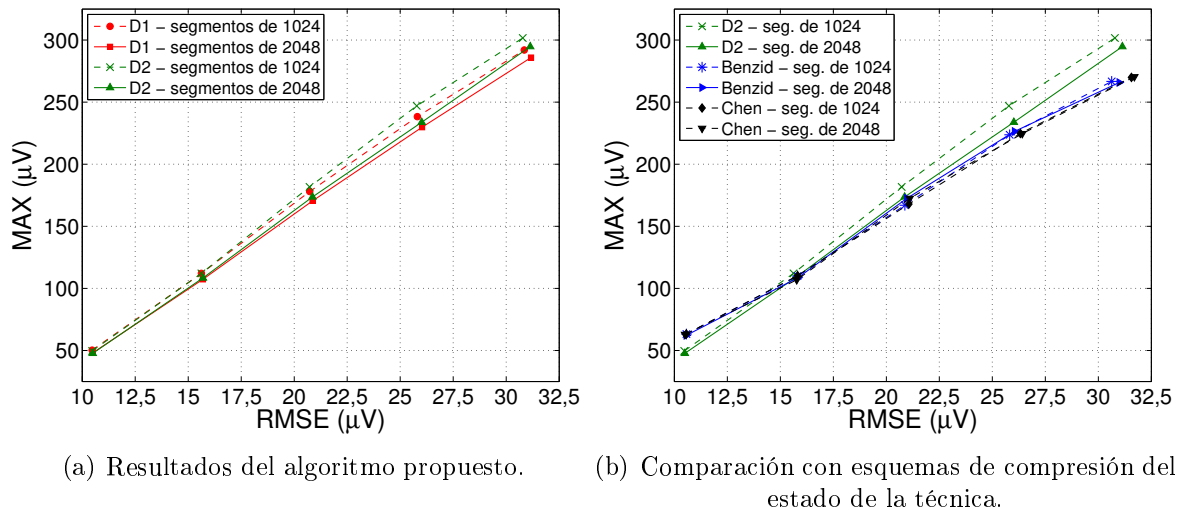


Figura 5.11 – Resultados de error local máximo ($E\{MAX\}$) en función de la calidad global en términos de RMSE ($E\{RMSE\}$), empleando toda la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database, para diferentes diccionarios, D1 y D2, y longitudes de bloque, $N = 1024$ y $N = 2048$.

Los resultados de CR en función del RMSE se presentan en la figura 5.10. En este caso, el eje de abscisas ofrece los valores medios de RMSE para los 48 registros completos, mientras que en el de ordenadas presenta valores equivalentes para el CR. La figura 5.11 y la tabla 5.2 muestran el análisis del error local. como referencia. Las conclusiones obtenidas con el RMSE son idénticas, a la vista de los resultados, a las extraídas para el PRD.

Tabla 5.2 – Resultados de compresión y error local máximo en función del RMSE para los distintos métodos analizados, correspondientes a la figura 5.10 y la figura 5.11.

Compresor	Segmento	RMSE _{obj} (μV)	10	15	20	25	30
Propuesto con D1	1024	E {CR}	3,61	5,80	7,83	9,79	11,73
		E {MAX} (μV)	50,3	112	178	238	292
	2048	E {CR}	3,60	5,85	7,94	10,0	12,1
		E {MAX} (μV)	48,1	107	171	230	286
Propuesto con D2	1024	E {CR}	3,70	6,04	8,17	10,2	12,2
		E {MAX} (μV)	49,6	112	182	247	302
	2048	E {CR}	3,68	6,13	8,41	10,6	12,8
		E {MAX} (μV)	48,7	108	174	234	295
Benzid	1024	E {CR}	6,42	9,31	11,2	12,5	13,5
		E {MAX} (μV)	63,3	110	167	224	267
	2048	E {CR}	6,47	9,49	11,5	13,0	14,0
		E {MAX} (μV)	62,2	109	173	226	266
Chen	1024	E {CR}	7,71	10,4	12,6	14,3	15,7
		E {MAX} (μV)	63,3	110	168	225	270
	2048	E {CR}	8,18	11,1	13,6	15,5	17,3
		E {MAX} (μV)	62,9	107	173	225	270

Adicionalmente, los resultados obtenidos en los dos experimentos de esta sección permiten realizar algunas observaciones interesantes, que son complementarias a las de los análisis del capítulo 4. Las gráficas de CR de estos experimentos evidencian una mejora en la compresión, con respecto a los resultados equivalentes, esto es, para los mismos niveles de calidad objetivo, de la sección 4.4. El motivo de este aumento del rendimiento es que las especificaciones referentes al margen de tolerancia permitido en el control de calidad se han relajado, pasando del 2% al 10%. De esta forma, ya no se obliga a una cuantificación tan precisa de los coeficientes significativos, con lo que se reduce el número de bits requeridos para su representación. En el caso del compresor Chen el incremento es más evidente, superando con claridad las tasas de compresión del método Benzid. La razón es que el parámetro de cuantificación δ se especifica originalmente con un valor adecuado para una cuantificación de escalón fijo [34], no adaptativo, como se propone en este trabajo. Por ello, el compresor Chen ofrece un mejor rendimiento cuando el margen de tolerancia es menos estricto y el valor original de δ no necesita ser modificado. Por otra parte, los resultados de MAX generados en los experimentos de

esta sección ratifican que el uso del RMSE es más adecuado que el PRD para limitar la distorsión de la señal reconstruida. Al analizar los datos obtenidos, se observa que, para niveles equivalentes de CR, el RMSE proporciona valores menores de MAX. Por lo tanto, se concluye que:

- La mejora de CR que se obtiene al relajar la configuración que controla la distorsión de la señal recuperada demuestra la estrecha relación que existe entre calidad y compresión. Esto pone de manifiesto de nuevo la importancia práctica del análisis de la calidad de reconstrucción en los esquemas de compresión, que es precisamente una de las ideas que se pretende transmitir en este trabajo.
- La conveniencia del uso del RMSE, con respecto al PRD, para controlar la calidad en compresión de ECG, se refleja también en los resultados del algoritmo basado en MP propuesto en este capítulo, siendo esto una muestra más de que las conclusiones del análisis de calidad del capítulo 4 son de carácter general.

5.5.2. Resultados de detección QRS

La funcionalidad correspondiente a la detección de latidos del algoritmo propuesto se evalúa empleando diferentes valores de I_{max} para comprobar la influencia que tiene la cantidad de elementos de descomposición en los resultados que se obtienen. En este sentido, la hipótesis es que valores pequeños de I_{max} pueden dar lugar a la aparición de falsos negativos, ya que es probable que no se extraigan todos los componentes relativos a las ondas R. Por otra parte, tampoco es adecuado utilizar niveles elevados de I_{max} , porque la inclusión de características secundarias, no relacionadas con los complejos QRS, puede confundir al algoritmo y derivar en la obtención de numerosos falsos positivos. Además, la especificación del parámetro I_{max} está relacionada con la longitud de los segmentos en los que se divide la señal para su procesado. Cuanto mayor es el tamaño de los bloques, más complejos QRS contienen, por lo que hay que aumentar el valor de I_{max} para asegurar que se tienen en cuenta suficientes elementos de MP, que permiten caracterizar todos los latidos. Por ello, el rango de I_{max} utilizado en los ejercicios de evaluación de la detección de latidos varía en función de la longitud de segmento, N , empleada. Así, en las simulaciones llevadas a cabo con bloques de 1024 muestras, que en el caso de las señales de la MIT-BIH Arrhythmia Database suelen abarcar unos 3 latidos, se aplican valores de I_{max} de 5, 10, 20, 40 y 80 iteraciones. En cambio, al utilizar segmentos con 2048 valores, se doblan los valores I_{max} , para que las pruebas sean equivalentes. De esta manera, se mantiene constante la relación entre el tamaño de bloque y la cantidad de posibles candidatos a complejo QRS, lo que permite comparar los resultados de detección alcanzados.

En el algoritmo propuesto, el valor asignado al parámetro de calidad objetivo, PRD_{obj} o $RMSE_{obj}$, determina el número total de iteraciones I llevadas a cabo en la etapa de descomposición MP, tal y como se explica en la sección 5.4.1. El resultado de I , que

puede variar entre segmentos, marca por tanto el límite superior del parámetro I_{max} . Así, el valor de I_{max} tiene que ser truncado a I en el caso de que la calidad establecida para la señal comprimida no requiera la ejecución de tantas iteraciones. Es decir, antes de comenzar el proceso de detección QRS, se reasigna el valor de I_{max} de la siguiente manera:

$$I_{max} = \text{mín} \{I_{max}, I\}. \quad (5.23)$$

En la práctica, ante requisitos coherentes de calidad, esta limitación no afecta al rendimiento del detector QRS, ya que para que la señal reconstruida tras la compresión tenga utilidad clínica debe presentar una forma de onda lo suficientemente similar a la original. Por tanto, se asegura que con las I iteraciones se extraen todos los elementos principales de los complejos QRS, obteniéndose un conjunto de átomos suficiente para llevar a cabo de manera adecuada la detección de latidos.

Para ajustar los distintos parámetros de configuración de manera apropiada, se realizó un estudio empírico con múltiples registros de ECG. Como resultado, los valores que se aplican en todas las simulaciones para los porcentajes de amplitud y pendiente de las condiciones paramétricas correspondientes son $P_{amp} = 0,4$ y $P_{sl} = 0,4$, respectivamente. Por otra parte, se observa que el valor del porcentaje P_m , que se emplea para determinar el umbral T_h , depende del tamaño de segmento. Para longitudes mayores hay que relajar este requisito, ya que es más probable que haya cambios en los tipos de latidos y por tanto más diferencia entre las magnitudes de los diferentes complejos QRS. De esta forma, se usa $P_m = 0,4$ con los segmentos de 1024 muestras y $P_m = 0,3$ con los de 2048. Si se analizan los valores de los tres parámetros de configuración, se puede ver que no es necesario un ajuste muy fino para conseguir un buen rendimiento, siendo esto una evidencia de la robustez del método implementado.

Para obtener unos resultados representativos de las capacidades del nuevo detector QRS, se detectan los latidos de las 48 señales de la MIT-BIH Arrhythmia Database usando la primera derivación. La posterior evaluación de las anotaciones de latidos, \mathbf{B} , obtenidas con el algoritmo propuesto se lleva a cabo de acuerdo a la norma EC57 de la ANSI/AAMI [109], que establece para cada complejo QRS una ventana de validación de 300 ms centrada en la posición real anotada en la base de datos original. Este estándar también determina los latidos de los registros de la MIT-BIH Arrhythmia Database que se deben tener en cuenta para la evaluación del rendimiento, ya que algunas señales presentan regiones de ruido extremo que son descartadas. De esta forma, una vez determinadas las detecciones correctas y erróneas, se calculan los niveles de sensibilidad (Se) y predictividad positiva (P^+), tal y como se describe en la sección 3.3. Los resultados conseguidos tanto con el diccionario D1 como con el D2, que contiene una mayor cantidad de átomos, se presentan en la figura 5.12.

Las gráficas generadas muestran evoluciones similares de los dos parámetros de evaluación, Se y P^+ , en función de I_{max} para ambos diccionarios y longitudes de segmento. Al analizar los diagramas de barras de la sensibilidad, se observa que inicialmente los

