

Aplicación del algoritmo Matching Pursuit para la estimación del ritmo cardíaco en señales obtenidas mediante un sensor capacitivo

RESUMEN

A lo largo de este PFC, se ha implementado el algoritmo conocido como Matching Pursuit, sobre un registro de señales obtenidas a partir de un sensor en fase de desarrollo en el centro tecnológico KIT de la universidad de Karlsruhe. El objetivo de esta implementación es obtener la frecuencia cardíaca en un entorno de alta variabilidad de la señal.

Dicho sensor, denominado Sensor de Primeros Auxilios, cuyo objetivo es determinar si un paciente necesita que le sea aplicada técnicas de reanimación. Esto se determina a partir de la frecuencia respiratoria y cardíaca. El sensor se coloca en el agujero yugular y extrae una señal que es muy variante de un sujeto a otro y de la posición en la que se encuentre en el momento del análisis. Antes de la realización de este PFC, dado que había resultado imposible estimar la frecuencia por análisis espectral, se había implementado una red neuronal. Con el objetivo de simplificar el diseño del dispositivo, se propuso como PFC diseñar en MATLAB el algoritmo del Matching Pursuit, y analizar su comportamiento con el propósito de poder prescindir de dicha red.

En este PFC, se introducirá brevemente el contexto de la señal con la que se trabaja, se introducirá los fundamentos del algoritmo Matching Pursuit, y finalmente se explicará el proceso de integración en lenguaje MATLAB y los resultados y conclusiones obtenidos.

Índice general

1.- INTRODUCCIÓN	6
1.1.- Motivación	6
1.2.- Problemática y objetivo	7
1.3.- Trasfondo fisiológico	7
1.3.1.-El corazón	7
1.3.2.-El pulso	9
2.- EL SENSOR DE PRIMEROS AUXILIOS	10
2.1.- Introducción	10
2.2.- El modelo del sensor	10
2.3.- Modelo de procesamiento de la señal	13
2.3.1.- La señal	14
2.3.2.-La base de datos	16
3.- MATCHING PURSUIT	18
3.1.- Introducción	18
3.2.- Descomposición atómica en tiempo-frecuencia	19
3.3.- Diccionarios	22
3.4.- Matching Pursuit en espacios discretos utilizando el diccionario de Gabor	24
4.- IMPLEMENTACIÓN DEL ALGORITMO EN MATLAB	26
4.1.-Introducción	26
4.2.-Generador de diccionarios	26
4.3.-Criterio para los rangos	28
4.4.-El algoritmo Matching Pursuit	30
4.5.-Alternativas	36
5.-INFORME DE RESULTADOS	38
6.-DISCUSION	51
6.1.-Análisis de los resultados	51
6.2.-Propuestas para estudios futuros	52

Índice de figuras

1.1	Esquema del corazón	9
2.1	Método de medición con interfaz placa de metal-cuerpo	11
2.2	Pulso viajando por una vena y el sensor	11
2.3	Variación de la curva de resonancia y del voltaje asociado para un LC lineal	12
2.4	Variación de la curva de resonancia y del voltaje asociado para un LC no lineal	12
2.5	Esquemático del filtro paso-bajo	12
2.6	Esquemático de bloques del procesado de la señal	13
2.7	Ejemplo de señal de entrada al procesado de señal	14
2.8	Señal de entrada al procesado de señal (ejemplo 1)	15
2.9	Señal de entrada al procesado de señal (ejemplo 2)	15
2.10	Señal de entrada al procesado de señal (ejemplo 3)	15
2.11	Sensor situado en el agujero yugular	16
4.1	Representación de la energía residual restante tras la iteración nº: 31 para el registro de las señales	28
4.2	Variación del átomo según la fase	28
4.3	Variación de la ventana gaussiana del átomo para diferentes valores de escala	29
4.4	Representación de un átomo con envolvente constante variando la frecuencia de la señal moduladora	30
4.5	Representación de un fragmento de la señal antes y después de filtrar y de la parte filtrada	31
4.6	Representación en frecuencia de la señal eliminada por el filtro FIR	31
4.7	Representación de la señal original y del primer átomo seleccionado	33
4.8	Representación de la señal original tras la sustracción del átomo elegido	34
4.9	Representación de la señal original y la señal reconstruida a partir de los átomos obtenidos	34
4.10	Representación del residuo tras la iteración nº: 40	35
4.11	Representación de la energía residual para cada iteración	35
4.12	Muestra de una señal extraída de la base de datos	37

4.13	Átomo obtenido a partir de realizar la media del factor periódico de la señal	37
4.14	Frecuencia de cada señal indicada por la base de datos y la estimada por el algoritmo	39
4.15	Gráfica de Bland Altman para la primera estimación	40
4.16	Error de estimación medio por iteración ponderando el error con a_n	41
4.17	Error de estimación medio para cada iteración	41
4.18	Evolución del error mínimo de predicción medio según el número de iteraciones	42
4.19	Frecuencia de cada señal indicada por la base de datos y la estimada por el algoritmo usando las posiciones entre los átomos	43
4.20	Gráfica de Bland Altman usando las posiciones entre los átomos . .	43
4.21	Ejemplo de estructura periódica para una señal del registro	44
4.22	Representación de un átomo obtenido a partir de realizar la media del patrón repetitivo	45
4.23	Representación de la evolución del error mínimo de predicción medio según el número de iteraciones	46
4.24	Representación de la frecuencia de cada señal indicada por la base de datos y la estimada por el algoritmo	46
4.25	Gráfica de Bland Altman del error de estimación	47
4.26	Extracto de señal original y de muestra repetida	48
4.27	Ejemplo de la evolución del máximo de correlación a partir de la longitud de la muestra	49

Índice de tablas

Tabla 1: Registro de las señales obtenidas por el sensor	17
Tabla 2: Porcentaje del error de estimación obtenido para cada del registro	40
Tabla 3: Iteración óptima que minimiza el error de estimación y el valor mínimo correspondiente	42
Tabla 4: Iteración con la que se obtiene el error mínimo para cada señal y el valor de dicho error mínimo	45
Tabla 5: Evolución por iteración de la relación de energías	47
Tabla 6: Extracto de la tabla 4	47
Tabla 7: Porcentaje de error obtenido utilizando un umbral de parada	48
Tabla 8: Frecuencia estimada y error obtenido para cada señal	50

1.- INTRODUCCION

1.1-Motivación

Un gran número de los sanitarios dudan sobre la efectividad de la intervención de no expertos cuando se trata de diagnosticar y tratar una reanimación en casos de emergencia, aún contradiciendo la recomendación del Consejo Europeo de Resucitación [1].

Hoy en día, se demuestra que los primeros auxilios prestados por asistentes de accidentes a las víctimas inconscientes relacionados con estos, son insuficientes. Según una investigación realizada por el Hospital Universitario Benjamin Franklin en Berlín [2] , sólo el 14% de los testigos realizaron una reanimación cuando era necesaria, y según la Universidad de Mainz [3] , sólo el 45% de éstos fueron capaces de detectar el pulso de la víctima. Con estos datos, se puede concluir que apenas el 7% de todos los sujetos que necesitan reanimación, la reciben correctamente.

Por estas razones, en el Instituto Tecnológico de Karlsruhe, se inicia un proyecto que tiene por objetivo desarrollar un método para evaluar el estado respiratorio y cardiovascular de la víctima, con el fin de proporcionar apoyo en la decisión de reanimar. Además se busca diseñar un dispositivo manejable y portátil, el cual pueda estar disponible cuando sea necesario, como por ejemplo, en lugares públicos.

En este proyecto se desarrolla el sistema de sensado de primeros auxilios, el cual debería ser capaz de detectar y evaluar los parámetros vitales con el fin de decidir si el estado inconsciente de la víctima es crítico y por lo tanto, si se debe recomendar la aplicación de técnicas reanimación.

Este proyecto, se han analizado las señales obtenidas por un nuevo tipo de sensor, relacionando sus características con los parámetros fisiológicos pertinentes.

1.2-Problemática y objetivo

El sensor de primeros auxilios consta de 3 bloques principales:

Un sensor que transforma las variaciones de parámetros fisiológicos del sujeto en señales eléctricas, un sistema para la extracción de los parámetros relevantes de dicha señal eléctrica y finalmente un sistema de decisión.

Antes de la realización de este proyecto de fin de carrera, el sistema determinaba la necesidad de reanimación por medio de la extracción de parámetros frecuenciales y temporales de la señal eléctrica generada por el sensor (filtrada y digitalizada previamente) y posteriormente alimentando una red neuronal con dichos parámetros para que ésta realice la decisión. Una mejora que se está intentando implementar, es encontrar un sistema de análisis de estas señales eléctricas, para poder implementar el decisor sin necesidad de emplear una red neuronal.

Por ello, el objetivo de este proyecto fin de carrera es el de implementar el algoritmo conocido como “Matching Pursuit”, para caracterizar el conjunto de señales posibles que se pueden obtener del sensor y así determinar, en particular, la frecuencia respiratoria y el pulso, datos con los que se puede determinar si es necesario realizar la reanimación sin emplear una red neuronal. Anteriormente, ya se había probado diferentes métodos para conseguir este objetivo: análisis temporal, frecuencial, e incluso análisis tiempo-frecuencia (wavelets) sin resultado. Para poder testar las herramientas de análisis se dispone de una base de datos obtenida de pacientes utilizando el sensor del proyecto del sensor de primeros auxilios.

1.3- Trasfondo fisiológico

1.1.1- El corazón

El corazón es un músculo que consta de cuatro válvulas y de cuatro cámaras denominadas aurículas derecha/izquierda y ventrículos derecho/izquierdo. Con estas válvulas se consigue que la sangre fluya en un único sentido. Dichas válvulas han de abrirse y cerrarse de forma coordinada con la acción de bombeo por parte de la aurícula y los ventrículos.