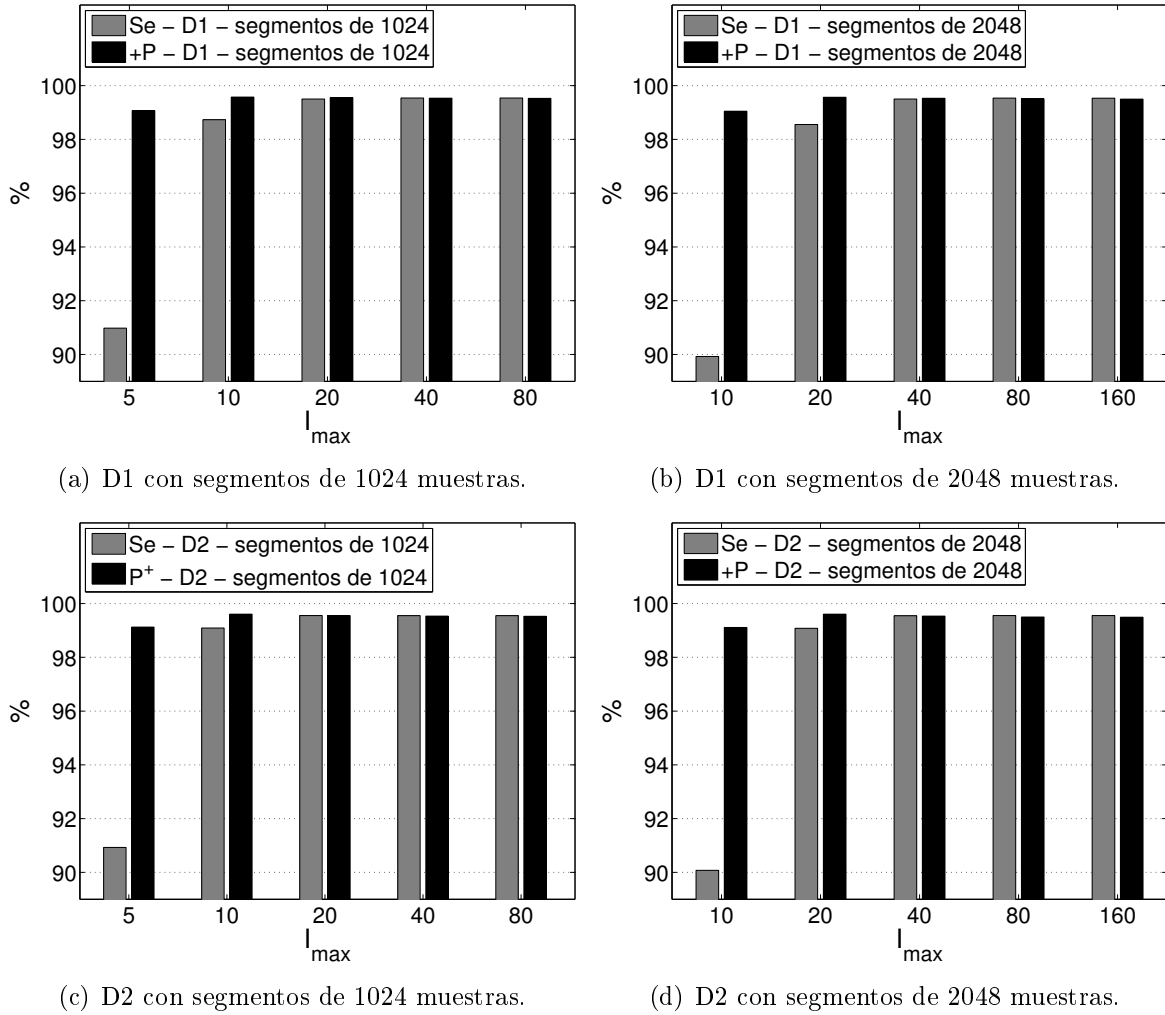


Figura 5.12 – Resultados de detección QRS en términos de sensibilidad y productividad positiva obtenidos mediante el algoritmo propuesto, con la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa, para ambos diccionarios, D1 y D2, y longitudes de segmento, $N = 1024$ y $N = 2048$.

valores de Se crecen a media que I_{max} aumenta, ya que al emplear más elementos de MP en la detección hay más posibilidades de encontrar los que se corresponden con las ondas R, que en ocasiones pueden haber quedado relegados a iteraciones tardías por efectos tales como el *baseline wander*. El crecimiento de la sensibilidad alcanza un punto de saturación, a partir del cual la incorporación de nuevos candidatos no permite detectar nuevos latidos, marcando el límite de detección del algoritmo propuesto.

Por otra parte, cuando se examinan los niveles de P^+ en función de I_{max} se ve que la predictividad positiva también aumenta inicialmente con el número máximo de iteraciones, ya que la introducción en el detector de nuevos átomos permite reducir la cantidad de falsos negativos, que se producen sobre todo al intentar rellenar huecos sin tener disponibles los candidatos correspondientes a los latidos reales. En este caso,

tras alcanzar su valor máximo, los niveles de P^+ no se mantienen en saturación sino que decrecen ligeramente, es decir aparecen nuevos falsos negativos. La razón es que, a partir de un cierto número de iteraciones, los nuevos átomos no aportan candidatos útiles, sino elementos secundarios que no solo no ayudan en la detección QRS, sino que dan lugar a errores, ya que el detector los puede llegar a identificar como latidos, cuando no lo son. Por tanto, la selección de un valor elevado de I_{max} no es una práctica adecuada, ya que la predictividad positiva se puede ver degradada.

Tabla 5.3 – Resultados de detección QRS obtenidos mediante el algoritmo propuesto, con la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa, para ambos diccionarios, D1 y D2, y longitudes de segmento, $N = 1024$ y $N = 2048$, que se corresponden con las gráficas de la figura 5.12.

Diccio.	Segmento	I_{max}	TP	FN	FP	$Se(\%)$	$P^+(\%)$
D1	1024	5	99498	9865	936	90,98	99,07
		10	107977	1386	462	98,73	99,57
		20	108817	546	487	99,50	99,55
		40	108859	504	512	99,54	99,53
		80	108860	503	518	99,54	99,53
	2048	10	98344	11019	944	89,92	99,05
		20	107781	1582	468	98,55	99,57
		40	108819	544	513	99,50	99,53
		80	108854	509	542	99,53	99,50
		160	108853	510	550	99,53	99,50
D2	1024	5	99441	9922	878	90,93	99,12
		10	108367	996	431	99,09	99,60
		20	108873	490	494	99,55	99,55
		40	108869	494	512	99,55	99,53
		80	108869	494	517	99,55	99,53
	2048	10	98510	10853	885	90,08	99,11
		20	108357	1006	430	99,08	99,60
		40	108868	495	513	99,55	99,53
		80	108873	490	548	99,55	99,50
		160	108873	490	558	99,55	99,49

En la tabla 5.3, se reproducen los datos numéricos de la figura 5.12. Los valores correspondientes al mejor rendimiento, para cada pareja de diccionario y longitud de segmento, se resaltan en negrita. Algunas de estas configuraciones superan a la inmediatamente siguiente en eficacia por tan solo unos pocos latidos, con respecto al total de 109363 complejos QRS que se intentan detectar, lo que demuestra la robustez del detector respecto al parámetro I_{max} , ya que no hace falta un ajuste preciso. Además, si comparamos los resultados obtenidos con ambos diccionarios, se comprueba que D2 mejora la capacidad de detección de D1. Esto es debido a que los átomos adicionales de

D2 facilitan el aislamiento de las ondas del complejo QRS, sobre todo ante variaciones de la línea de base. En este sentido, la clave es que los átomos de mayor extensión se adaptan mejor a líneas de base inclinadas, pudiéndolas extraer en pocos elementos y sin arrastrar con ellos las morfologías propias de los latidos.

Por otro lado, el tamaño de los bloques presenta una menor influencia en los resultados, lo que ratifica la capacidad del método propuesto para detectar los latidos que quedan divididos entre segmentos. En este sentido, los resultados de detección se mejoran ligeramente al usar segmentos de 1024 muestras, en comparación con los bloques de 2048 coeficientes, debido a que los parámetros de configuración del detector se ajustan mejor a esa división. Por tanto, la configuración que proporciona los mejores resultados conjuntos de sensibilidad y predictividad positiva es la formada por el diccionario D2 y un número máximo de iteraciones $I_{max} = 20$, procesando la señal en segmentos de 2048 muestras. En este caso se obtiene un excelente equilibrio entre los niveles de Se y P^+ , ya que ambos alcanza el 99.55% de eficacia.

En la tabla 5.4, se muestran los resultados obtenidos por el método propuesto, empleando la mejor de las configuraciones, en comparación con resultados de otros trabajos. La diferencia en el número de latidos totales se debe a diferentes causas, por ejemplo, que los últimos segmentos no se procesen al quedar incompletos, que se requiera un tiempo inicial de adaptación de los umbrales, que no se descarten las regiones recomendadas por la norma EC57 de la ANSI/AAMI, etc. En cualquier caso, todos los resultados presentados se pueden considerar representativos ya que se obtienen con una cantidad significativa de latidos.

Aunque luego en la práctica un detector QRS específico puede ser más útil que otro en función de la aplicación concreta a implementar, inicialmente es recomendable que se ofrezca un equilibrio entre los falsos positivos y los falsos negativos generados [1]. De esta forma se demuestra la utilidad de los esquemas de detección de latidos en términos generales, cuando todavía no están orientados a ninguna actividad concreta. Por ello, para evaluar el rendimiento global de los diferentes métodos se emplea el valor mínimo entre la sensibilidad y la predictividad positiva de sus resultados. Así, las distintas técnicas de detección QRS incluidas en el estudio comparativo se ordenan en la tabla 5.4 siguiendo este criterio. De esta manera se asegura que los métodos mejor clasificados son los que proporcionan valores bajos tanto de FN como de FP, sin centrarse en solventar solamente uno de estos dos problemas.

Los métodos incluidos en este estudio comparativo están basados en la técnica clásica de Pans y Tompkins [64, 67], cuyos resultados siguen siendo de referencia, o en transformaciones frecuenciales de distinto tipo [100, 75, 76, 73]. El algoritmo de detección QRS propuesto en este trabajo compite bien con los esquemas que siguen la estrategia de Pans y Tompkins, pero no alcanza los niveles de rendimiento obtenidos con algunos de los métodos frecuenciales. En cualquier caso, el método propuesto presenta la ventaja de basar su estrategia en el procesado de las características morfológicas originales,

en el dominio del tiempo, de la señal de ECG. Esto facilita el entendimiento del procedimiento, que se asemeja al análisis cognitivo llevado a cabo de manera visual por los especialistas clínicos. De esta forma, se pretende favorecer no solo la adopción del método sino también la transferencia de las prácticas clínicas a esta clase de desarrollos.

Tabla 5.4 – Comparación de resultados de detección QRS obtenidos mediante diferentes métodos con la base de datos MIT–BIH Arrhythmia Database completa .

Método	TP	FN	FP	$Se(\%)$	$P^+(\%)$	$\min\{Se, P^+\}(\%)$
Zidelmal et al. 2014 [100]	108323	171	97	99,84	99,91	99,84
Merah et al. 2015 [75]	109316	178	126	99,84	99,88	99,84
Farashi 2016 [76]	109802	273	163	99,75	99,85	99,75
Pan y Tompkins 1985 [64]	116137	277	577	99,56	99,76	99,56
Propuesto con D2	108873	490	494	99,55	99,55	99,55
Gutiérrez et al. 2015 [67]	109447	502	289	99,54	99,74	99,54
Yochum et al. 2016 [73]	109331	160	574	99,85	99,48	99,48

Los datos de detección QRS obtenidos con la mejor configuración del algoritmo propuesto se desglosan para todos los registros de la base de datos MIT–BIH Arrhythmia Database en la tabla 5.5. De esta forma, se puede analizar la variabilidad de los resultados entre distintos tipos de señales de ECG. La tabla incluye una última columna referente a la tasa de error de detección, que considera el porcentaje de fallos, tanto de FN como de FP, con respecto a la cantidad total de latidos reales ($TP + FN$). Este parámetro informa, por tanto, de las señales más problemáticas en términos globales. Este parámetro se proporciona en muchos de los trabajos de detección de latidos del estado del arte [64, 100, 75, 76] lo que posibilita la comparación de las capacidades de los diferentes métodos a nivel de señal.

La tabla indica que los FN están más distribuidos entre los distintos registros que los FP, ya que estos últimos se concentran principalmente en las señales 108, 203 y 214, que presentan zonas con mucho ruido. El problema en estos casos es la propagación del error introducido por los FP en el cálculo de la duración de los intervalos entre latidos, que hace que se intenten rellenar huecos que realmente no existen. Además, este error tiende a propagarse a lo largo de la señal, detectando componentes secundarios como latidos, y no se recupera la normalidad hasta que se llega a una zona donde las ondas R son claramente predominantes. Para los FN este problema es menos habitual, pero también puede ocurrir en situaciones concretas como, por ejemplo, cuando aparecen latidos con

amplitudes grandes y pequeñas intercaladas, de manera que los de menor tamaño no se detecten nunca. En el caso de los FN, los errores suelen estar asociados directamente a complejos QRS que no se pueden detectar con el algoritmo propuesto debido a la presencia de anomalías, como alteraciones bruscas en el ritmo cardíaco; de ruido, que impide un cálculo preciso de los parámetros de los candidatos; o de variaciones de la línea de base, que enmascaran las ondas de los latidos de cara a la descomposición MP.

Tabla 5.5 – Resultados de detección QRS obtenidos mediante el algoritmo propuesto, desglosados para todos los registros de la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database.

Registro	TP	FN	FP	$Se(\%)$	$P^+(\%)$	Error(%)
100	2267	2	0	99,91	100	0,09
101	1862	1	0	99,95	100	0,05
102	2181	3	0	99,86	100	0,14
103	2081	1	0	99,95	100	0,05
104	2221	5	14	99,78	99,37	0,85
105	2552	17	37	99,34	98,57	2,10
106	1959	66	16	96,74	99,19	4,05
107	2129	6	2	99,72	99,91	0,37
108	1730	31	100	98,24	94,54	7,44
109	2527	2	0	99,92	100	0,08
111	2120	2	0	99,91	100	0,09
112	2536	0	0	100	100	0
113	1792	0	0	100	100	0
114	1865	11	2	99,41	99,89	0,6
115	1949	1	0	99,95	100	0,05
116	2386	23	0	99,05	100	0,95
117	1533	0	1	100	99,93	0,07
118	2273	2	1	99,91	99,96	0,13
119	1984	1	18	99,95	99,10	0,96
121	1857	3	1	99,84	99,95	0,22
122	2472	1	1	99,96	99,96	0,08
123	1515	1	0	99,93	100	0,07
124	1615	2	0	99,88	100	0,12
200	2593	5	23	99,81	99,12	1,08
201	1903	59	6	96,99	99,69	3,31
202	2127	6	4	99,72	99,81	0,47
203	2910	67	86	97,75	97,13	5,14
205	2644	9	7	99,66	99,74	0,60
207	1831	25	5	98,65	99,73	1,62
208	2898	54	10	98,17	99,66	2,17
209	3000	2	5	99,93	99,83	0,23
210	2624	23	4	99,13	99,85	1,02
212	2745	0	0	100	100	0
213	3244	3	1	99,91	99,97	0,12
214	2257	2	71	99,91	96,95	3,23
215	3356	3	1	99,91	99,97	0,12
217	2204	2	16	99,91	99,28	0,82
219	2145	7	1	99,67	99,95	0,37
220	2043	2	0	99,90	100	0,10
221	2417	7	4	99,71	99,83	0,45
222	2479	1	5	99,96	99,80	0,24
223	2600	2	2	99,92	99,92	0,15
228	2034	17	15	99,17	99,27	1,56
230	2251	2	1	99,91	99,96	0,13
231	1567	2	0	99,87	100	0,13
232	1777	2	23	99,89	98,72	1,41
233	3071	4	11	99,87	99,64	0,49
234	2747	3	0	99,89	100	0,11

5.6. Dicionarios de tipo B-spline

Inicialmente se propone el uso de triángulos para llevar a cabo la descomposición MP del ECG. Con este tipo de diccionarios, se consiguen realizar adecuadamente las tareas de compresión y detección QRS, ya que las funciones triangulares son sencillas y se adaptan bien a las morfologías de los componentes típicos del ECG. A pesar de ello, al analizar registros reales de ECG, como los de la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database, se observa que en multitud de ocasiones las formas de onda de sus elementos difieren de la geometría triangular, presentando morfologías más suavizadas. Por esta razón, se propone la posibilidad de incorporar a los diccionarios de MP otra clase de funciones que sean capaces de modelar mejor las características reales que aparecen en la señales de ECG.

Las funciones B-spline son, por tanto, una buena alternativa a los triángulos para poder generar átomos con geometrías más suavizadas, que se adapten mejor a las morfologías reales de los registros de ECG. Así, el objetivo que se persigue es reducir la cantidad de iteraciones de MP requeridas para alcanzar el mismo nivel de calidad de reconstrucción que con los triángulos. De esta forma, se pretende potenciar la compresión sin deteriorar los resultados de detección de latidos. Sin embargo, el problema inicial que presentan estas funciones es que requieren más parámetros para su descripción.

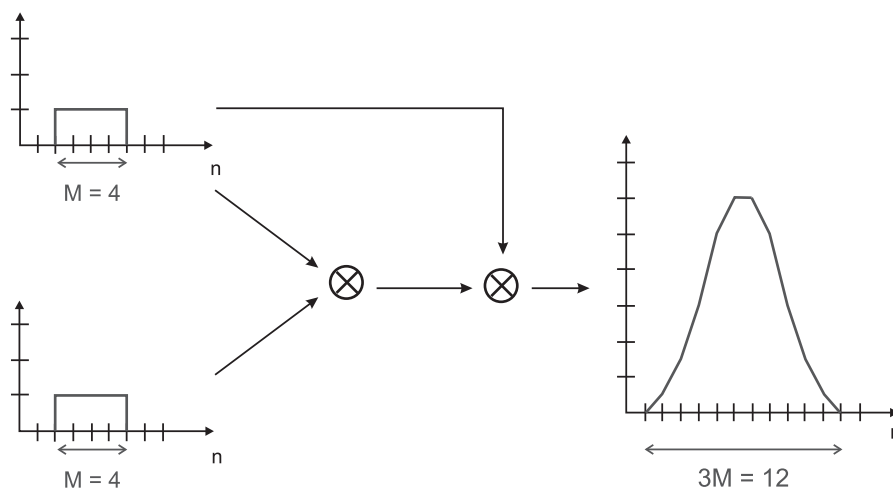


Figura 5.13 – Ejemplo de B-spline de segundo orden obtenida mediante dos convoluciones sucesivas de una señal cuadrada.

Las funciones B-spline se pueden obtener mediante convoluciones sucesivas de una señal cuadrada de M muestras, tal y como se representa en el ejemplo de la figura 5.13. Además, para conformar los átomos de los diccionarios, al resultado final de las convoluciones se le añaden dos muestras nulas en los extremos. Los criterios que determinan la generación de los átomos de tipo B-spline son los siguientes:

- El número de convoluciones, C , que se aplica determina el orden de la función B-spline, de manera que órdenes más altos se corresponden con geometrías más suavizadas.
- Se requieren átomos asimétricos ya que se adaptan mejor a los distintos tipos de ondas del ECG, por lo que se necesitan dos funciones B-spline para definir cada elemento del diccionario, una para la mitad izquierda y otra para la derecha.
- Inicialmente se necesita un total de cinco parámetros para representar cada átomo de tipo B-spline:
 1. Longitud de la señal cuadrada a convolucionar para la función B-spline de la mitad izquierda: M_L .
 2. Número de convoluciones a aplicar para la función B-spline de la mitad izquierda: C_L .
 3. Longitud de la señal cuadrada a convolucionar para la función B-spline de la mitad derecha: M_R .
 4. Número de convoluciones a aplicar para la función B-spline de la mitad derecha: C_R .
 5. Posición central del átomo completo: BC .

Las funciones B-spline de primer orden, que se obtienen aplicando solo una convolución, $C = 1$, se corresponden con triángulos, cuya extensión se determina mediante el parámetro M , como se muestra en la figura 5.14 (nótese que la longitud final del átomo incluye las muestras nulas de los extremos: $(2M - 1) + 2 = 2M + 1$). De esta manera, los diccionarios de tipo B-spline pueden incluir también átomos triangulares, si se emplean para su composición las funciones de primer orden. Por tanto, los diccionarios de tipo B-spline se pueden ver como una extensión de los basado en triángulos.

También se incluye el átomo relativo al impulso unitario, que se corresponde con los valores $M = 1$ y $C = 0$. Por tanto, para definir un diccionario de tipo B-spline concreto, se han de especificar tres parámetros. El primero es el valor máximo permitido, en número de muestras, para las longitudes de las mitades de los átomos, LB_{max} , que es equivalente a la variable LT_{max} empleada para los diccionarios de triángulos (ver sección 5.3). Además hace falta indicar los órdenes de las funciones B-spline que se incluyen en el diccionario, que se establecen a través de los valores mínimo y máximo de convoluciones utilizadas, C_{min} y C_{max} , respectivamente.

Por tanto, para los átomos de tipo B-spline se requieren dos parámetros más que para los triangulares. De esta forma, si se asume una entropía similar para todos los valores, para compensar la cantidad de información adicional de los descriptores es necesaria una disminución equivalente en el número de iteraciones, esto es, del 40 %. Para evaluar dicha reducción en el número de componentes de MP, se lleva a cabo el siguiente ejercicio

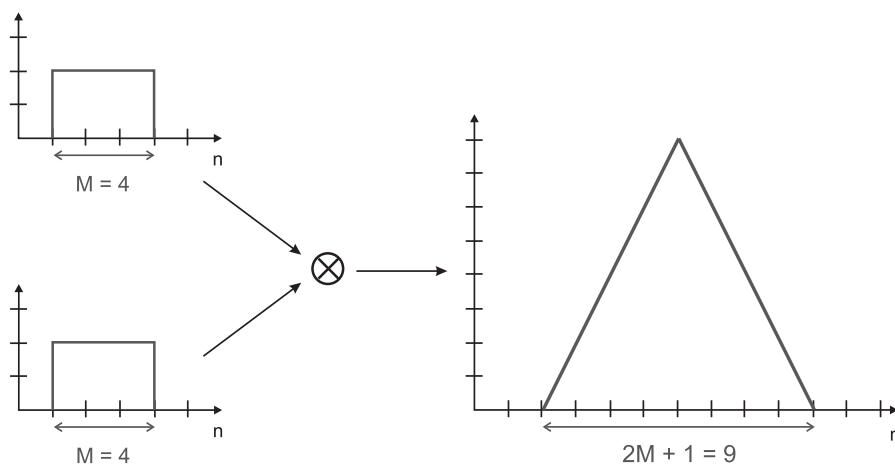


Figura 5.14 – Ejemplo de B-spline de primer orden, que se corresponde con una geometría triangular, obtenida mediante la convolución de una señal cuadrada con ella misma.

práctico con los 2 primeros minutos de la primera derivación de las señales 100, 101, 102, 103, 107, 109, 111, 115, 117, 118 y 119 de la MIT-BIH Arrhythmia Database. Este grupo de 11 señales se considera suficientemente representativo, al menos para análisis comparativos, ya que incluye diferentes ritmos cardíacos y morfologías de complejos QRS, por lo que se emplea habitualmente con este propósito en la bibliografía relativa a compresión de ECG [30, 33, 55, 13, 34, 36, 42, 53, 43, 56, 116, 38, 39, 126]. Además, las simulaciones se ejecutan para dos tamaños de segmento diferentes $N = 10244$ y $N = 2048$. Los diccionarios, tanto de triángulos como de funciones B-spline que se emplean en esta prueba, se presentan en la tabla 5.6. Los diccionarios de tipo B-spline que se utilizan incluyen átomos de hasta tercer orden.

Tabla 5.6 – Características de los diccionarios empleados en los experimentos referentes al uso de átomos de tipo B-spline.

Identificador	Tipo	LT_{max} o LB_{max}	C_{min}	C_{max}
D1	Triangular	64	N/A	N/A
D2	Triangular	128	N/A	N/A
D3	B-splines	64	1	2
D4	B-splines	128	1	2
D5	B-splines	64	2	2
D6	B-splines	128	2	2
D7	B-splines	64	1	3
D8	B-splines	128	1	3
D9	B-splines	64	2	3
D10	B-splines	128	2	3
D11	B-splines	64	3	3
D12	B-splines	128	3	3

En las simulaciones se emplea el PRD como parámetro objetivo, con valores de PRD_{obj} que van del 2 % al 6 % en intervalos del 1 %, permitiéndose un margen de tolerancia del 10 %. Para comparar la cantidad de átomos de descomposición que se obtienen con los distintos diccionarios, se emplea el NSA, definido mediante la ecuación 3.6. Esta medida compara la cantidad de coeficientes originales con el número de elementos de MP extraídos, proporcionando la tasa de la reducción alcanzada. En la figura 5.15 se muestran los resultados de NSA en función del PRD para los todos diccionarios evaluados. Los datos obtenidos con segmentos de 1024 y 2048 muestras se presentan en los paneles izquierdo (figura 5.15(a)) y derecho (figura 5.15(b)), respectivamente. En ambos casos, el eje de abscisas representa el valor medio de PRD para las señales del conjunto reducido empleado, mientras que en el de ordenadas se hace lo propio con el NSA.

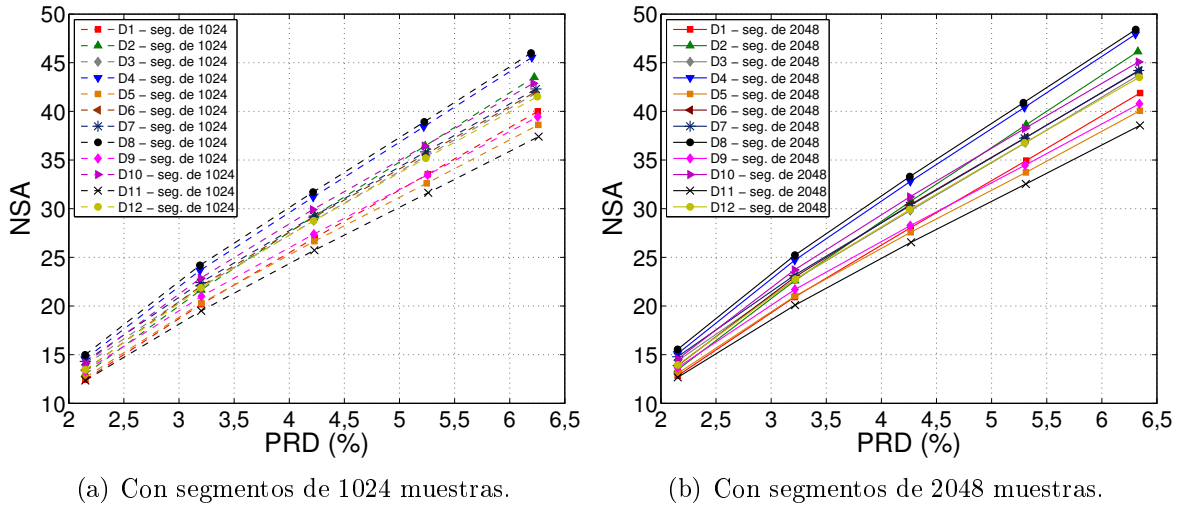


Figura 5.15 – Resultados de reducción de coeficientes ($E\{NSA\}$) en función de la calidad global en términos de PRD ($E\{PRD\}$), con el conjunto reducido de 11 señales de 2 minutos de la MIT-BIH Arrhythmia Database, para los diccionarios de la tabla 5.6, considerando dos tamaños de bloque, $N = 1024$ y $N = 2048$.