Cada válvula consta de un conjunto de membranas que abren o sellan

la válvula. Esto permite que la sangre bombeada circule por las cámaras y hacia el torrente sanguíneo sin poder fluir en dirección contraria a la permitida por la válvula.

La sangre con baja concentración de oxígeno proveniente de la vena cava superior entra en la aurícula derecha hasta que esta se llena. Entonces, se produce la sístole auricular, donde las aurículas se contraen. En este instante la válvula tricúspide, que se encuentra entre la aurícula derecha y el ventrículo, se abre y cierra en intervalos cortos de tiempo. Esto permite que la sangre fluya al ventrículo derecho sin que esta vuelva a la aurícula.

Cuando el ventrículo derecho se llena, este se contrae (sístole ventricular). Entonces, la válvula pulmonar localizada entre el ventrículo derecho y la arteria pulmonar (válvula tricúspide) se abre y cierra rápidamente. De igual manera, con esto se consigue transportar la sangre a las arterias pulmonares sin que esta vuelva a entrar al ventrículo. A la vez que se desaloja sangre, vuelve a entrar más sangre por la válvula tricúspide. Finalmente la sangre expulsada del ventrículo derecho viaja por las arterias pulmonares para recoger oxígeno.

La sangre rica en oxígeno que viene de los pulmones entra a la aurícula izquierda a través de las venas pulmonares. Conforme se va llenando dicha aurícula de sangre, esta se contrae (sístole auricular). En este caso la válvula mitral se abre y cierra rápidamente para desplazar la sangre al ventrículo izquierdo. Así mismo, como pasaba en la aurícula, conforme el ventrículo se llena de sangre, se va contrayendo (sístole ventricular). Finalmente la válvula situada entre el ventrículo izquierdo y la aorta se abre y se cierra rápidamente, permitiendo transportar la sangre enriquecida con oxígeno al resto del cuerpo.

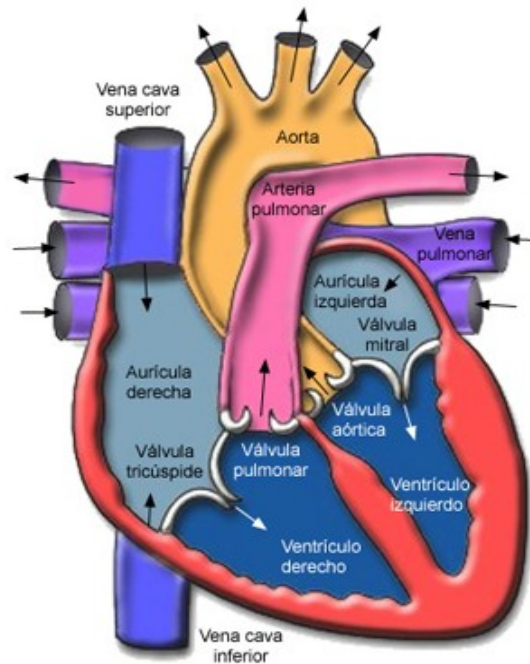


Fig. 1.1: Esquema del corazón.

1.1.2.- El pulso

Cuando se bombea la sangre por las arterias, se genera un pulso de presión, que se desplaza por ellas. Dichos pulsos se generan a una frecuencia determinada por el ritmo cardíaco, y son capaces de detectarse por el tacto a través de la piel.

La frecuencia cardíaca en reposo de un adulto ronda entre los 60 y las 100 pulsaciones por minuto.

2.- EL SENSOR DE PRIMEROS AUXILIOS

2.1.- Introducción

Como ya se comentó en la introducción, el sensor de primeros auxilios consta de dos partes diferenciadas: el sensor propiamente dicho y el sistema de procesamiento de la señal obtenida, que a su vez consta de un bloque para la extracción de características y otro de decisión.

Este sensor debería proporcionar a la salida indicaciones sencillas del tipo “pulso y respiración detectados”, “reanimación requerida” o “error” con el fin de que sea fácilmente entendible. Las prestaciones obtenidas por el sistema diseñado, antes de la realización de este proyecto eran:

- Sensibilidad (probabilidad de acertar casos positivos) del 92 %.
- Especificidad (probabilidad de acertar casos negativos) del 92 %.

2.2.- El modelo del sensor

El objetivo fundamental del sensor es reconocer parámetros vitales tal como el pulso y la respiración a partir de variaciones en el tejido superficial.

Se ha desarrollado un nuevo oscilador LC no lineal (NLC) para detectar estas variaciones [4]. Este oscilador (elemento sensor) se coloca en la proximidad de la piel y actúa como una antena para pulsos electromagnéticos para rangos cercanos. Los parámetros de oscilación del NLC, cambian según las variaciones en la superficie de la piel y a minúsculos cambios en la distancia entre el elemento sensor y la piel. Estos cambios pueden ser convertidos en variaciones proporcionales de una señal eléctrica.

En las siguientes figuras (Fig. 2.1 y Fig. 2.2) se muestra un esquema del circuito del sensor y del punto de contacto entre este sensor y la piel. Este sensor detecta los cambios más minúsculos en las capas superiores del cuerpo, en particular el movimiento del pecho debido a la respiración y a la

expansión de las venas sanguíneas debido al desplazamiento del pulso. La capa de piel y una fina placa de metal conforman los laterales del capacitor C_{position} . Variaciones en posición, volumen o densidad influyen en la capacitancia y, por lo tanto, en la frecuencia del circuito resonante LC (C_{position} y $C_{\text{Vol / Density}}$) y finalmente en su curva de resonancia.

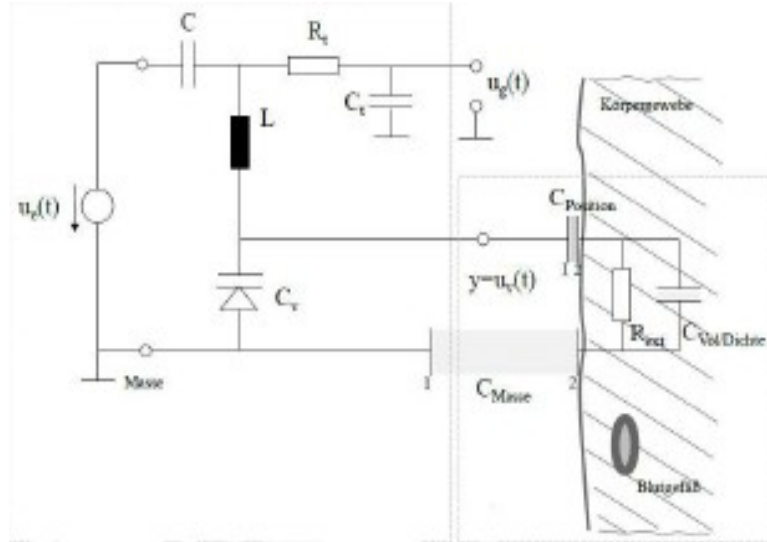


Fig. 2.1: Método de medición con interfaz placa de metal-cuerpo.

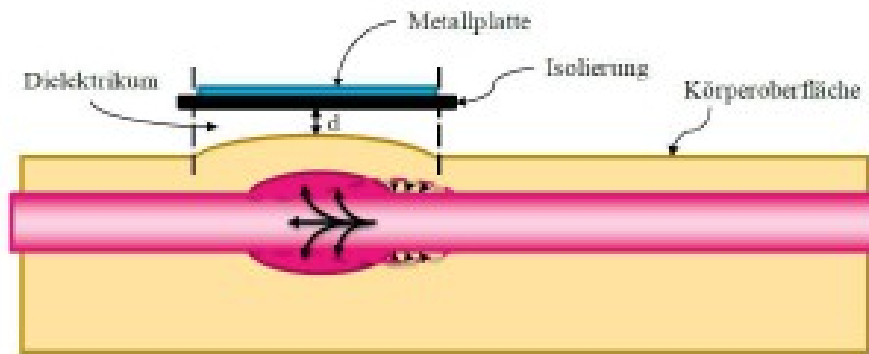


Fig. 2.2: Pulso viajando por una vena y el sensor.

Un cambio en la distancia d entre la piel y la placa de metal, como se ha comentado genera un cambio en la capacidad del capacitor, lo que al final repercute en un cambio en la frecuencia de resonancia, lo que se traduce en una variación del voltaje. Estas pequeñas variaciones en la frecuencia de resonancia, por el hecho de trabajar con un circuito resonante no lineal LC, producen unas variaciones grandes en voltaje. Además se configura dicho resonador para que se ajuste el punto de operación con el fin de realizar una posterior conversión A/D. En las siguientes figuras (Fig 2.3 y Fig 2.4), se

muestra un ejemplo de la variación de la curva de resonancia según una variación de la capacidad del sensor.

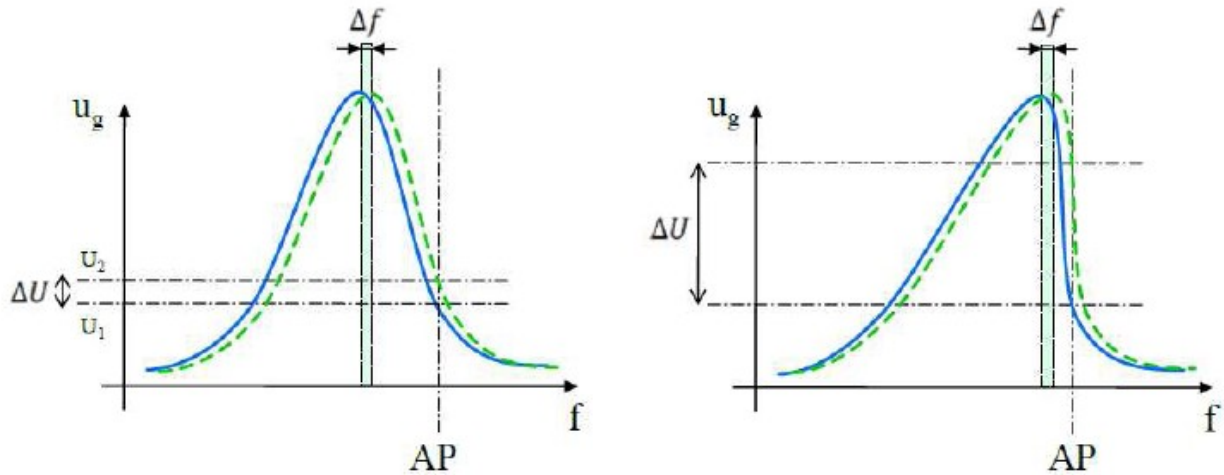


Fig. 2.3 y Fig. 12.4: Variación de la curva de resonancia y del voltaje asociado para un LC lineal y para un LC no lineal.

AP: Punto de operación.

Finalmente, la señal obtenida se introduce a una tarjeta conversora A/D que originalmente se usa para ampliar señales ECG. Además de amplificar la señal, se realiza un filtrado a 50 Hz (red eléctrica) junto con un filtrado paso-bajo de segundo orden con una frecuencia de corte de 30 Hz. La frecuencia de muestreo es de 100 Hz.

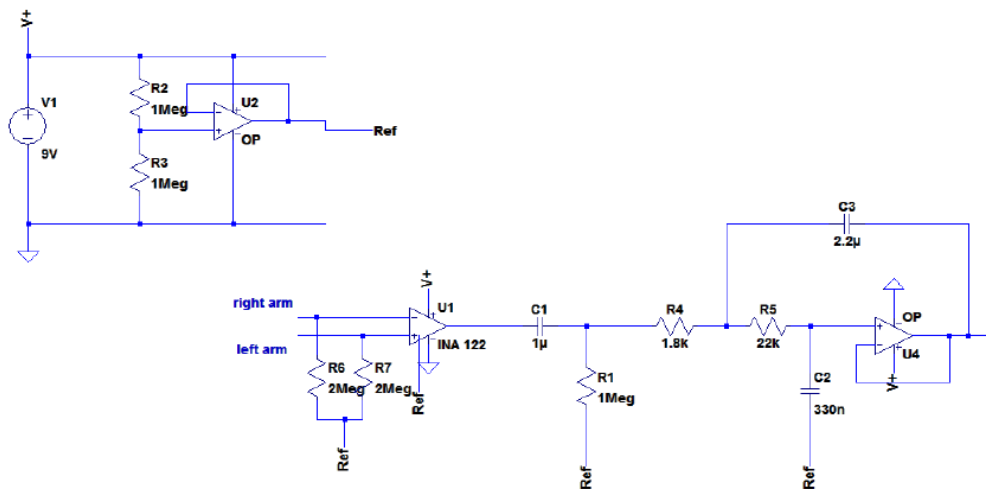


Fig. 2.5: Esquemático del filtro paso-bajo.

2.3.- Modelo de procesamiento de la señal

En el siguiente apartado se pasará a explicar sin profundizar en demasía, cómo se ha diseñado la parte de procesamiento de la señal del sensor, como manera de explicar el contexto donde se realizará este PFC [4].

Con otros tipos de sensor, analizando únicamente el espectro de la señal, se puede determinar el pulso y la frecuencia de respiración. Con la señal obtenida por el sensor descrito, en cambio, esto no ocurre. Por lo tanto se hacía necesario implementar un análisis multiparamétrico con variables como análisis tiempo-frecuencia, wavelets o el propio matching pursuit. Los resultados de dichos análisis alimentan una red neuronal, la cual toma la decisión pertinente, esto es, determinar si es necesario realizar RCP (Reanimación Cardio Pulmonar). La red neuronal, primero tiene una fase de entrenamiento para luego, ante nuevos datos, proporcionar los resultados. El factor de calidad de la red neuronal, proporciona información sobre la calidad de la decisión, con las dimensiones tiempo-frecuencia. Los artefactos debidos al movimiento se tienen en esta fase gracias a un sensor de aceleración. La salida del decisor tiene tres estados posibles:

- Recomendado RCP.
- No recomendado RCP.
- Baja calidad de la señal.

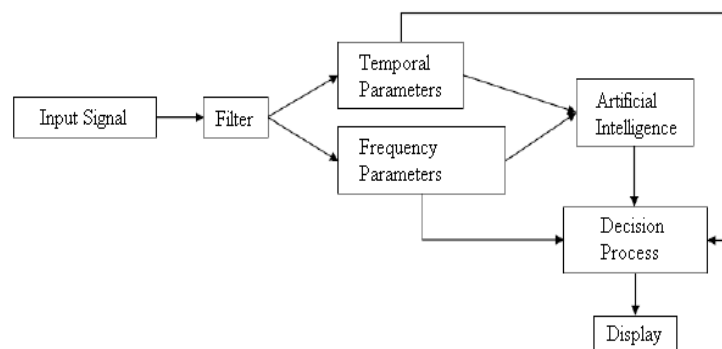


Fig. 2.6: Esquemático de bloques del procesamiento de la señal

Para poder mejorar la red neuronal, se extrajo información adicional de la señal (desviación estándar, energía de la señal, pendiente, varianza...) para luego introducirla en un clasificador. Esta clasificación se pudo efectuar

utilizando métodos sencillos de decisión como “vecino mas próximo” o “K-means”... Con esta incorporación se consiguió mejorar tanto la sensibilidad como la especificidad de la red. Todas estas mejoras fueron implementadas previamente al desarrollo de este PFC.

Como se ha mencionado antes, también se ha realizado un análisis matemático multiparamétrico de esta señal. Es importante recalcar que en esta línea de trabajo se encuentran las tesis doctorales de Tobias Lehr y Stefan Fernsner (director de este proyecto), siendo este último el director de este proyecto fin de carrera.

2.3.1.-La señal

Las señales analizadas son las obtenidas a la salida del conversor A/D y han sido almacenadas utilizando la aplicación LabView.

La señal puede, dependiendo de la posición del cuerpo y de la cabeza variar en gran medida, por lo que es un factor importante en tener en cuenta. La siguiente figura (Fig. 2.7) muestra una grabación de 30 segundos de un paciente saludable, tumbado y con la cabeza en posición natural. La curvas representa la respiración y los puntos indican la frecuencia del pulso.

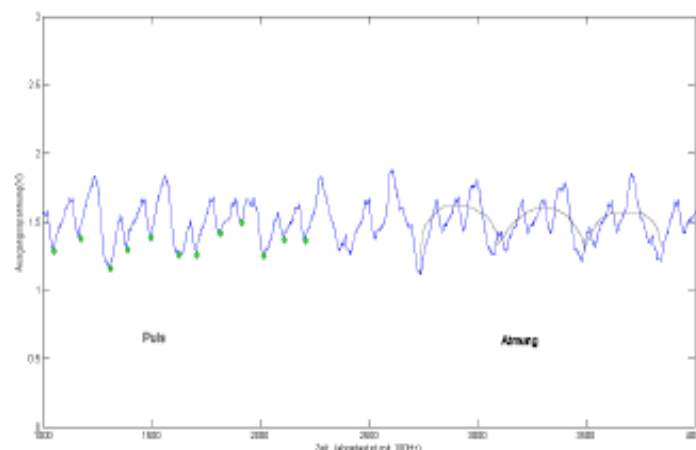


Fig. 2.7: Ejemplo de señal de entrada al procesado de señal.

Las señales obtenidas, además varían no sólo según la posición del sujeto, sino también de una persona a otra. En las siguientes figuras (Fig. 2.8, Fig. 2.9 y Fig. 2.10) se puede ver las diferencias morfológicas entre ejemplos al azar. Se puede apreciar que en estas casi no hay oscilación debido a la

contribución de la respiración. También se pueden ver las diferencias de amplitudes y de variación entre ambas. En la tercera se puede apreciar la falta de un elemento periódico con la cual se podría relacionar con la frecuencia cardíaca y además en la primera figura se puede la variación en amplitud del elemento periódico.

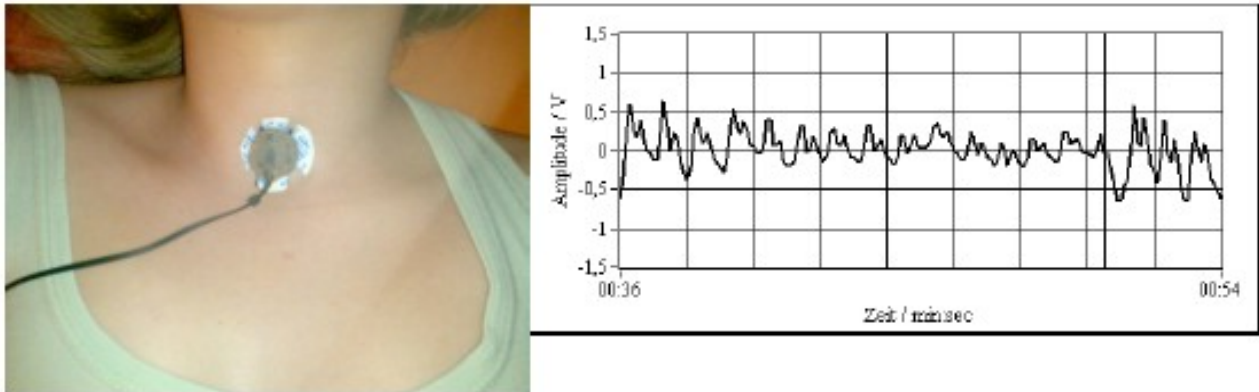


Fig. 2.8: Señal de entrada al procesado de señal (ejemplo 1).