Las gráficas generadas ratifican la idea inicial de que la incorporación de átomos con geometrías B-spline de segundo y tercer orden permite reducir la cantidad de elementos de descomposición que se han de extraer para alcanzar un mismo nivel de calidad de reconstrucción. De todos los diccionarios de tipo B-spline que se han probado, los únicos que mejoran el rendimiento con respecto a los de triángulos, son aquellos que incluyen átomos de segundo o tercer orden pero a la vez mantienen las geometrías triangulares de primer orden. Los diccionarios que usan funciones B-spline de un único orden no mejoran las capacidades de los triángulos. Estas relaciones entre diccionarios son equivalentes para los dos tamaños de segmento probados, con la diferencia, en términos absolutos, de que los bloques de 2048 muestras proporcionan valores superiores de NSA. Esto es debido a que existe una mayor probabilidad de encontrar átomos de descomposición propicios en segmentos de mayor longitud, como ya ocurría en la sección 5.4.2.

En cualquier caso, los mejores resultados de NSA obtenidos con los diccionarios de tipo B-spline no superan los conseguidos con los diccionarios de triángulos en una proporción de, al menos, el 40 %, que era el valor necesario para compensar el incremento de datos debido a los descriptores adicionales requeridos. Por tanto, para poder emplear los átomos de tipo B-spline de manera eficiente, se debe buscar una alternativa para su representación, que utilice un número menor de parámetros. El objetivo es intentar definir cada átomo de tipo B-spline mediante tres datos, al igual que los triángulos, uno para cada una de sus mitades y otro para la posición central. Esto es posible si analizamos cómo se generan las funciones B-spline de diferente orden y tamaño. Así, al aplicar un número C de convoluciones sucesivas con una señal cuadrada de longitud M , se obtienen geometrías de tipo B-spline de orden C con las siguientes longitudes en número de muestras, incluyendo los dos valores nulos de los extremos:

$$\begin{aligned}
 1 \text{ convolución} &\rightarrow 2M + 1 \text{ muestras} \\
 2 \text{ convoluciones} &\rightarrow 3M \text{ muestras} \\
 3 \text{ convoluciones} &\rightarrow 4M - 1 \text{ muestras} \\
 \dots & \\
 C \text{ convoluciones} &\rightarrow (C + 1)M - C + 2 \text{ muestras}
 \end{aligned} \tag{5.24}$$

Por tanto, el número final de muestras, F , de una función B-spline se calcula como

$$F = (C + 1)M - C + 2. \tag{5.25}$$

Si el valor de F es impar, la función B-spline correspondiente tiene el pico justo en el centro, como ocurre en el ejemplo de la figura 5.14. En cambio, en el caso de ser par, el valor máximo se repite en las dos posiciones centrales, al igual que sucede en el ejemplo de la figura 5.13. De esta forma, para tener disponible medio átomo de longitud H , se necesita obtener una función B-spline con extensión $2H + 1$ o $2H + 2$. Aplicando esta condición a la ecuación (5.25), es posible calcular las diferentes opciones que existen para obtener mitades de átomo de longitud creciente, $H = 1, 2, 3, \dots$, ya que quedan limitadas por la longitud M de la señal cuadrada de partida. La idea consiste en asignar un valor unívoco a cada una de estas posibilidades, siguiendo el orden de menor a mayor H y de menor a mayor número de convoluciones C para valores de H iguales. De esta manera, se consigue tener un identificador único para cada medio átomo, que puede ser empleado como parámetro descriptor en lugar de la dupla (M, C) considerada inicialmente. A fin de clarificar este procedimiento, en la tabla 5.7 se muestran los 10 primeros identificadores unívocos junto con las duplas que representan.

Siguiendo esta nueva estrategia de identificación de funciones B-spline, cada átomo completo se representa con sólo tres parámetros, el descriptor de su mitad izquierda BL , el de su mitad derecha BR y su posición central BC , de manera similar a los triángulos. El único problema es que no existe una ecuación analítica que relacione

cada identificador con su dupla (M, C) correspondiente, por lo que se proponen dos alternativas para obtener las correspondencias. La primera es ir recorriendo las distintas posibilidades de manera ordenada, desde $H = 1$, hasta que llegamos al identificador deseado. La segunda es almacenar una tabla de consulta con todas las mitades de átomos necesarias por ejemplo para un diccionario concreto, que debe ser conocido en la parte de recepción de la señal. Al analizar la función correspondiente al primer identificador, se observa que no interesa usarlo tal y como está definido en la tabla 5.7, porque lo único que añadiría es una muestra unitaria a la mitad de los átomos. Por ello, ese identificador se reutiliza de manera que los valores $BL = 1$ y $BR = 1$ hacen referencia a mitades de átomo vacías, para poder definir así elementos formados por una sola mitad de función B-spline. Además, el átomo particular del impulso unitario se define con la dupla $BL = 1$ y $BR = 1$, ya que la formación de un átomo completo vacío carece de sentido.

Tabla 5.7 – Primeros 10 identificadores unívocos de funciones B-splines usados para representar mitades de átomos.

Identificador	H	M	C	F
1	2	1	0	3
2	3	2	1	5
3	3	2	2	6
4	4	3	1	7
5	4	2	3	7
6	4	2	4	8
7	5	4	1	9
8	5	3	2	9
9	5	2	5	9
10	5	2	6	10

Al reducir de esta manera la cantidad de parámetros necesarios para representar los átomos de tipo B-spline, se aumentan las posibilidades de que se mejoren los resultados de compresión con este tipo de diccionarios. Con el fin de comprobar esta circunstancia de manera práctica, se reproduce el experimento anterior usando los nuevos identificadores y aplicando el algoritmo completo de compresión propuesto. En este caso, de entre los diccionarios de tipo B-spline se examinan solo aquellos que, de acuerdo con los resultados de la figura 5.15, superan en NSA a los basados en triángulos, es decir, D3, D4, D7 Y D8. Los resultados de CR en función del PRD para los distintos diccionarios considerados se muestran en la figura 5.16.

Los valores de CR obtenidos demuestran que los diccionarios de tipo B-spline no mejoran las capacidades de compresión de los triángulos. A pesar de que la incorporación de átomos de tipo B-spline permite reducir la cantidad de átomos de descomposición necesarios para un mismo nivel de calidad, como se comprueba en la primera prueba con el NSA, los parámetros que definen los átomos triangulares permiten una mejor codifica-

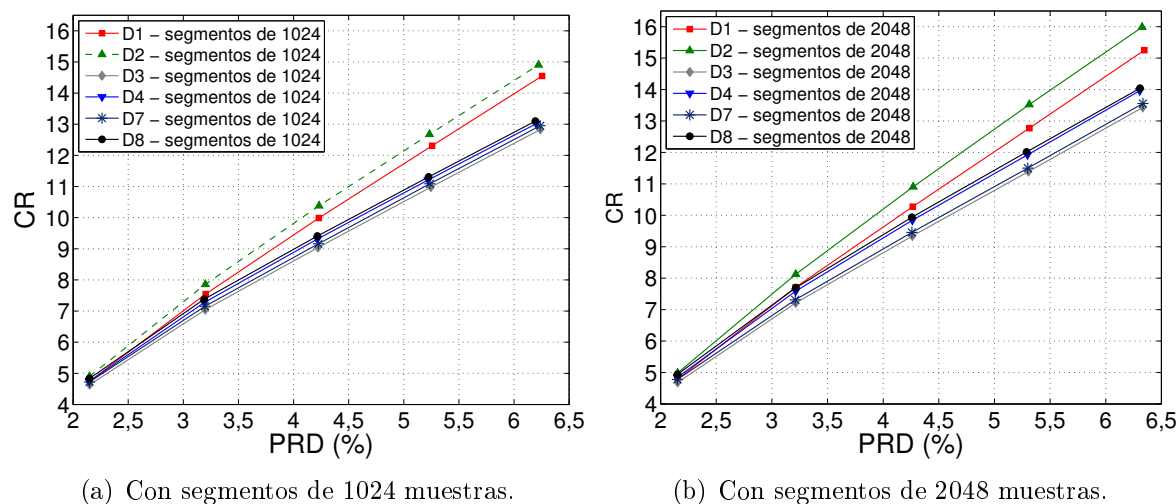


Figura 5.16 – Resultados de compresión ($E\{CR\}$) en función de la calidad global en términos de PRD ($E\{PRD\}$), con el conjunto reducido de 11 señales de 2 minutos de la MIT-BIH Arrhythmia Database, para varios diccionarios de triángulos y de tipo B-spline, considerando dos tamaños de bloque, $N = 1024$ y $N = 2048$.

ción entrópica, gracias a su mayor redundancia. La mayor variedad de átomos perjudica en este caso a los diccionarios de tipo B-spline, ya que dificulta la repetición de elementos durante la descomposición, al haber más probabilidades de que átomos diferentes vayan mejorando el modelado. Así, pequeñas diferencias entre ondas equivalentes de latidos consecutivos pueden derivar en el uso de átomos de tipo B-spline distintos, algo que es menos probable al usar una única geometría para todos los átomos, como ocurre con los triángulos. De esta forma, la presencia de unos pocos elementos puntuales, con muy baja probabilidad, afecta negativamente a la codificación Huffman propuesta. Además, como se observa en las gráficas, la diferencia de CR entre diccionarios de distinto tipo disminuye a medida que se requieren niveles más altos de calidad. En este caso, los diccionarios de tipo B-spline se ven favorecidos por su mayor variedad de átomos, ya que permiten la adaptación directa a morfologías complejas. Aún así, los triángulos siguen proporcionando mayores niveles de CR, lo que confirma su utilidad para el modelado de señales de ECG.

En base a estas conclusiones, se descarta la realización en este trabajo de un análisis más profundo con los diccionarios de funciones B-spline, que podría incluir la evaluación con la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa y el estudio de sus resultados de detección QRS. El análisis preliminar expuesto en esta sección demuestra que a pesar de que los diccionarios de tipo B-spline son más complejos y requieren más recursos computacionales, no mejoran los resultados de compresión de los triángulos. Además, no existen motivos teóricos para pensar que podrían mejorar el rendimiento ofrecido por las funciones triangulares en términos de detección QRS. El algoritmo de detección de latidos usa los elementos de MP para localizar candidatos, pero luego los

parámetros usados en las reglas de decisión se obtienen sobre la señal de ECG original. Por tanto, la ventaja que proporcionan los átomos de tipo B-spline en lo referente a calidad no es relevante en este caso, ya que lo importante es detectar los candidatos principales, lo que se consigue con cualquiera de los diccionarios evaluados. En este sentido, no es relevante si el elemento de MP se asemeja más o menos a la onda de ECG original. Esta idea se ratifica mediante un ejercicio práctico realizado con los diccionarios de la tabla 5.6 y el conjunto de 11 señales de 2 minutos. Al comparar los resultados de detección QRS obtenidos en este experimento, se observa que la variación entre diccionarios es como máximo de un latido. En cualquier caso, los diccionarios de tipo B-spline aquí propuestos pueden ser de utilidad en otros esquemas de procesado de ECG que se adapten mejor a las características que esta clase de átomos ofrece.

5.7. Conclusiones

La descomposición del ECG en sus componentes principales en el dominio del tiempo permite procesar de manera individual aquellos elementos de la señal que resultan interesantes para una aplicación concreta. En la bibliografía de procesado de ECG se tiende a utilizar descomposiciones frecuenciales, alcanzando muy buenos resultados, mientras que no se dedica mucha atención a las técnicas que trabajan en el dominio temporal. La representación natural de los registros de ECG se lleva a cabo precisamente a lo largo de un eje temporal, en concordancia con el procedimiento de adquisición. Así, el análisis diagnóstico del ECG es realizado por los especialistas clínicos sobre una cuadrícula cuyas divisiones marcan intervalos de tiempo y de voltaje, en las direcciones horizontal y vertical, respectivamente. Al mantener el tratamiento del ECG en el dominio del tiempo, se facilita la comprensión de los procesos llevados a cabo, ya que se puede visualizar constantemente la evolución de la señal sobre el sistema de referencia temporal. Esto facilita la interacción entre técnicos y facultativos, posibilitando la adaptación y mejora de los algoritmos bajo desarrollo a las necesidades y tareas clínicas reales. En cualquier caso, el rendimiento de los métodos propuestos no puede quedar desatendido, por lo que el objetivo consiste en alcanzar un compromiso entre eficacia, sencillez y utilidad, de forma que se potencie la implementación de nuevas técnicas de procesado digital de señal electrocardiográfica en campos de aplicación como la telemedicina.

En base al razonamiento anterior, en el trabajo de este capítulo se propone el modelado del ECG en el dominio del tiempo mediante la extracción de sus diferentes componentes, de mayor a menor orden de relevancia en términos de energía, con la técnica de *matching pursuit*. La descomposición MP se debe llevar a cabo con un diccionario adecuado, cuyos átomos se correspondan con las formas de onda típicas del ECG. Con esta finalidad, en primer lugar se propone el uso de funciones triangulares, ya que son sencillas y se asemejan bien a los componentes típicos de los latidos. También se examina la posibilidad de utilizar funciones B-spline, que son más complejas pero permiten

generar geometrías más suavizadas, que encajan mejor con muchas de las características que presentan en la práctica los registros de ECG. La extracción de un conjunto de elementos individuales, entre los que se encuentran las ondas del complejo PQRST, que permite reconstruir la señal de ECG original sirve como base para el desarrollo de dos aplicaciones de gran utilidad como son la compresión con pérdidas y la detección QRS. De esta manera, se diseña un algoritmo basado en la descomposición MP del ECG que realiza estas dos funciones de manera conjunta.