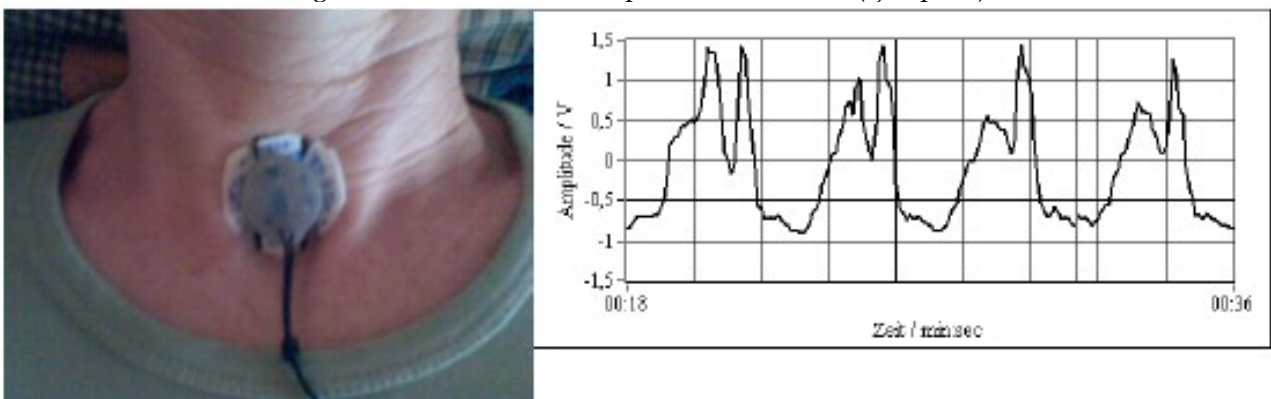


Fig. 2.9: Señal de entrada al procesado de señal (ejemplo 2).

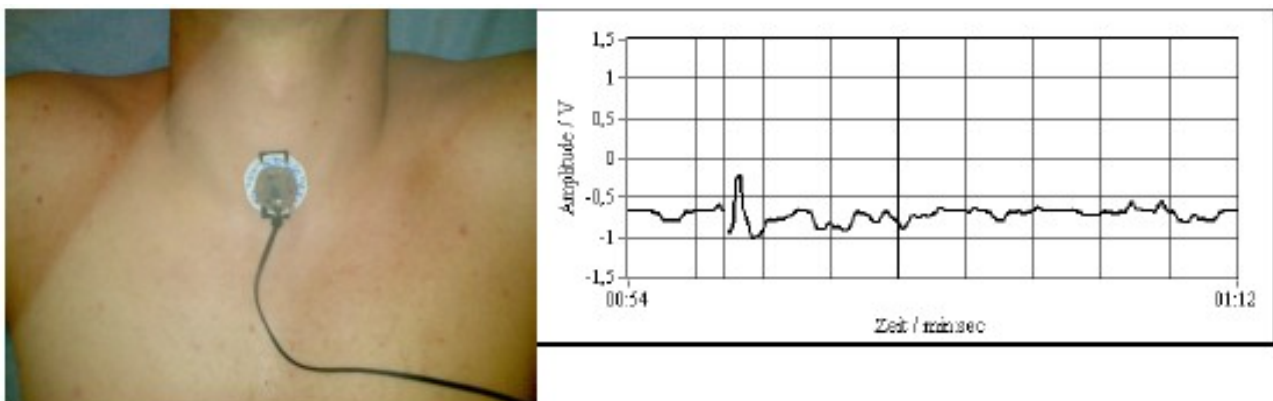


Fig. 2.10: Señal de entrada al procesado de señal (ejemplo 3).

2.3.2.-La base de datos

Para poder agilizar el rediseño del procesamiento de datos, se realizó una base de datos con la colaboración de voluntarios en el UniversitätsKlinikum de Heidelberg.

El primer objetivo de las medidas era analizar propiamente como se representaba la señal del pulso en el sensor oscilador no lineal LC. Dado que éste es un sistema novedoso de adquisición de la señal, no existen estudios previos sobre el desarrollo y la representación de dichos pulsos. El sensor se posiciona sobre el agujero yugular (Fig. 2.11).



Fig. 2.11: Sensor situado en el agujero yugular.

La base de datos contempló la adquisición de registros a partir de sujetos en diferentes posiciones y realizando diferentes actividades.

- Sentados: La medida fue realizada sobre 10 sujetos. Primero el sujeto se sentaba por un minuto, y luego la medida tomaba otro minuto. Se buscaba que el sujeto permaneciera tan calmado y relajado como fuera posible, ya que el sensor era sensible a movimientos.
- Conteniendo el aliento: Como se ha comentado, la señal consta de una contribución debida a la respiración y de otra debida al pulso, suponiendo en ausencia de artefactos. Durante esta medida, el sujeto para de respirar durante unos segundos, con lo que la señal recogida no sufre la influencia de la respiración. El objetivo de estas medidas era analizar la influencia de la respiración en la señal.
- Durante ejercicio físico: En estos casos, se trataba de medir la influencia de la presión sanguínea en el sensor a partir de una prueba física. El ejercicio consistía en montar una bicicleta estática, ya que presenta la mayor estabilidad en comparación con otros tipos de ejercicio.

La siguiente tabla (Tabla 1) muestra las características de las señales

capturadas que se usan en este trabajo.

	Pulse	Breathing	Position	Head position
Subject	bpm	bpm		
0-001	60	16	Bed	straight
0-002	61	15	Couch	straight
0-003	64	17	Bed	straight
0-004	90	27	Lied outside	straight
0-005	75	19	Lied outside	straight
0-006	80	13	Lied outside	straight
0-007	100	22	Lied outside	straight
0-008	88	16	Lied outside	straight
0-009	80	12	Mat	straight
0-010	61	18	Mat	straight
0-011	85	20	Mat	straight
0-012	83	22	Mat	straight
0-013	103	32	Mat	straight
0-014	95	18	Mat	straight
0-015	100	18	Mat	straight
0-016	70	18	Mat	straight
0-017	69	16	Mat	straight
0-018	87	11	Mat	straight
0-019	64	12	Mat	straight
0-020	70	20	Bed	straight
0-021	75	15	Bed	straight
0-022	68	11	Bed	straight
0-023	80	24	Bed	straight
0-024	86	15	Bed	straight
0-025	78	18	Bed	straight
0-026	58	10	Couch	straight
0-027	78	19	Couch	straight
0-028	90	13	Couch	straight
0-029	75	14	Couch	straight
0-030	78	17	Couch	straight
0-031	56	18	Couch	straight
0-032	54	16	Couch	straight
0-033	60	16	Couch	Lied on cushion
0-034	58	16	Couch	Lied on cushion
0-035	52	18	Couch	Lied on cushion
0-036	93	13	Couch	Lied on cushion
0-037	50	20	Couch	Lied on cushion

Tabla 1: Registro de las señales obtenidas por el sensor. Se especifica para cada sujeto, la frecuencia respiratoria, la frecuencia cardíaca, la posición del cuerpo y la posición de la cabeza.

3.-MATCHING PURSUIT

3.1.-Introducción

Tal como se ha ido mostrando hasta ahora, uno de los objetivos de mejora del proyecto del sensor de primeros auxilios, consiste en aumentar el rendimiento de la red neuronal proporcionando nuevas entradas a la red por medio del análisis multiparamétrico, incluso si fuera posible, poder prescindir de la red neuronal y utilizar un decisor más sencillo. Para conseguir esto, dado la variabilidad entre señales, se ha intentado aplicar análisis mas complejos de la señal, como la transformada de Fourier en tiempo-frecuencia o wavelets. Este trabajo, que fue realizado en un proyecto de fin de carrera anterior, llegó a la conclusión de que, con la utilización de wavelets, no se obtuvo ningún resultado que conllevara en una mejora del sistema. Por ello, se me encomendó la tarea de emplear el “Matching Pursuit”, cuya ventaja radica en que es capaz de sacar características locales de la señal, mientras que los sistemas empleados hasta el momento solo extraían características globales.

El algoritmo, a través de estas formas de onda, denominadas átomos, pueden proporcionar información explícita sobre un amplio rango de propiedades. Por lo tanto, puede proporcionar orientación sobre cuales son los elementos característicos que definen la señal analizada. Además, dado el gran abanico de patrones superpuestos contenidos en este tipo de señales complejas, junto con la necesidad de caracterizar, algunos de estos patrones de forma precisa, se impone la utilización de diccionarios redundantes (con gran cantidad de señales, que, en principio, no aportarían en conjunto más información) de tamaño considerable.

En muchos casos, combinaciones lineales como son la transformada de Fourier o wavelets, no son lo suficientemente flexibles: Una base de Fourier presenta problemas a la hora de representar funciones bien localizadas

temporalmente, mientras que las wavelets adolecen de este problema con respecto a señales de banda estrecha y dependen mucho de la wavelet seleccionada [5].

Por lo tanto, para poder trabajar con funciones con una gran variación de sus componentes de tiempo y de frecuencia, se necesita descomponer la señal en formas de onda que se adapten tanto en tiempo y en frecuencia de forma local utilizando una base redundante (base formada por elementos que no son linealmente independientes). Matching Pursuit es un algoritmo que escoge las formas de onda óptimas de un diccionario redundante, adaptadas también de forma óptima para descomponer una estructura de señal en una combinación no lineal de estas formas de onda [6]. Como analogía, se podría decir, que se intenta construir una frase a partir de palabras de un diccionario, la cual sea lo más parecida posible a la que se está analizando. Estas palabras intentarán tener el mismo o el mayor parecido posible a las de la frase original.

Una característica importante de este algoritmo es que a pesar de que no utiliza una base ortogonal, se garantiza la convergencia del método a través de la conservación de la energía.

También se podría entender el matching pursuit como un algoritmo que escoge la forma de onda (átomo) que más se aproxima a una parte local de la señal. Estos átomos se conforman a partir de la modulación, variación de la escala o traslación de una función tipo ventana. Estos átomos siguen una distribución de tipo Wiegner en tiempo-frecuencia. La suma de estas distribuciones individuales pueden proporcionar una buena representación de una señal en el plano tiempo-frecuencia.