El esquema propuesto basa la compresión de ECG en que la cantidad de información que es necesaria para transmitir el conjunto de elementos de descomposición es menor que los datos originales de adquisición. Además, como la técnica de MP extrae los componentes de mayor a menor magnitud, es posible controlar la calidad de la señal, limitando el número de iteraciones de descomposición. Por otra parte, la detección de complejos QRS se lleva a cabo seleccionando, a través de una serie de condiciones morfológicas, aquellos elementos de MP que se corresponde con las ondas R. Al analizar aspectos de la forma de onda de la señal en el dominio del tiempo, como son la amplitud, la pendiente o la distancia temporal, se reproduce el proceso cognitivo de análisis visual del ECG. Además, el esquema de procesado propuesto realiza ambas tareas de manera simultánea, evitando la propagación de errores entre ellas. Así, el resultado final que se ofrece es una señal de ECG comprimida con una calidad de reconstrucción concreta, especificada *a priori*, que incluye las anotaciones relativas a las posiciones de los latidos.

Para comprobar qué tipo de diccionario proporciona mejores resultados, se analizan con el algoritmo propuesto tanto los de tipo B-spline, de hasta tercer orden, como los de triángulos. Todos estos diccionarios incorporan átomos asimétricos, para facilitar la adaptación a los componentes reales de los registros de ECG, y el impulso unitario como elemento singular, para asegurar que cualquier señal puede ser representada. Además, se adapta la forma de describir unívocamente las funciones B-spline, de cualquier orden y longitud, para reducir la cantidad de parámetros necesarios para representar cada átomo. A pesar de ello, se comprueba que los diccionarios de triángulos muestran unas capacidades de compresión superiores, gracias a que sus parámetros presentan una mayor redundancia. En cualquier caso, el uso de diccionarios de tipo B-spline es una propuesta que puede resultar útil en futuras versiones del algoritmo propuesto o en otros nuevos desarrollos donde la calidad de reconstrucción adquiera una mayor relevancia.

El esquema de procesado de ECG propuesto se evalúa de manera exhaustiva en términos tanto de compresión como de detección QRS con los diccionarios de triángulos, empleando la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa. Los resultados obtenidos para ambas funcionalidades se comparan con los de otros métodos del estado de la técnica que realizan únicamente una de las dos tareas. Así, el algoritmo propuesto proporciona buenas tasas de compresión pero inferiores a las de los compresores empleados como referencia. De todas formas, el nuevo método presentado proporciona buenos niveles de compresión, que se acercan a los de los otros trabajos analizados a medi-

da que los requisitos de calidad disminuyen. El motivo es que el modelado basado en descomposición MP que se presenta es más eficiente para reconstruir los componentes principales que los detalles. El esquema propuesto también ofrece buenos resultados de detección de latidos, igualando los porcentajes alcanzados por métodos basados en la estrategia clásica de Pans y Tompkins, pero por debajo de otras alternativas que basan su procesado en el dominio de la frecuencia.

Por tanto, en términos generales, se concluye que la descomposición del ECG en el dominio del tiempo se puede llevar a cabo de manera eficiente a través de la estrategia de *matching pursuit*. Las funciones triangulares son propicias para la generación de átomos sencillos con los que popular el diccionario, mientras que en el caso de requerir una mayor calidad en el modelado, se propone el uso de funciones B-spline. La descomposición MP es por tanto una herramienta útil para el desarrollo de aplicaciones que requieran un procesado individualizado de elementos concretos de la señal de ECG. Además, al mantenerse el tratamiento del ECG en el dominio temporal, se facilita el entendimiento de los esquemas implementados por parte de los especialistas clínicos, lo que puede fomentar también su involucración en la etapa de diseño. Esta clase de representación permite la implementación de algoritmos directamente relacionados con las características visuales de la forma de onda de la señal de ECG. Así, el desarrollo de nuevos métodos de procesado digital de ECG puede beneficiarse de directrices derivadas de las prácticas comunes de análisis del ECG llevadas a cabo por los cardiólogos.

La utilidad de la estrategia de descomposición MP se pone de manifiesto en este estudio mediante el desarrollo de un algoritmo que realiza de manera conjunta la compresión con pérdidas de ECG y la detección de complejos QRS. El esquema propuesto se sirve de un conjunto de elementos de MP obtenidos inicialmente, respetando un criterio de calidad de reconstrucción establecido *a priori*, para ejecutar ambas funciones de manera simultánea. Los diccionarios de triángulos son los más adecuados a la hora de utilizar el algoritmo propuesto, proporcionando tasas de compresión más elevadas que los de tipo B-spline. Los resultados de compresión y detección QRS obtenidos con el esquema propuesto no alcanzan el rendimiento de técnicas del estado del arte, que procesan la señal en el dominio de la frecuencia, dedicadas solo a una de las dos tareas. A pesar de ello, el algoritmo propuesto permite llevar a cabo conjuntamente de manera eficiente ambas funciones, que son de utilidad práctica para aplicaciones de telemedicina. Además, esta limitación en rendimiento puede quedar compensada si el método propuesto, al estar basado en el dominio del tiempo, sirve de ejemplo para conseguir una mayor compresión y aceptación de las aplicaciones prácticas basadas en procesado digital de ECG por parte de la comunidad clínica.

Capítulo 6

Conclusiones, contribuciones y futuras líneas de trabajo

En este capítulo se recogen las conclusiones principales derivadas del trabajo de investigación desarrollado, las cuales se resumen en la sección 6.1. En la sección 6.2 se enumeran las distintas contribuciones de carácter científico realizadas. Finalmente, las futuras líneas de trabajo que se proponen como continuación del estudio presentado se describen en la sección 6.3.

6.1. Conclusiones del trabajo

En este trabajo se abordan dos estudios relacionados con el desarrollo de técnicas de codificación de señal electrocardiográfica para aplicaciones de transmisión, siguiendo la metodología de trabajo descrita en la sección 1.4, con el fin de alcanzar los objetivos iniciales expuestos en la sección 1.3. El primero de ellos se centra en la calidad de reconstrucción del ECG que se obtiene en aplicaciones de compresión con pérdidas, ya que se considera un aspecto al que no se le presta la suficiente atención en el estado de la técnica. Por este motivo, se propone, de manera justificada, una estrategia de control consistente de la calidad de reconstrucción para compresión de ECG basada en métricas directas, cuya utilidad se ratificó a través de una serie de experimentos prácticos. Las conclusiones que se extraen de este primer estudio son las siguientes:

- El uso de métricas directas es una forma adecuada de controlar la calidad de reconstrucción en métodos de compresión de ECG, ya que son de aplicación automática e inmediata sobre la señal, sin necesidad de ningún tipo de procesamiento adicional que pueda introducir algún tipo de error en la medida. El problema es que no todas las figuras de mérito de este tipo permiten evaluar la similitud entre ambas señales, la original y la comprimida, de forma consistente, con independencia de las características del registro de ECG que se analiza. Por tanto, solo aquellas medidas de calidad que son capaces de proporcionar resultados fiables

deben utilizarse a la hora de controlar la distorsión en métodos de compresión de ECG. En este sentido, el RMSE se muestra desde el punto de vista teórico como una métrica más adecuada para desempeñar dicha tarea, en comparación con los parámetros basados en el PRD. En primer lugar, el PRDN no permite controlar la distorsión de la señal de ECG completa si ésta se procesa por bloques. Por este motivo, se desaconseja su utilización en compresores orientados a aplicaciones prácticas donde se requiera el tratamiento del ECG por segmentos. Por su parte, el PRD proporciona una medida relativa de la distorsión, que depende de la magnitud del segmento que se evalúa. Así, para un mismo valor de PRD la desviación absoluta, en términos de voltaje, varía para distintos bloques de ECG que presenten amplitudes dispares. El RMSE ofrece, en cambio, un resultado absoluto del error introducido en cada segmento de ECG comprimido, con lo que permite establecer directamente la distorsión media en voltios de la señal recuperada. De esta manera, las medidas de RMSE son más fáciles de relacionar con las características morfológicas de la señal electrocardiográfica, pudiéndose determinar si el error generado es asumible o no para cada caso concreto. Esta aproximación es más útil, por tanto, para la práctica clínica, donde la inspección de los registros de ECG se lleva cabo sobre una cuadrícula cuyas divisiones horizontales y verticales se corresponden con variables de tiempo y voltaje, respectivamente.

- Las ventajas del RMSE sobre el PRD y el PRDN se confirman de manera práctica, al incorporar dichas métricas como parámetros de referencia en una etapa de control de la calidad de reconstrucción basada en energía retenida. El análisis se considera representativo ya que se realiza empleando dos esquemas de compresión distintos, que se implementan con técnicas de umbralización de coeficientes frecuenciales reconocidas en el estado del arte, y la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database completa. Los resultados, que se obtienen para niveles exigentes de calidad, muestran que el uso del RMSE permite controlar el error global a lo largo de toda la señal de ECG de manera más fiable y consistente, en comparación con las medidas de la familia del PRD. Además, el RMSE restringe mejor la distorsión local, ya que consigue limitar tanto la magnitud como la variabilidad del error máximo a valores más bajos. Estas mejoras ofrecidas por el RMSE en términos de calidad no afectan al rendimiento en compresión. De hecho, para niveles equivalentes de distorsión de señal, se alcanzan tasas de compresión mayores cuando se emplea el RMSE en la etapa de control de calidad en vez del PRD. Por tanto, utilizando el RMSE como métrica directa de referencia, se consigue desarrollar una estrategia consistente para controlar la calidad de reconstrucción en compresión de ECG. El uso del RMSE se ha mostrado eficiente para métodos basados en umbralización de coeficientes frecuenciales, pero el análisis teórico realizado sustenta la idea de que las ventajas expuestas son de carácter general. Esta propuesta se ratifica en el segundo estudio del trabajo, donde se comprueba que el RMSE

también ofrece un mejor rendimiento que el PRD al emplearse para controlar la calidad en un compresor completamente diferente, basado en la descomposición del ECG en el dominio del tiempo mediante la técnica de *matching pursuit*.

En el segundo estudio se investiga la idea de usar métodos para el tratamiento digital de señal electrocardiográfica que no solo proporcionen un buen rendimiento técnico sino que faciliten su adopción práctica por parte de la comunidad clínica. Con esta premisa, se desarrolla una estrategia basada en la descomposición en el dominio del tiempo del ECG mediante la técnica de *matching pursuit*. El análisis práctico de esta propuesta deriva en la implementación de un esquema de procesado novedoso que permite realizar tanto compresión de ECG como detección QRS de manera conjunta. De la realización de este estudio se derivan las siguientes conclusiones:

- La descomposición del ECG tanto en sus ondas principales como en el resto de elementos secundarios, proporciona información muy útil de cara al tratamiento digital de la señal, sobre todo cuando la aplicación requiere el análisis individualizado de determinados componentes. Además, si se preserva la representación de los resultados de la descomposición en el dominio del tiempo, se posibilita el desarrollo de algoritmos directamente relacionados con el análisis visual de las características morfológicas del ECG. El uso de la técnica de MP es adecuado para este objetivo, permitiendo además extraer los distintos componentes de la señal de ECG de mayor a menor orden de importancia en términos de energía. Para este propósito, se propone la utilización de átomos triangulares, cuando se requieran diccionarios sencillos, o de elementos generados con funciones B-spline, si se necesita una mejor adaptación a la forma de onda de los registros de ECG. Con los átomos de estas dos clases de diccionarios se consigue una buena correlación con los componentes típicos del ECG. Así, la descomposición MP definida permite obtener en las primeras iteraciones las ondas del complejo PQRST y posteriormente los detalles para refinar la forma de onda de la señal. Por tanto, la estrategia propuesta facilita la implementación de nuevos esquemas de procesado de ECG basados en criterios clínicos procedentes de las prácticas que siguen los facultativos a la hora de analizar visualmente los registros de ECG.
- La utilidad práctica de la estrategia de descomposición MP del ECG en el dominio del tiempo queda demostrada mediante la implementación y prueba de un algoritmo que lleva a cabo de manera conjunta las funciones de compresión con pérdidas y detección QRS. La compresión se obtiene gracias a la reducción en la cantidad de información que se consigue al emplear el conjunto de elementos de MP para representar la señal de ECG en lugar de la secuencia original de muestras. Además, el propio procedimiento de MP permite controlar de forma iterativa la calidad de reconstrucción, que se especifica *a priori* mediante un parámetro objetivo. Por otra parte, la detección QRS se basa en la identificación de aquellos

componentes de MP que se corresponden con las ondas R. La evaluación práctica de este algoritmo con la base de datos MIT-BIH Arrhythmia Database revela que los diccionarios de triángulos proporcionan mejores tasas de compresión que los de tipo B-spline. En cualquier caso, no se descarta la utilidad de los átomos basados en funciones B-spline para otras aplicaciones de procesamiento de ECG donde se requiera un modelado más preciso de la señal. Los diccionarios de triángulos también proporcionan buenos porcentajes de detección de latidos, confirmando la eficacia global del algoritmo propuesto. Los resultados conjuntos obtenidos con este nuevo método no alcanzan las prestaciones que ofrecen esquemas del estado de la técnica, dedicados únicamente a una de las dos tareas, que trabajan en el dominio de la frecuencia. De todas formas, desde el punto de vista práctico, la reducción de rendimiento que presenta el algoritmo propuesto, puede verse compensada por las ventajas que ofrece, en términos de comprensión del procedimiento, de cara a su adopción en aplicaciones de telemedicina.