3.2-Descomposición atómica en tiempo-frecuencia

Para poder realizar estas descomposiciones, se ha de cumplir una serie de requisitos de adaptabilidad. En este apartado se plantearán dichos requisitos [5].

La descomposición de señales en un conjunto de funciones bien definidas tanto en tiempo como en frecuencia, denominadas átomos, tiene numerosas aplicaciones en el campo de procesamiento de la señal y en el análisis de armónicos. Para extraer información de señales complejas, se hace necesario adaptar estas descomposiciones tiempo-frecuencia a las estructuras contenidas en dichas señales.

Una familia genérica de átomos puede construirse a partir del escalado, traslación y modulación de una única función ventana $g(t) \in L^2(\mathbb{R})$, siendo $g(t)$ real, diferenciable en todo $L^2(\mathbb{R})$. También se va a imponer que $\|g\|=1$, que la integral de $g(t)$ no es nula. A partir de esto, se define una función $g(t)$ que, para una escala $s > 0$, una frecuencia de modulación ξ y una traslación u :

$$g_y(t) = \frac{1}{\sqrt{s}} g\left(\frac{t-u}{s}\right) e^{i\xi t} \quad (1)$$

Además definimos el índice $y=(s,u,\xi)$ como un elemento del espacio $\Gamma = \mathbb{R}^+ \times \mathbb{R}^2$. El factor $\frac{1}{\sqrt{s}}$ normaliza a 1 la función $g_y(t)$.

Generalmente $g(t)$ es par, por lo que $g(t)$ se encuentra centrada en la abscisa u , y es proporcional a s . Se define $G(\omega)$ como la transformada de Fourier de $g(t)$:

$$G_y(\omega) = \sqrt{s} \hat{g}(s(\omega - \xi)) e^{-i(\omega - \xi)u} \quad (2)$$

Dado que $g_y(t)$ es par, $|\hat{g}_y(\omega)|$ también lo es, y por lo tanto $|\hat{g}_y(\omega)|$ se encuentra centrada a la abscisa frecuencial $\omega = \xi$. La energía de esta señal se encuentra, por lo tanto, concentrada en la vecindad de ξ , donde el tamaño de la dispersión de la energía es proporcional a $\frac{1}{s}$.

La familia $D = ((g_y(t)))_{y \in \Gamma}$ es altamente redundante, donde sus propiedades han sido estudiadas. Para poder representar de forma efectiva una función cualesquiera $f(t)$, se ha de seleccionar un subconjunto de átomos $(g_{y_n}(t))_{n \in \mathbb{N}}$ de tal manera que:

$$f(t) = \sum_{n=-\infty}^{+\infty} a_n g_{y_n}(t) \quad (3)$$

Dependiendo de qué átomos, $g_{y_n}(t)$, se hayan escogido, los coeficientes de expansión a_n proporcionan información de ciertas propiedades de $f(t)$.

Para señales altamente oscilatorias que incluyen gran variabilidad en su escala, no es posible definir, a priori, los límites tanto de escala como de modulación que definen los átomos tiempo-frecuencia $g_{y_n}(t)$ usados en la combinación. Se necesita, por lo tanto, seleccionar de forma adaptativa los elementos de un diccionario $D = g_y(t)_{y \in \Gamma}$, en función de las propiedades locales de $f(t)$.

Una vez introducida la problemática de la descomposición tiempo-frecuencia, se va a explicar el algoritmo que implementa dicha descomposición.

Se define un diccionario D como una familia de átomos o vectores $g_\gamma(t)_{\gamma \in \Gamma}$, los cuales pertenecen a un espacio de Hilbert H , de tal forma que $\|g_\gamma\|=1$. Supongamos un espacio lineal cerrado, el cual contiene el diccionarios de vectores. Un diccionario se puede considerar completo sí y solo sí la combinación lineal de los átomos tiempo-frecuencia contiene al espacio de Hilbert. Para un diccionario de átomos tiempo-frecuencia, $H = L^2(\mathbf{R})$ y cada átomo $g_\gamma(t)_{\gamma \in \Gamma}$ queda definido por la ecuación (3):

Sea un $f \in H$ (f correspondiente a una señal a analizar). Se busca una combinación lineal de f sobre un conjunto de átomos escogidos de D , de tal manera que se consigue la máxima similitud con la estructura interna de f . Esto se puede conseguir a partir de la aproximación recurrente de f con las proyecciones ortogonales de los elementos en D . Entonces, como primer paso, f puede ser descompuesta en:

$$f = \langle f, g_{\gamma_0} \rangle g_{\gamma_0} + Rf \quad (4)$$

$$\langle f, g_{\gamma_0} \rangle = \int_{-\infty}^{\infty} f(t) g_{\gamma_0} dt \quad (5)$$

Rf es el vector residuo obtenido tras la aproximación de f en la dirección de g_{γ_0} . Dado que g_{γ_0} es ortogonal a Rf :

$$\|f\|^2 = \langle f, f \rangle = |\langle f, g_{\gamma_0} \rangle|^2 + \|Rf\|^2 \quad (6)$$

Para poder minimizar el residuo $\|Rf\|$, se debe escoger un $g_{\gamma_0} \in D$ tal que $|\langle f, g_{\gamma_0} \rangle|$ sea máximo. Es decir, se ha de encontrar un átomo g_{γ_0} tal que cumpla la condición:

$$|\langle f, g_{\gamma_0} \rangle| \geq |\langle f, g_\gamma \rangle|, \text{ para todo } \gamma \quad (7)$$

El algoritmo Matching Pursuit subdescompone el residuo Rf , proyectando este sobre un vector o átomo en D , que se asemeja lo más posible a Rf , de la misma manera que se hizo con f . Este proceso se repite con cada nuevo residuo obtenido, hasta que se cumpla una cierta condición

establecida, como, por ejemplo, llegar a un número N de átomos o un valor concreto de la relación $\|R^n f\| / \|f\|^2$.

En definitiva, el Matching Pursuit se implementa de la siguiente manera:

1. Se define $R_0 f = f$.
2. Suponiendo que se calcula el residuo de orden n : $R^n f$, con $n \geq 0$, se tiene que elegir un elemento $g_\gamma \in D$ que se asemeje lo máximo posible al residuo $R^n f$, este g_γ ha de cumplir la siguiente condición:

$$| \langle R^n f, g_{\gamma_n} \rangle | = \sup_{\gamma \in \Gamma} | \langle R^n f, g_\gamma \rangle | \quad (8)$$

$\langle R^n f, g_\gamma \rangle$ mide la similitud entre sus factores.

3. Entonces, el residuo $R^n f$ se descompone en:

$$R^n f = \langle R^n f, g_{\gamma_n} \rangle g_{\gamma_n} + R^{n+1} f \quad (9)$$

En esta igualdad se define el residuo para $n+1$.

Esta ya probado que para $n \rightarrow \infty$, $\|R^n f\| \rightarrow 0$.

En esta situación f vale:

$$\sum_{n=0}^{N-1} \langle R^n f, g_{\gamma_n} \rangle \quad (10)$$

3.3-Diccionarios

Como se ha comentado antes, el comportamiento del algoritmo va a depender de los elementos que conforman el diccionario.

Un diccionario es una colección de formas de onda parametrizadas:

$$D = (g_\gamma : \gamma \in \Gamma) \quad (11)$$

Dependiendo del diccionario utilizado, el parámetro γ se puede interpretar como un índice de frecuencia, en cuyo caso nos encontraríamos ante un diccionario frecuencial o diccionario de Fourier; también es posible realizar diccionarios tiempo-escala o diccionarios tiempo-frecuencia [7].

Dependiendo del número de átomos contenidos en el diccionario, podemos encontrar diccionarios completos con N átomos, siendo N el número de átomos con el cual se puede decir que se caracteriza completamente a la señal, sobrecompletos con más de N átomos y

subcompletos. También existen los diccionarios continuos, el cual contienen un número infinito de átomos.

Aunque existe una gran cantidad de diccionarios propuestos, se van a exponer los más relevantes:

- **Diccionarios triviales:** En este tipo entran los diccionarios más simples. Aquí se encuentra el diccionario de Dirac, el cual es una colección de formas de onda que valen cero excepto en un único punto o el diccionario de Heaviside, que esta conformado por un conjunto de ondas “escalón”, las cuales saltan en un determinado punto cada vez. Para el diccionario de Heaviside los átomos de este diccionario ya no conforman una base ortogonal, pero se puede conseguir que para una señal exista una representación a partir de la combinación de los átomos.
- **Diccionarios frecuenciales:** En este grupo se encuentra el diccionario de Fourier, el cual es una colección de formas de onda sinusoides, indexadas a partir de $\gamma = (\omega, \nu)$, donde $\omega \in [0; 2\pi)$ se define como la frecuencia angular, y la variable $\nu \in \{0,1\}$ determina el tipo de fase, este diccionario conforma una base, ya que todos sus átomos son mutuamente ortogonales.

Como ejemplo, un diccionario sobrecompleto de Fourier se obtiene a partir de sobremuestrear las frecuencias.

- **Diccionarios tiempo-escala:** En este conjunto un tipo de diccionario es el de Wavelets, este diccionario se compone de una colección wavelets trasladados y escalados. La indexación se realiza a partir de $\gamma = (a, b, \nu)$, donde $a \in (0, \infty)$ es la variable de escala, $b \in [0; n]$ indica posición y $\nu \in \{0,1\}$ indica el género:

$$g_{(a,b,1)} = \varphi(a(t - b)) \sqrt{a} \quad g_{(a,b,0)} = \psi(a(t - b)) \sqrt{a} \quad (12)$$

Se obtiene entonces un diccionario con n átomos, a la vez que se genera una base ortonormal. Se pueden conseguir otros diccionarios tipo wavelets realizando variaciones a esta base. Las más destacadas son utilizando splines de wavelets definidas a partir de relaciones de filtrado a dos escalas. Esto conlleva a reglas de construcción más complicadas, pero mantiene la misma estructura de indexado, o, en otras palabras, se aplica de la misma manera en el algoritmo.

- **Diccionarios Tiempo-Frecuencia:** Una evolución del análisis de señales se centra en el estudio de los fenómenos en tiempo-frecuencia. Uno de los ejemplos más extendidos, es el diccionario de Gabor. Este trabaja con un indexado $\gamma = (\omega, \tau, \theta, \delta t)$, donde $\omega \in [0, \pi)$ determina la frecuencia, τ determina la posición, θ la fase y s la duración del átomo:

$$g_{\gamma}(t) = e^{-\frac{(t-\tau)^2}{s^2}} \cdot \cos(\omega(t-\tau) + \theta) \quad (13)$$

Estos átomos concentran su energía en frecuencias cercanas a ω y tienen una extensión considerable en tiempo. Para generar diccionarios de Gabor discretos para análisis tiempo frecuencia, se generan una $\omega_k = k\Delta\omega$ y una $\tau_l = l\Delta\tau$, y una $\theta \in \{0, \pi/2\}$, donde $\Delta\tau$ y $\Delta\omega$ son lo suficientemente pequeños como para considerar los diccionarios completos.

Este va a ser el diccionario con el que se va a realizar el análisis de las señales en este proyecto fin de carrera. Se va a generar además una variación de s , $s_u = u\Delta s$, que nos permitirá analizar la señal incluso para diferentes escalas.

- **Otros diccionarios :** Siempre es posible juntar diccionarios para crear megadiccionarios, ya que la redundancia en estos no es perjudicial para el algoritmo.

Una vez introducido de forma general el algoritmo y posibles diccionarios implementado en este, se va a analizar de forma más extensa el comportamiento del Matching Pursuit utilizando diccionarios de Gabor:

3.4.- Matching Pursuit en espacios discretos utilizando el diccionario de Gabor

Para poder trabajar en espacio discretos, habrá que discretizar todos los parámetros relacionados que conforman los átomos pertenecientes a un diccionario de Gabor. Tal como se comenta en el apartado anterior, un átomo perteneciente al diccionario de Gabor está compuesto por una ventana gaussiana modulada a una frecuencia determinada. Sea la función $g(t)$ es la ventana de Gauss normalizada:

$$g(t) = 2^{\frac{1}{4}} e^{-\frac{\pi}{t^2}} \quad (14)$$

Para obtener una señal discreta, a cualquier escala s , se muestrea la ventana de Gauss empleando un periodo de muestreo T_s , obteniendo $g(n)$. Incluyendo el factor de escala s y el desplazamiento p se obtiene:

$$g_s(n) = K_s g\left(\frac{n-p}{s}\right) \quad (15)$$

La constante K_s normaliza la norma g_s . El parámetro p determina el desplazamiento del átomo con respecto al origen de la señal a analizar discreta. Se define $\gamma = (s, p, f, \phi)$, siendo $\phi \in [0, 2\pi]$ la fase del átomo, como el índice del átomo y se define el átomo tiempo-frecuencia discreto de Gabor como:

$$g_{(\gamma, \phi, p, f)}(n) = K_s g_s(n-p) \cos(2\pi f(n-p)n + \phi) \quad (16)$$

4.-IMPLEMENTACIÓN DEL ALGORITMO EN MATLAB

4.1- Introducción

La programación del algoritmo se divide en dos fases: Construcción de un programa que nos genere unos diccionarios de acuerdo con algunos de los ejemplos citados en el anterior capítulo, y luego la programación del algoritmo en sí. El primer programa es capaz de generar un diccionario de Gabor para múltiples escalas, frecuencias, desplazamientos y fases. Además se incluyó la posibilidad de generar diccionarios utilizando otras ventanas diferentes de la gaussiana. Como objetivo de simplificar los cálculos necesarios, se implementó una ventana rectangular, por lo que dentro de cada átomo no existiría modulación de amplitud, aunque sí de escala. También como experimento se implementó una ventana triangular. Del algoritmo que implementa Matching Pursuit, se obtiene tanto el átomo escogido, con su factor modulador a_n , así como su posicionamiento. A partir de estos datos, se implementaron diferentes análisis con el objetivo de obtener la frecuencia cardíaca. Así pues, se intentó relacionar el pulso con los parámetros que definen al átomo, como su frecuencia de modulación, factor de escala, a_n ... Por otro lado se realizó un análisis con las posiciones de los átomos entre sí con el fin de hallar una relación entre la distancia entre ellos y la frecuencia cardíaca.

4.2.-Generador de diccionarios

La problemática principal para el algoritmo radicaba en elegir qué parámetros se iban a considerar como variables, ya que cada nuevo parámetro implica trabajar con matrices con una dimensión mas: La manera

mas eficiente y ordenada de trabajar con un diccionario, es considerar este como una matriz, donde cada variable que define un átomo es una nueva dimensión de esta. Como requisito inicial a la hora de realizar el proyecto, el coordinador del proyecto decidió que se implementara un diccionario de Gabor, ya que con el se podrían implementar análisis tiempo-frecuencia con los que caracterizar a la señal. La problemática de este diccionario radica en la gran cantidad de datos que se tienen que computar, a la hora de atravesar el diccionario realizando correlaciones con la señal buscando el átomo óptimo.

El espacio de parámetros del diccionario generado consta de 4 dimensiones: escala, frecuencia, desplazamiento temporal y fase $\gamma = (\omega, \tau, \theta, s)$:

$$g_{\gamma}(n) = e^{-\frac{(n-\tau)^2}{s^2}} \cos(\omega(n-\tau) + \theta) \quad (18)$$

Como ya se ha comentado, será necesario trabajar con matrices de 4 dimensiones, donde en cada dimensión se tendrá la variación de cada parámetro.

Para poder representar los átomos en un escenario discreto, se hace necesario determinar tanto el rango, como el número de puntos necesarios para cada variable. Es importante caracterizar bien el número de puntos, ya que van a determinar el tamaño de la matriz, y en consecuencia, el número de operaciones a realizar por iteración, y por lo tanto, el tiempo de computación necesario.

La elección de los rangos de las variables se realizó mediante un proceso de prueba y error, experimentando con el propio algoritmo matching pursuit. Un detalle importante, es que no se podía experimentar con una sola variable, con el fin de optimizar los resultados: existe correlación entre los parámetros que definen el átomo. El criterio que se escogió para determinar la mejora de una elección de rango de variables sobre otro, fue la energía residual resultante después de ejecutar el algoritmo durante un número fijo de iteraciones. Si se consigue una reducción de energía después de una variación de los rangos, es que se ha conseguido mejorar el rendimiento del algoritmo del matching pursuit: se caracteriza la señal mejor con una combinación no lineal de un menor número de átomos. También hay que tener en cuenta el valor de la ventana temporal sobre la que vamos a representar el átomo, el cual no hay que confundir con el factor de escala s que determina la anchura de la ventana del átomo, y por extensión la anchura de este.

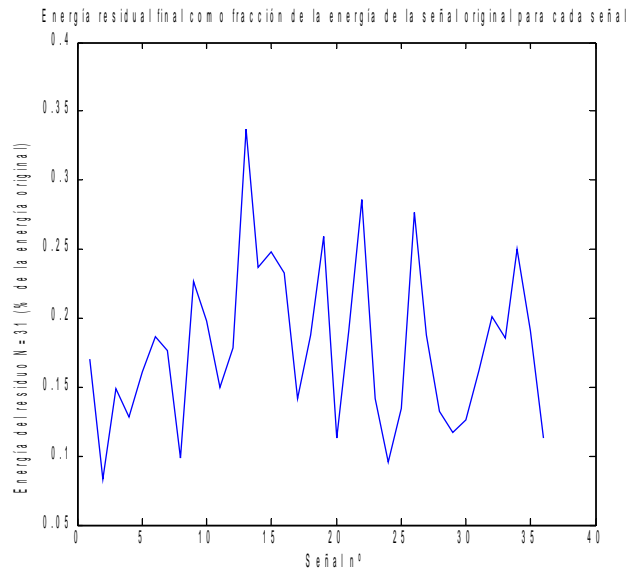


Fig. 4.1: Representación de la energía residual restante tras la iteración nº: 31 para el registro de las señales.

Energía residual media=17,92 % de la original.

4.3.- Criterio para los rangos

- Fase (θ): El rango de valores es $[-\pi, \pi]$. Utilizando un vector de pequeño tamaño (de 20 elementos), es suficiente como para caracterizarlo.

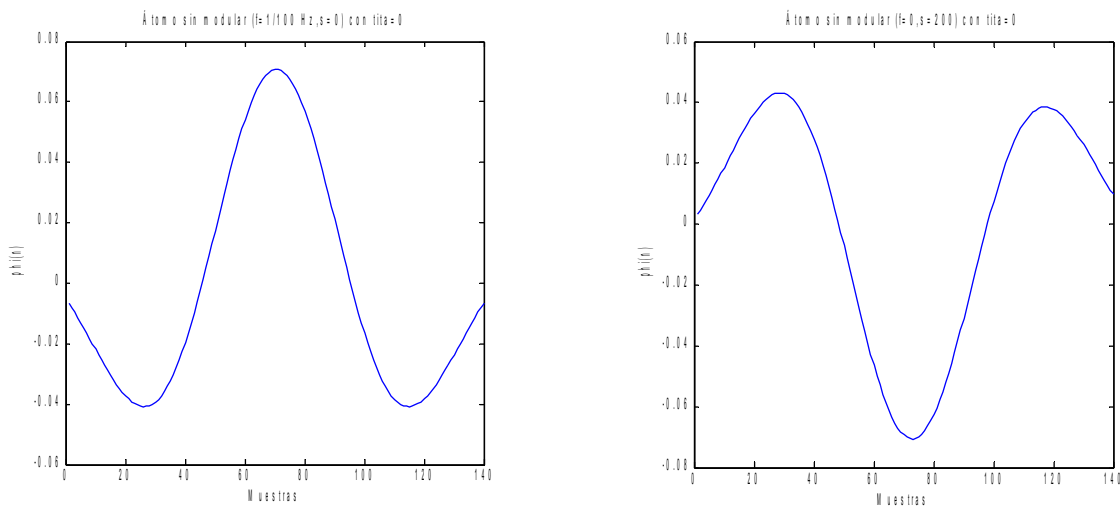


Fig. 4.2: Variación del átomo según la fase.