6.2. Contribuciones científicas

El desarrollo de este trabajo ha propiciado la realización de las siguientes contribuciones de carácter científico:

- Artículos en revista:
 - **Hernando-Ramiro, Carlos**; Blanco-Velasco, Manuel; Lovisoló, Lisandro; Cruz-Roldán, Fernando. “Consistent quality control in ECG compression by means of direct metrics” (ISSN: 0967-3334). *Physiological Measurement*. 2015, vol. 36, núm. 9, p. 1981-1994. Factor de impacto: 1,576.
 - **Hernando-Ramiro, Carlos**; Lovisoló, Lisandro; Cruz-Roldán, Fernando; Blanco-Velasco, Manuel. “Matching pursuit decomposition on electrocardiograms for joint compression and QRS detection”. En proceso de revisión.
- Comunicaciones en congreso:
 - **Hernando-Ramiro, Carlos**; Blanco-Velasco, Manuel; Cruz-Roldán, Fernando; Pedroviejo-Benito, Fátima. “Efficient thresholding-based ECG compressors for high quality applications using cosine modulated filter banks”. 33rd Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society, EMBC’11. Boston (EE. UU.) (30/08–03/09/2011).
 - Pedroviejo-Benito, Fátima; Blanco-Velasco, Manuel; Cruz-Roldán, Fernando; **Hernando-Ramiro, Carlos**. “Detección del latido en señal cardíaca comprimida”. XXVI Simposium Nacional de la Unión Científica Internacional de Radio, URSI 2011. Leganés (07–09/09/2011).

- Revisiones de artículos para las siguientes revistas:
 - Computers in Biology and Medicine
 - Medical Engineering & Physics

Además, durante el periodo de formación en investigación, previo al comienzo de la tesis doctoral, se llevaron a cabo las siguientes comunicaciones en congreso:

- **Hernando–Ramiro, Carlos**; Blanco–Velasco, Manuel; Moreno–Martínez, Eduardo; Cruz–Roldán, Fernando; Sáez–Landete, José Bienvenido. “Efficient source coding in a thresholding–based compressor using the discrete wavelet transform”. International Conference on Bio-Inspired Systems and Signal Processing, BIOSIGNALS 2009. Oporto (Portugal) (14–17/01/2009).
- **Hernando–Ramiro, Carlos**; Blanco–Velasco, Manuel; Moreno–Martínez, Eduardo; Sáez–Landete, José Bienvenido “Codificación fuente eficiente en un compresor de ECG por umbralización basado en la transformada wavelet discreta.” XXVI Congreso Anual de la Sociedad Española de Ingeniería Biomédica, CASEIB 2008. Valladolid (15–17/10/2008).
- Moreno–Martínez, Eduardo; Blanco–Velasco, Manuel; Cruz–Roldán, Fernando; Amo–López, Pedro; **Hernando–Ramiro, Carlos**. “Análisis de los Wavelet Packets adaptativos en codificación de ECG”. XXVI Congreso Anual de la Sociedad Española de Ingeniería Biomédica, CASEIB 2008. Valladolid (15–17/10/2008).

6.3. Futuras líneas de trabajo

Este trabajo sirve como base de nuevas líneas de investigación que sería interesante abordar en futuros estudios. Algunas de estas propuestas han surgido durante el propio desarrollo de los diferentes análisis llevados a cabo en este trabajo. Estos nuevos planteamientos no son necesarios para alcanzar los objetivos inicialmente propuestos, sino que tienen un carácter complementario o de mejora, por lo que no se han acometido para no comprometer la consecución de los propósitos principales. Otras de las futuras ideas de trabajo que se describen se han concebido a partir de las conclusiones finales extraídas y permiten abrir nuevas líneas de estudio menos específicas, pero, consecuentemente, con más posibilidades de innovación. Así, con el fin de continuar de manera provechosa la investigación que se presenta en este trabajo, orientada al desarrollo de técnicas de codificación de señal electrocardiográfica para aplicaciones de transmisión, se proponen las siguientes actividades de investigación:

- Realización de estudios complementarios, de carácter más específico y orientados al diagnóstico, referentes a las métricas directas analizadas en este trabajo para la

evaluación de la calidad en compresión de ECG. Para ello, se contempla también la incorporación de nuevas figuras de mérito que pudieran considerarse interesantes de acuerdo con los trabajos recientes de la bibliografía. Estos estudios se basarían en la comparación de los resultados proporcionados por las métricas directas con respecto a otras estrategias más elaboradas que examinen la utilidad de la señal comprimida para tareas de diagnóstico. En este sentido, surgen varias ideas que podrían realizarse de manera individual o conjunta, pero que habría que valorar con más detenimiento antes de abordarlas. La primera consiste en llevar a cabo un análisis comparativo entre métricas directas e indirectas, de manera que se establezcan, en la medida de lo posible, correlaciones entre ellas. La segunda se basa en la inclusión de opiniones subjetivas de especialistas clínicos sobre la calidad de las señales de ECG comprimidas, de manera similar a lo realizado en [10, 107]. La última propuesta implica la utilización de esquemas de procesado digital de ECG para evaluar la diferencia de resultados entre el uso de las señales originales o las reconstruidas tras la compresión, teniendo en cuenta un rango representativo de niveles de calidad, como se propone para la aplicación de detección de latidos en [140]. El objetivo final, en cualquier caso, sería conseguir unos umbrales de clasificación para aquellas métricas directas que se consideren fiables, que permitan determinar, con un cierto grado de confianza, si una señal de ECG comprimida es suficientemente adecuada o no para ser empleada con propósitos clínicos.

- Mejora del rendimiento del algoritmo propuesto para compresión de ECG y detección QRS conjunta, basado en descomposición *matching pursuit*. Con el fin de incrementar las tasas de compresión obtenidas, se propone el análisis de histogramas de los descriptores de los átomos, como se describe en [54]. De esta manera se podrían limitar los rangos de los diccionarios a aquellos elementos que son utilizados con mayor frecuencia con el fin de incrementar la redundancia. Otra opción para mejorar la compresión consistiría en analizar y probar otro tipo de codificadores entrópicos que se puedan adaptar mejor a las distribuciones de datos que se generan. Además, para mejorar los resultados de ambas tareas, tanto compresión como detección QRS, sería interesante estudiar diferentes alternativas para eliminar las variaciones de la línea de base que aparecen en los registros de ECG. Si se consigue obtener una línea de base uniforme, se prescinde de aquellos elementos de descomposición dedicados a modelar las pendientes del *baseline wander*. Estos componentes se suelen extraer mediante los átomos de mayor extensión, por lo que al eliminarlos también se reduciría el rango de los diccionarios sin repercutir en los niveles de calidad que se obtienen. Al no tener que modelar el efecto de la variación de la línea de base, la descomposición MP se centra siempre en los componentes principales del ECG, sin que las ondas R queden enmascaradas, con lo que se potencia también la correcta detección de latidos. Finalmente, para incrementar los porcentajes de detección QRS, se podrían diseñar condiciones paramétricas más

elaboradas, que tengan en cuenta otro tipo de relaciones referentes a la morfología de la señal, por ejemplo, correspondientes a características de clases de latidos concretos.

- Desarrollo de nuevos algoritmos de procesamiento digital de señal electrocardiográfica para aplicaciones de telemedicina basados en la estrategia de descomposición del ECG en el dominio del tiempo mediante el método de MP propuesto. Esta línea de estudio incluye la implementación de adaptaciones del algoritmo de compresión de ECG y detección QRS conjunta propuesto en este trabajo. También se podría considerar el diseño de esquemas dedicados al desempeño de nuevas funciones que puedan beneficiarse del procesamiento de elementos individuales, como la clasificación de latidos o la detección de anomalías. Para ello, es importante el análisis de los diccionarios de MP, de manera que se identifiquen los más adecuados para la realización de cada aplicación concreta. En este sentido, se podrían examinar los átomos triangulares y de tipo B-spline presentados en este trabajo o incorporar otra clase de funciones. Como la descomposición MP propuesta extrae los elementos del ECG en el dominio temporal, estos nuevos métodos pueden estar basados en la adaptación de los procedimientos visuales llevados a cabo por los facultativos sobre los registros de ECG. Por ello, es recomendable la involucración, en la medida de lo posible, de especialistas clínicos para transferir su conocimiento y experiencia a las tareas de diseño, implementación y prueba de los algoritmos que se pretendan desarrollar.

Bibliografía

- [1] L. Sörnmo y P. Laguna, *Bioelectrical Signal Processing in Cardiac and Neurological Applications*. Academic Press, 2005.
- [2] N. J. Holter, “New methods for heart studies,” *Science*, vol. 134, p. 1214–1220, 1961.
- [3] L. A. Ferreres, M. G. Rojo, y A. M. P. Gil, *Manual de Telepatología*. SEAP, 2001.
- [4] K. Chaudhari y P. T. Karule, “WiMAX network based E health service and telemedicine applications for rural and remote populations in India,” en *2014 International Conference on Medical Imaging, m-Health and Emerging Communication Systems (MedCom)*, noviembre 2014, p. 398–406.
- [5] J. Petäjäjärvi, K. Mikhaylov, M. Hämäläinen, y J. Iinatti, “Evaluation of LoRa LPWAN technology for remote health and wellbeing monitoring,” en *2016 10th International Symposium on Medical Information and Communication Technology (ISMICT)*, marzo 2016.
- [6] M. Engin, E. Caglav, y E. Engin, “Real-time ECG signal transmission via telephone network,” *Measurement*, vol. 37, núm. 2, p. 167–171, marzo 2005.
- [7] I. Iliev, V. Krasteva, y S. Tabakov, “Real-time detection of pathological cardiac events in the electrocardiogram,” *Physiological Measurement*, vol. 28, núm. 3, p. 259–276, 2007.
- [8] C. D. Capua, A. Meduri, y R. Morello, “A smart ECG measurement system based on web-service-oriented architecture for telemedicine applications,” *IEEE Transactions on Instrumentation and Measurement*, vol. 59, núm. 10, p. 2530–2538, octubre 2010.
- [9] H. Xia, I. Asif, y X. Zhao, “Cloud-ECG for real time ECG monitoring and analysis,” *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, vol. 110, núm. 3, p. 253–259, junio 2013.

- [10] Y. Zigel, A. Cohen, y A. Katz, “The Weighted Diagnostic Distortion (WDD) measure for ECG signal compression,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 47, núm. 11, p. 1422–1430, noviembre 2000.
- [11] M. Engin, “ECG beat classification using neuro–fuzzy network,” *Pattern Recognition Letters*, vol. 25, núm. 15, p. 1715–1722, noviembre 2004.
- [12] A. Alshamali y A. S. Al–Fahoum, “Comments on “An efficient coding algorithm for the compression of ECG signals using the wavelet transform”,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 50, núm. 8, p. 1034–1037, agosto 2003.
- [13] M. Blanco–Velasco, F. Cruz–Roldán, J. I. Godino–Llorente, J. Blanco–Velasco, C. Armiens–Aparicio, y F. López, “On the use of PRD and CR parameters for ECG compression,” *Medical Engineering & Physics*, vol. 29, núm. 9, p. 798–802, noviembre 2005.
- [14] K. Hung, T. Wu, H. Lee, y T. Liu, “EP–based wavelet coefficient quantization for linear distortion ECG data compression,” *Medical Engineering & Physics*, vol. 36, núm. 7, p. 809–821, julio 2014.
- [15] M. Blanco–Velasco, “Nociones acerca del electrocardiograma,” Analizando el electrocardiograma: ven y descubre cómo analizar un electrocardiograma con la ayuda de un ordenador, Semana de la Ciencia de Madrid, noviembre 2016.
- [16] A. B. Ritter, S. Reisman, y B. B. Michniak, *Biomedical Engineering Principles*. CRC Press, 2005.
- [17] T. Uchiyama, K. Akazawa, y A. Sasamori, “Data compression of ambulatory ECG by using multi–template matching and residual coding,” *IEICE Transactions on Information and Systems*, vol. E76-D, núm. 12, p. 1419–1424, diciembre 1993.
- [18] Z. Arnavut, “ECG signal compression based on Burrows–Wheeler transformation and inversion ranks of linear prediction,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 54, núm. 3, p. 410–418, marzo 2007.
- [19] K. Li, Y. Pan, F. Chen, K. Cheng, y R. Huan, “Real–time lossless ECG compression for low–power wearable medical devices based on adaptive region prediction,” *Electronics Letters*, vol. 50, núm. 25, p. 1904–1906, diciembre 2014.
- [20] S. L. Chen, M. C. Tuan, T. K. Chi, y T. L. Lin, “VLSI architecture of lossless ECG compression design based on fuzzy decision and optimisation method for wearable devices,” *Electronics Letters*, vol. 51, núm. 18, p. 1409–1411, agosto 2015.
- [21] C. J. Deepu y Y. Lian, “A joint QRS detection and data compression scheme for wearable sensors,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 62, núm. 1, p. 165–175, enero 2015.