- Desplazamiento (τ): Indica la posición del átomo dentro de la señal a analizar. Viene determinado por el punto donde la correlación entre el átomo y la señal es máximo. Este parámetro se determina entonces

durante la aplicación del algoritmo.

- Escala (s): Este parámetro determina la anchura de la ventana que conforma el átomo. Para valores de s muy pequeños, se puede conseguir que la ventana funcione casi como una delta de Dirac, y, para valores muy altos, que la ventana sea cuasi-rectangular, que casi no varíe el valor ente $[0, T]$, siendo T la longitud del vector tiempo en la que se van a alojar todos los átomos. Por lo tanto los valores escogidos van de 0.01 a 500.

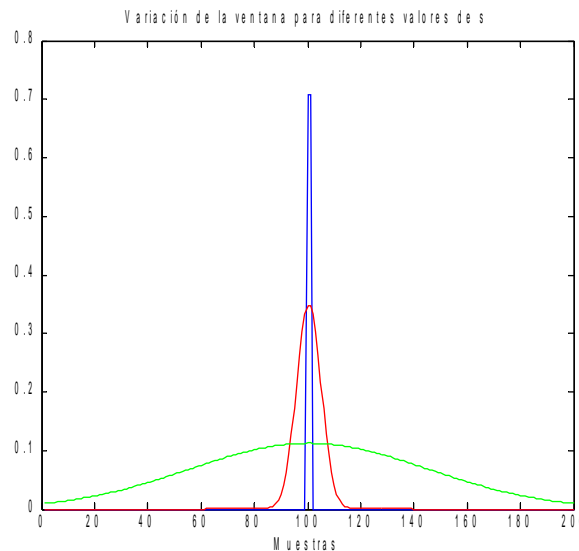


Fig. 4.3: Variación de la ventana gaussiana del átomo para diferentes valores de s .

- Tiempo (n)/ Tamaño (T): Representa el índice de tiempos. El vector de tiempos, como ya se ha indicado antes va de 0 a T . Para determinar el tamaño mínimo de átomos se tomo en consideración el tiempo máximo entre las señales del pulso que llegan al sensor. Este tiempo es inversamente proporcional a la frecuencia cardíaca. Observando la base de datos, las señales más lentas tienen una frecuencia cardíaca mayor de 50 pulsaciones por minuto, que traducido en número de muestras entre pulsaciones, obtenemos 120 muestras/pulsación. Se ha escogido una anchura de átomo de 140, la cual da cierto margen de variación. Se tiene que tener en cuenta que, a mayor T , se incrementa en gran medida el tiempo de computación, por lo que no se puede escoger todo lo grande que se quiera.
- Frecuencia (ω): Determina la frecuencia del coseno que modula la ventana. El rango que se ha escogido es $[0, 5]/F_s$, ya que valores sobre 5

no proporcionan ninguna información adicional en ningún caso.

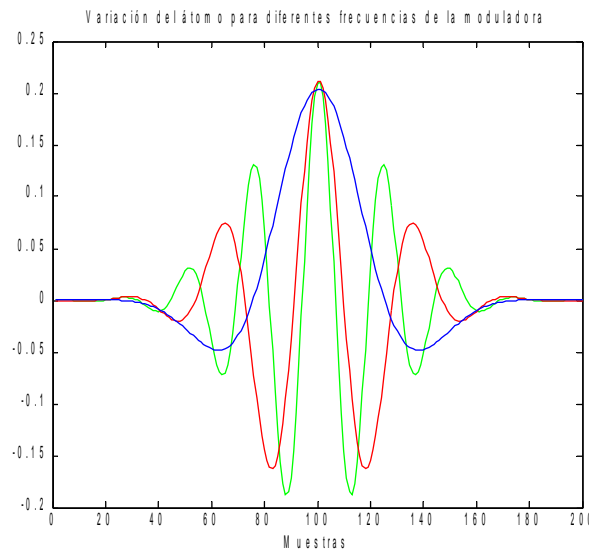


Fig. 4.4: Representación de un átomo con envolvente constante variando la frecuencia de la señal modulador.

Otro factor a tener en cuenta es el número de puntos a tener en cada vector. MATLAB tiene un límite en cuanto a espacio de memoria que se puede manejar, por lo que además del tiempo de computación tenemos que tener en cuenta la distancia entre índices de una misma variable.

4.4-El algoritmo de Matching Pursuit

En este apartado se comentara de forma esquemática cómo se a implementado el matching pursuit como una función implementable en MATLAB.

La primera fase del algoritmo es filtrar la señal con el fin de obtener la frecuencia cardíaca sin la influencia de la frecuencia respiratoria. Esto se puede obtener fácilmente por medio de filtrar la señal con un filtro FIR paso alto con frecuencia de corte $f_c=0,8$ Hz. Es importante recalcar, que este filtrado está diseñado para el conjunto de señales que tenemos en el banco de datos. En una situación donde tendríamos que analizar pacientes en una situación que requiriera reanimación, habría que implementar un filtrado adaptativo, o analizar el comportamiento del ritmo cardíaco en condiciones más adversas. Una mala elección de este filtrado podría enmascarar la propia señal proveniente del pulso. Con un filtro FIR de orden considerable ($N=100$), se

consigue extraer la componente debida a la respiración de la señal. Hay que tener en cuenta también que la señal de salida sufre un retardo proporcional a la longitud del filtro tal que $\tau=N/2=50$ muestras. A continuación se muestra un ejemplo gráfico(Fig. 4.5 y Fig 4.6) de obtención de la frecuencia respiratoria, para la señal 14 en la base de datos:

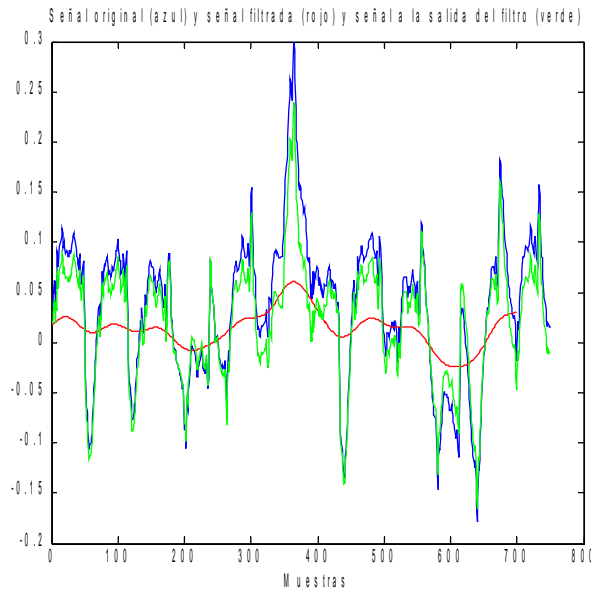


Fig. 4.5 Representación de un fragmento de la señal antes y después de filtrar y de la parte filtrada.

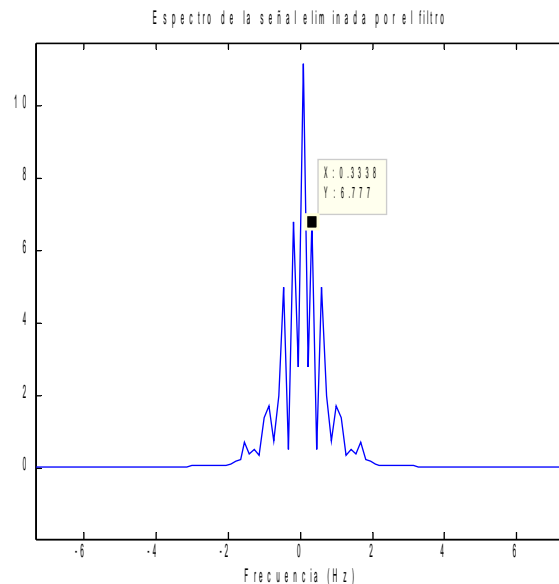


Fig. 4.6: Representación en frecuencia de la señal eliminada por el filtro FIR de orden 100 con respecto a un fragmento de 8 segundos de la señal 014. Se puede ver en frecuencia un pico dominante (obviando al componente continua) que coincide de forma muy aproximada con lo estimado en la base de datos $F_{resp}=0,33*60=20,03$ rpm. $\{z(n),Z(w)\}$ se ha obtenido de sustraer la señal filtrada de la original retardada:

$$z(n)=x(n)*h(n)-x(n-\frac{N}{2}) \quad (17)$$

Necesitamos encontrar una función f que sea lo más parecido posible a la señal original como una combinación no lineal de una serie de átomos escogidos de un diccionario. Esta función f , se construye como un sumatorio de productos de átomos y factores α_g donde $\gamma = (s, \omega, \tau, \theta)$ es el índice de átomo para cada iteración:

$$f = \sum_{\gamma \in \Gamma} \alpha_{\gamma} g_{\gamma} \quad (18)$$

Los átomos se escogen de entre un conjunto generado anteriormente denominado “diccionario”. Como se comenta en el capítulo 3, el matching pursuit es un algoritmo iterativo. En cada iteración, se encontrará el átomo óptimo g y se multiplicará por el factor a , tal que la multiplicación de ambos genere una forma de onda que sea lo más parecida posible a un fragmento de la señal a analizar. El siguiente paso consiste en sustraer dicha forma de onda de la señal, para obtener una señal residuo. Para este residuo obtenido se volverá a buscar la combinación entre un nuevo átomo seleccionado y un nuevo factor a y a obtener un nuevo residuo y así sucesivamente.