- [22] C. J. Deepu, X. Zhang, C. H. Heng, y Y. Lian, "A 3-lead ECG-on-chip with QRS detection and lossless compression for wireless sensors," *IEEE Transactions on Circuits and Systems II: Express Briefs*, vol. 63, núm. 12, p. 1151–1155, diciembre 2016.
- [23] S. M. S. Jalaeddine, C. G. Hutchens, R. D. Stranttan, y W. A. Coberly, "ECG data compression techniques. A unified approach," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 37, núm. 4, p. 329–343, abril 1990.
- [24] M. Blanco-Velasco, F. Cruz-Roldán, F. López, A. M. Bravo, y D. Martínez, "A low computational complexity algorithm for ECG signal compression," *Medical Engineering & Physics*, vol. 26, núm. 7, p. 553–568, septiembre 2004.
- [25] R. Nygaard, G. Melnikov, y A. K. Katsaggelos, "A rate distortion optimal ECG coding algorithm," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 48, núm. 1, p. 28–40, enero 2001.
- [26] J. Chen, S. Itoh, y T. Hashimoto, "ECG data compression by using wavelet transform," *IEICE Transactions on Information and Systems*, vol. E76-D, núm. 12, p. 1454–1461, diciembre 1993.
- [27] A. Djohan, T. Q. Nguyen, y W. J. Tompkins, "ECG compression using discrete symmetric wavelet transform," en *17th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology*, 1995, p. 167–168.
- [28] A. G. Ramakrishnan y S. Saha, "ECG coding by wavelet-based linear prediction," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 44, núm. 12, p. 1253–1261, diciembre 1997.
- [29] M. L. Hilton, "Wavelet and wavelet packets compression of electrocardiogram," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 44, núm. 5, p. 394–402, mayo 1997.
- [30] Z. Lu, D. Y. Kim, y W. A. Pearlman, "Wavelet compression of ECG signals by the set partitioning in hierarchical trees algorithm," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 47, núm. 7, p. 849–856, julio 2000.
- [31] S. Miaou, H. Yen, y C. Lin, "Wavelet-based ECG compression using dynamic vector quantization with tree codevectors in single codebook," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 49, núm. 7, p. 671–680, julio 2002.
- [32] J. Chen y S. Itoh, "A wavelet transform-based ECG compression method guaranteeing desired signal quality," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 45, núm. 12, p. 1414–1419, diciembre 1998.

- [33] R. Benzid, F. Marir, A. Boussaad, M. Benyoucef, y D. Arar, "Fixed percentage of wavelet coefficients to be zeroed for ECG compression," *Electronics Letters*, vol. 39, núm. 11, p. 830–831, mayo 2003.
- [34] J. Chen, J. Ma, Y. Zhang, y X. Shi, "ECG compression based on wavelet transform and Golomb coding," *Electronics Letters*, vol. 42, núm. 6, p. 322–324, marzo 2006.
- [35] A. Alesanco, S. Olmos, R. S. H. Istepanian, y J. García, "Enhanced real-time ECG coder for packetized telecardiology applications," *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine*, vol. 10, núm. 2, p. 229–236, abril 2006.
- [36] R. Benzid, F. Marir, y N. E. Bougechal, "Electrocardiogram compression method based on the adaptative wavelet coefficients quantization combined to a modified two-rolled encoder," *IEEE Signal Processing Letters*, vol. 14, núm. 6, p. 373–376, junio 2007.
- [37] M. Abo-Zahhad, A. F. Al-Ajlouni, S. M. Ahmed, y R. Schilling, "A new algorithm for the compression of ECG signals based on mother wavelet parameterization and best-threshold levels selection," *Digital Signal Processing*, vol. 23, núm. 3, p. 1002–1011, mayo 2013.
- [38] K. Hung, C. Tsai, y C. K. anf Huan-Sheng Wang, "A linear quality control design for high efficient wavelet-based ECG data compression," *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, vol. 94, núm. 2, p. 109–117, mayo 2009.
- [39] C. Ku, K. Hung, T. Wu, y H. Wang, "Wavelet-based ECG data compression system with linear quality control scheme," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 57, núm. 6, p. 1399–1409, junio 2010.
- [40] B. Bradie, "Wavelet packets-based compression of single lead ECG," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 43, núm. 5, p. 493–501, mayo 1996.
- [41] J. Hall y J. Crowe, "Ambulatory electrocardiogram compression using wavelet packets to approximate the Karhunen-Loeve transform," *Applied Signal Processing*, vol. 3, p. 25–36, 1996.
- [42] M. Blanco-Velasco, F. Cruz-Roldán, J. I. Godino-Llorente, y K. E. Barner, "Wavelet packets feasibility study for the design of an ECG compressor," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 54, núm. 4, p. 766–769, abril 2007.
- [43] R. Benzid, A. Messaoudi, y A. Boussaad, "Constrained ECG compression algorithm using the block-based discrete cosine transform," *Digital Signal Processing*, vol. 18, núm. 1, p. 56–64, enero 2008.

- [44] M. C. Aydin, A. E. Çetin, y H. Köymen, “ECG data compression by sub-band coding,” *Electronic Letters*, vol. 27, núm. 4, p. 359–360, febrero 1991.
- [45] S. C. Tai, “Six-band sub-band coder on ECG waveforms,” *Medical and Biological Engineering and Computing*, vol. 30, núm. 3, p. 187–192, marzo 1992.
- [46] J. H. Husøy y T. Gjerde, “Computationally efficient sub-band coding for ECG signals,” *Medical Engineering & Physics*, vol. 18, núm. 2, p. 132–142, marzo 1996.
- [47] P. S. Hamilton y W. J. Tompkins, “Compression of the ambulatory ECG by average beat subtraction and residual differencing,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 38, núm. 3, p. 253–259, marzo 1991.
- [48] Y. Zigel, A. Cohen, y A. Katz, “ECG signal compression using analysis by synthesis coding,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 47, núm. 10, p. 1308–1313, octubre 2000.
- [49] Y. Nagasaka y A. Iwata, “Data compression of long time ECG recording using BP and PCA neural network,” *IEICE Transactions on Information and Systems*, vol. E76-D, núm. 12, p. 1434–1442, diciembre 1993.
- [50] J. Wei, Chuang-Jan, N. Chou, y G. Jan, “ECG data compression using truncated singular value decomposition,” *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine*, vol. 5, núm. 4, p. 290–299, diciembre 2001.
- [51] G. Nave y A. Cohen, “ECG compression using long-term prediction,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 40, núm. 9, p. 877–885, septiembre 1993.
- [52] H. Morita y K. Kobayashi, “Data compression of ECG based on the edit distance algorithms,” *IEICE Transactions on Information and Systems*, vol. E74-D, núm. 12, p. 1443–1453, diciembre 1993.
- [53] A. Ouamri y A. Nait-Ali, “ECG compression method using Lorentzian functions model,” *Digital Signal Processing*, vol. 17, núm. 1, p. 319–326, enero 2007.
- [54] F. dos Santos Guimaraes, L. Lovisoló, M. Blanco-Velasco, y F. Cruz-Roldán, “On the compression of ECG records employing triangular elements and analysis-by-synthesis modeling,” en *2010 IEEE International Symposium on Circuits and Systems (ISCAS)*, 2010, p. 3084–3087.
- [55] M. Blanco-Velasco, F. Cruz-Roldán, J. I. Godino-Llorente, y K. E. Barner, “ECG compression with retrieved quality guaranteed,” *Electronics Letters*, vol. 40, núm. 23, p. 1466–1467, noviembre 2004.

- [56] M. Blanco–Velasco, F. Cruz–Roldán, E. Moreno–Martínez, J. I. Godino–Llorente, y K. E. Barner, “Embedded filter bank–based algorithm for ECG compression,” *Signal Processing*, vol. 88, núm. 4, p. 1402–1412, junio 2008.
- [57] B.–U Kohler, C. Hennig, y R. Orglmeister, “The principles of software QRS detection,” *IEEE Engineering in Medicine and Biology Magazine*, vol. 21, núm. 1, p. 42–57, enero 2002.
- [58] M. Elgendi, B. Eskofier, S. Dokos, y D. Abbott, “Revisiting QRS detection methodologies for portable, wearable, battery–operated, and wireless ECG systems,” *PLoS ONE*, vol. 9, núm. 1, p. 1–18, enero 2014.
- [59] W. P. Holsinger, K. M. Kempner, y M. H. Miller, “A QRS preprocessor based on digital differentiation,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. BME-18, núm. 3, p. 212–217, mayo 1971.
- [60] J. Fraden y M. Neuman, “QRS wave detection,” *Medical and Biological Engineering and Computing*, vol. 18, núm. 2, p. 125–132, marzo 1980.
- [61] P. Morizet–Mahoudeaux, C. Moreau, D. Moreau, y J. Quarante, “Simple microprocessor–based system for on–line e.c.g. arrhythmia analysis,” *Medical and Biological Engineering and Computing*, vol. 19, núm. 4, p. 497–500, julio 1981.
- [62] M. Okada, “A digital filter for the QRS complex detection,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. BME-26, núm. 12, p. 700–703, diciembre 1979.
- [63] S. Suppappola y Y. Sun, “Nonlinear transforms of ECG signals for digital QRS detection: a quantitative analysis,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 41, núm. 4, p. 397–400, abril 1994.
- [64] J. Pan y W. J. Tompkins, “A real–time QRS detection algorithm,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. BME-32, núm. 3, p. 230–236, marzo 1985.
- [65] P. S. Hamilton y W. J. Tompkins, “Quantitative investigation of QRS detection rules using the MIT/BIH arrhythmia database,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. BME-33, núm. 12, p. 1157–1165, diciembre 1986.
- [66] N. Arzeno, Z. Deng, y C. Poon, “Analysis of first–derivative based QRS detection algorithms,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 55, núm. 2, p. 478–484, febrero 2008.
- [67] R. Gutiérrez–Rivas, J. J. García, W. P. Marnane, y A. Hernández, “Novel real–time low–complexity QRS complex detector based on adaptive thresholding,” *IEEE Sensors Journal*, vol. 15, núm. 10, p. 6036–6043, octubre 2015.

- [68] S. Mallat y W. L. Hwang, "Singularity detection and processing with wavelets," *IEEE Transactions on Information Theory*, vol. 38, núm. 2, p. 617–643, marzo 1992.
- [69] C. Li, C. Zheng, y C. Tai, "Detection of ECG characteristic points using wavelet transforms," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 42, núm. 1, p. 21–28, enero 1995.
- [70] M. Bahoura, M. Hassani, y M. Hubin, "DSP implementation of wavelet transform for real time ECG wave forms detection and heart rate analysis," *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, vol. 52, núm. 1, p. 35–44, enero 1997.
- [71] J. P. Martinez, R. Almeida, S. Olmos, A. P. Rocha, y P. Laguna, "A wavelet-based ECG delineator: evaluation on standard databases," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 51, núm. 4, p. 570–581, abril 2004.
- [72] K. D. Rao, "DWT based detection of R-peaks and data compression of ECG signals," *IETE Journal of Research*, vol. 43, núm. 5, p. 345–349, 1997.
- [73] M. Yochum, C. Renaud, y S. Jacquir, "Automatic detection of P, QRS and T patterns in 12 leads ECG signal based on CWT," *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 25, p. 46–52, marzo 2016.
- [74] T. Gyaw y S. Ray, "The wavelet transform as a tool for recognition of biosignals," *Biomedical sciences instrumentation*, vol. 30, p. 63–68, febrero 1994.
- [75] M. Merah, T. Abdelmalik, y B. Larbi, "R-peaks detection based on stationary wavelet transform," *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, vol. 121, núm. 3, p. 149–160, octubre 2015.
- [76] S. Farashi, "A multiresolution time-dependent entropy method for QRS complex detection," *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 24, p. 63–71, febrero 2016.
- [77] V. X. Afonso, W. J. Tompkins, T. Q. Nguyen, y S. Luo, "ECG beat detection using filter banks," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 46, núm. 2, p. 192–202, febrero 1999.
- [78] M. Vai y L. Zhou, "Beat-to-beat ECG ventricular late potentials variance detection by filter bank and wavelet transform as beat-sequence filter," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 51, núm. 8, p. 1407–1413, agosto 2004.
- [79] F. Zhang, Y. Wei, y Y. Lian, "Frequency-response masking based filter bank for QRS detection in wearable biomedical devices," en *2009 IEEE International Symposium on Circuits and Systems*, mayo 2009, p. 1473–1476.

- [80] C. M. Bishop, *Neural Networks for Pattern Recognition*. Oxford University Press, 1995.
- [81] Y. Hu, W. Tompkins, J. Urrusti, y V. Afonso, "Applications of artificial neural networks for ECG signal detection and classification," *J. Electrocardiology*, vol. 26 Suppl., p. 66–73, 1993.
- [82] Q. Xue, Y. Hu, y W. Tompkins, "Neural-network-based adaptive matched filtering for QRS detection," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 39, núm. 4, p. 317–329, abril 1992.
- [83] G. Vijaya, V. Kumar, y H. Verma, "ANN-based QRS-complex analysis of ECG," *Journal of Medical Engineering & Technology*, vol. 22, núm. 4, p. 160–167, 1998.
- [84] Z. Dokur y T. Olmez, "ECG beat classification by a novel hybrid neural network," *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, vol. 66, núm. 2–3, p. 167 – 181, septiembre 2001.
- [85] M. Strintzis, G. Stalidis, X. Magnisalis, y N. Maglaveras, "Use of neural networks for electrocardiogram (ECG) feature extraction recognition and classification," *Neural Network World*, vol. 3, núm. 4, p. 313–328, 1992.
- [86] K. Lin y W. Chang, "QRS feature extraction using linear prediction," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 36, núm. 10, p. 1050–1055, octubre 1989.
- [87] S. Dandapat y G. Ray, "Spike detection in biomedical signals using midprediction filter," *Medical and Biological Engineering and Computing*, vol. 35, núm. 4, p. 354–360, julio 1997.
- [88] D. A. Coast, R. M. Stern, G. G. Cano, y S. A. Briller, "An approach to cardiac arrhythmia analysis using hidden markov models," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 37, núm. 9, p. 826–836, septiembre 1990.
- [89] R. Andreao, B. Dorizzi, y J. Boudy, "ECG signal analysis through hidden markov models," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 53, núm. 8, p. 1541–1549, agosto 2006.
- [90] P. Trahanias, "An approach to QRS complex detection using mathematical morphology," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 40, núm. 2, p. 201–205, febrero 1993.
- [91] Y. Chen y H. Duan, "A QRS complex detection algorithm based on mathematical morphology and envelope," en *2005 IEEE Engineering in Medicine and Biology 27th Annual Conference*, enero 2005, p. 4654–4657.

- [92] F. Zhang y Y. Lian, "Electrocardiogram QRS detection using multiscale filtering based on mathematical morphology," en *2007 29th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, agosto 2007, p. 3196–3199.
- [93] D. Ebenezer y V. Krishnamurthy, "Wave digital matched filter for electrocardiogram preprocessing," *Journal of Biomedical Engineering*, vol. 15, núm. 2, p. 132–134, marzo 1993.
- [94] A. Ruha, S. Sallinen, y S. Nissila, "A real-time microprocessor QRS detector system with a 1-ms timing accuracy for the measurement of ambulatory HRV," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 44, núm. 3, p. 159–167, marzo 1997.
- [95] R. Poli, S. Cagnoni, y G. Valli, "Genetic design of optimum linear and nonlinear QRS detectors," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 42, núm. 11, p. 1137–1141, noviembre 1995.
- [96] M. Nygard y L. Sörnmo, "Delineation of the QRS complex using the envelope of the e.c.g." *Medical and Biological Engineering and Computing*, vol. 21, núm. 5, p. 538–547, septiembre 1983.
- [97] D. Benitez, P. Gaydecki, A. Zaidi, y A. Fitzpatrick, "A new QRS detection algorithm based on the hilbert transform," en *Computers in Cardiology 2000*, septiembre 2000, p. 379–382.
- [98] Z. H. Slimane y A. Nait-Ali, "QRS complex detection using empirical mode decomposition," *Digital Signal Processing*, vol. 20, núm. 4, p. 1221–1228, julio 2010.
- [99] S. Pal y M. Mitra, "Empirical mode decomposition based ECG enhancement and QRS detection," *Computers in Biology and Medicine*, vol. 42, núm. 1, p. 83 – 92, enero 2012.
- [100] Z. Zidelmal, A. Amirou, D. Ould-Abdeslam, A. Moukadem, y A. Dieterlen, "QRS detection using S-Transform and Shannon energy," *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, vol. 116, núm. 1, p. 1–9, agosto 2014.
- [101] P. Börjesson, O. Pahlm, L. Sörnmo, y M. Nygard, "Adaptive QRS detection based on maximum a posteriori estimation," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. BME-29, núm. 5, p. 341–351, mayo 1982.
- [102] L. Sörnmo, O. Paklm, y M. Nygard, "Adaptive QRS detection: A study of performance," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. BME-32, núm. 6, p. 392–401, junio 1985.

- [103] B.-U Kohler, C. Hennig, y R. Orglmeister, “QRS detection using zero crossing counts,” *Progress in Biomedical Research*, vol. 8, núm. 3, p. 138–145, septiembre 2003.
- [104] P. Trahanias y E. Skordalakis, “Syntactic pattern recognition of the ECG,” *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 12, núm. 7, p. 648–657, julio 1990.
- [105] E. Ciaccio, S. Dunn, y M. Akay, “Biosignal pattern recognition and interpretation systems,” *IEEE Engineering in Medicine and Biology Magazine*, vol. 12, núm. 3, p. 89–95, septiembre 1993.
- [106] A. S. Al-Fahoum, “Quality assessment of ECG compression techniques using wavelet-based diagnostic measure,” *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine*, vol. 10, núm. 1, p. 182–191, enero 2006.
- [107] M. Manikandan y S. Dandapat, “Wavelet energy based diagnostic distortion measure for ECG,” *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 2, núm. 2, p. 80–96, abril 2007.
- [108] V. Aggarwal y M. S. Patterh, “Quality controlled ECG compression using essentially non-oscillatory point-value decomposition (ENOPV) technique,” *Digital Signal Processing*, vol. 22, núm. 6, p. 878–884, diciembre 2012.
- [109] “ANSI/AAMI EC57: Testing and reporting performance results of cardiac rhythm and ST segment measurement algorithms,” 1998.
- [110] G. Strang y T. Nguyen, *Wavelets and Filter Banks*. Wellesley-Cambridge Press, 1996.
- [111] P. Vaidyanathan, *Multirate Systems and Filter Banks*. Prentice-Hall, 1993.
- [112] F. Cruz-Roldán, P. Amo-López, S. Maldonado-Bascón, y S. Lawson, “An efficient and simple method for designing prototype filters for cosine-modulated pseudo-QMF banks,” *IEEE signal Processing Letters*, vol. 9, núm. 1, p. 29–31, enero 2002.
- [113] F. Cruz-Roldán, P. Martín, J. Sáez-Landete, M. Blanco-Velasco, y T. Saramaki, “A fast windowing-based technique exploiting spline functions for designing modulated filter banks,” *IEEE Transactions on Circuits and Systems-I: Regular Papers*, vol. 56, núm. 1, p. 168–178, enero 2009.
- [114] S. Mallat y Z. Zhang, “Matching pursuits with time-frequency dictionaries,” *IEEE Transactions on Signal Processing*, vol. 41, núm. 12, p. 3397–3415, diciembre 1993.

- [115] C. Bazán-Prieto, M. Blanco-Velasco, J. Cárdenas-Barrera, y F. Cruz-Roldán, “Retained energy-based coding for EEG signals,” *Medical Engineering & Physics*, vol. 34, núm. 7, p. 892–899, septiembre 2012.
- [116] J. Chen, F. Wang, Y. Zhang, y X. Shi, “ECG compression using uniform scalar dead-zone quantization and conditional entropy coding,” *Medical Engineering & Physics*, vol. 30, núm. 4, p. 523–530, mayo 2008.
- [117] K. Sayood, *Introduction to Data Compression*. Morgan Kaufmann Publishers, 2000.
- [118] A. Alshamali y A. Al-Smadi, “Combined coding and wavelet transform for ECG compression,” *J. Med. Eng. Technol.*, vol. 25, p. 212–216, 2001.
- [119] A. Al-Shrouf, M. Abo-Zahhad, y M. S. Ahmed, “A novel compression algorithm for electrocardiogram signals based on the linear prediction of the wavelet coefficients,” *Digital Signal Processing*, vol. 13, núm. 4, p. 604–622, octubre 2003.
- [120] D. A. Huffman, “A method for the construction of minimum-redundancy codes,” *Proceedings of the Institute of Radio Engineers*, vol. 40, núm. 9, p. 1098–1101, 1952.
- [121] K. Skreeting, J. H. Husoy, y S. O. Aase, “Improved huffman coding using recursive splitting,” en *Norwegian Signal Processing Symposium, NORSIG*, septiembre 1999.
- [122] U. E. Ruttiman y H. V. Pipberger, “Compression of the ECG by prediction or interpolation and entropy encoding,” *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 26, núm. 11, p. 613–623, noviembre 1979.
- [123] G. Moody, R. G. Mark, y A. L. Goldberger, “Evaluation of the ‘TRIM’ ECG data compressor,” en *Computers in Cardiology*, septiembre 1988, p. 167–170.
- [124] 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. Peng, y H. E. Stanley, “PhysioBank, PhysioToolkit, and PhysioNet: Components of a new research resource for complex physiologic signals,” *Circulation*, vol. 101, núm. 23, p. 215–220, junio 2000.
- [125] G. B. Moody, R. G. Mark, y A. L. Goldberger, “PhysioNet: a web-based resource for the study of physiologic signals,” *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, vol. 20, núm. 3, p. 70–75, mayo–junio 2001.
- [126] C. Hernando-Ramiro, M. Blanco-Velasco, F. Cruz-Roldán, y F. Pedroviejo-Benito, “Efficient thresholding-based ECG compressors for high quality applications using cosine modulated filter banks,” en *33rd Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society, EMBC 2011*, agosto 2011, p. 7079–7082.

- [127] A. Alesanco, J. García, P. Serrano, L. Ramos, y R. S. H. Istepanian, “On the guarantee of reconstruction quality in ECG wavelet codecs,” en *Proc. of 28th IEEE EMBS Annual International Conference*, septiembre 2006, p. 6461–6464.
- [128] C. Bazán–Prieto, M. Blanco–Velasco, J. Cárdenas–Barrera, y F. Cruz–Roldán, “Analysis of tractable distortion metrics for EEG compression applications,” *Physiological Measurement*, vol. 33, núm. 7, p. 1237–1247, julio 2012.
- [129] M. Nakashizuka, K. Niwa, y H. Kikuchi, “ECG data compression by matching pursuits with multiscale atoms,” *IEICE Trans. Fundamentals*, vol. E84-A, núm. 8, p. 1919–1932, agosto 2001.
- [130] S. Shamekhi y M. H. Sedaaghi, “QRS detection based on matching pursuit algorithm,” en *17th Iranian Conference of Biomedical Engineering, ICBME 2010*, noviembre 2010.
- [131] G. D. Clifford, F. Azuaje, y P. E. McSharry, *Advanced Methods And Tools for ECG Data Analysis*. Artech House, Inc., 2006.
- [132] M. P. Tcheou, L. Lovisolo, E. A. da Silva, M. A. Rodrigues, y P. S. Diniz, “Optimum rate–distortion dictionary selection for compression of atomic decompositions of electric disturbance signals,” *IEEE Signal Processing Letters*, vol. 14, núm. 2, p. 81–84, 2007.
- [133] M. Yaghoobi, L. Daudet, y M. E. Davies, “Parametric dictionary design for sparse coding,” *IEEE Transactions on Signal Processing*, vol. 57, núm. 12, p. 4800–4810, 2009.
- [134] K. Engan, S. O. Aase, y J. H. Husøy, “Multi–frame compression: theory and design,” *Signal Processing*, vol. 80, núm. 10, p. 2121–2140, octubre 2000.
- [135] K. Skretting, K. Engan, y J. H. Husoy, “ECG compression using signal dependent frames and matching pursuit,” en *2005 IEEE International Conference on Acoustics, Speech, and Signal Processing, ICASSP 2005*, marzo 2005, p. 585–588.
- [136] Q. Tan, B. Fang, y P. Wang, “Improved simultaneous matching pursuit for multi–lead ECG data compression,” en *2010 International Conference on Measuring Technology and Mechatronics Automation*, marzo 2010, p. 438–441.
- [137] H. Zhang, C. Chen, Y. Wu, y P. Li, “Decomposition and compression for ECG and EEG signals with sequence index coding method based on matching pursuit,” *The Journal of China Universities of Posts and Telecommunications*, vol. 19, núm. 2, p. 92–95, abril 2012.

-
- [138] L. Lovisolo, E. A. da Silva, y P. S. Diniz, “On the statistics of matching pursuit angles,” *Signal Processing*, vol. 90, núm. 12, p. 3164–3184, diciembre 2010.
- [139] “ANSI/AAMI EC13: Cardiac monitors, heart rate meters, and alarms,” 2002.
- [140] F. Pedroviejo–Benito, M. Blanco–Velasco, F. Cruz–Roldán, y C. Hernando–Ramiro, “Detección del latido en señal cardíaca comprimida,” en *XXVI Simposium Nacional de la Unión Científica Internacional de Radio, URSI 2011*, septiembre 2011.