Como todo algoritmo iterativo, hay que definir unas condiciones de parada. Para este algoritmo se definen como condición tanto un número prefijado de átomos obtenidos o iteraciones realizadas, obtener un residuo cuya energía llegue a cierta fracción de la energía de la señal original o que se obtenga un decaimiento de la energía residuo respecto a una fracción de la señal original.

Para este proyecto se usaron fragmentos de 8 segundos de la señal original, a petición del director de proyecto, ya que el sistema entrenador se ha configurado con fragmentos para ese número de muestras.

Finalmente el pseudocódigo del algoritmo para MATLAB:

- Generamos el diccionario de átomos.
- Cargamos un fragmento de 8 segundos.
- Lo filtramos.
- Reestructuramos la matriz Diccionario para que pase de $T \times \text{long}(s) \times \text{long}(f) \times \text{long}(\theta)$ a $T \times \text{long}(s) \times \text{long}(f) \times \text{long}(\theta)$.

- Rx^0 =señal filtrada.
- E =norma 2 de Rx .
- Desde $n= 1$ a numero de iteraciones máximo (N)
 - Desde $i=1$ a $\text{long}(s)\text{long}(f)\text{long}(\theta)$
 - Vector U = correlación señal filtrada átomo i .
 - fin
- Con esto hemos calculado una matriz de correlaciones entre la señal y todos lo átomos posibles.-
- Generamos matriz con valor los máximos de estas correlaciones y su posición con respecto a la señal correlada.
- Elegimos el máximo de entre los máximos anteriores y su posición.
- Según su posición en la matriz de máximos, podemos reestructurar los índices de la matriz $T \times \text{long}(s) \times \text{long}(f) \times \text{long}(\theta)$ para así saber cual es el átomo con el cual se correlaba.-
- $\alpha \cdot g_v$ =Máximo de máximos/átomo en posición.
- $Rx^n = Rx^{n-1} - \alpha \cdot g_v$
- $E2$ =norma 2 de Rx^n
- Si $E2 < \%E$
 - Paro del algoritmo.
- fin

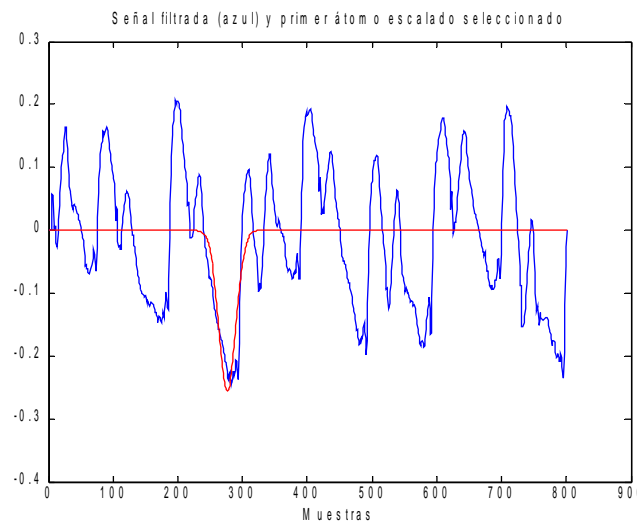


Fig. 4.7: Representación de la señal original (azul) y del primer átomo seleccionado (rojo) multiplicado por el coeficiente de expansión a_0 .

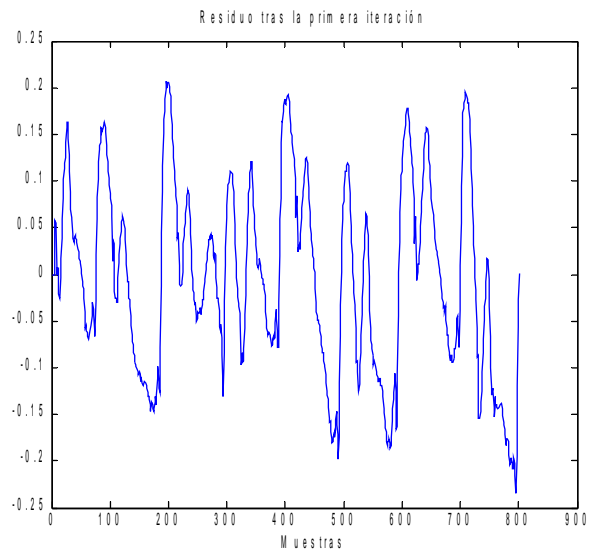


Fig. 4.8: Representación de la señal original tras la sustracción del átomo elegido. Esta señal es también el primer residuo.

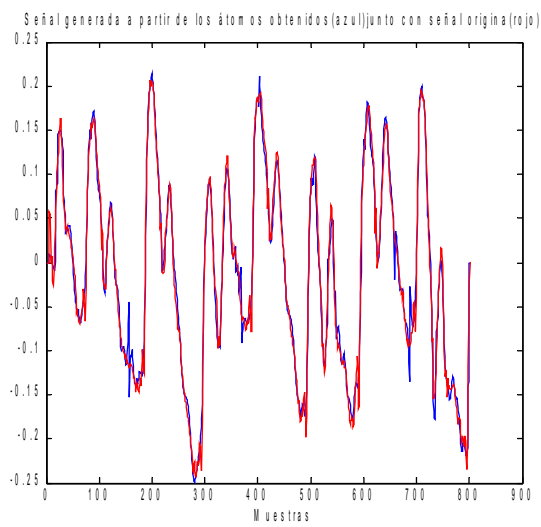


Fig. 4.9: Representación de la señal original y la señal reconstruida a partir de los átomos obtenidos.

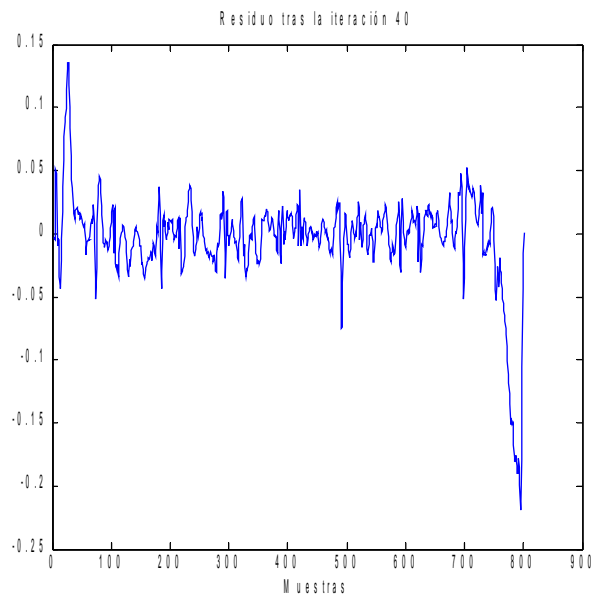


Fig. 4.10: representación del residuo tras la iteración n°: 40.

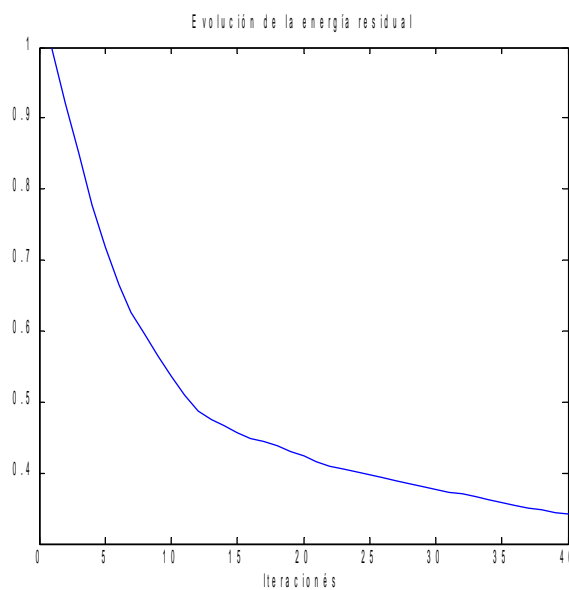


Fig. 4.11: Representación de la energía residual para cada iteración.

Las primeras conclusiones obtenidas a partir del propio proceso de desarrollo del algoritmo es que, a partir de un número determinado de iteraciones, para poder conseguir los niveles anteriores de decrecimiento de la energía residual, se va a necesitar un número aún mayor de iteraciones. Esta relación de número de iteraciones/reducción de la energía residual crece de forma exponencial. Esto ocurre a que en las primeras iteraciones hemos “atomizado” las componentes mas energéticas de la señal, y luego se intenta recoger las componentes restantes menos energéticas. Además también se tiene que “corregir” las variaciones introducidas por la operación de

sustracción, ya que el átomo raramente será exactamente igual al elemento que sustrae. También a partir de cierta iteración, se habrá conseguido “atomizar” la mayor parte de la señal y lo único que quedará de esta señal será ruido. Por ello el matching pursuit también puede tener aplicaciones para el filtrado de ruido. Con esto podemos determinar la existencia de un límite superior, variable según la señal a analizar, pero de órdenes menor que la centena. Como nota adicional, como interés para otras aplicaciones ajenas al PFC es el coste computacional del matching pursuit, que, para MATLAB, es elevado: se tardó, con un ordenador de gama media (doble núcleo y 3 GB de memoria), y para N=50 iteraciones uno 20 minutos. Suponiendo esto, para este mismo ordenador, un análisis de las 37 señales suponen 12 horas y 20 minutos.

4.5.-Alternativas

A partir de un análisis de la señal, se puede apreciar una aparición de patrones repetitivos, lo que apuntaba a la existencia de periodicidad. Si se entendiera, estos patrones como “pseudo-átomos”, se puede utilizar el matching pursuit para localizar las posiciones de esos átomos, y así poder encontrar periodicidades en la señal analizar, y poder comprobar si es posible relacionar este parámetro con la frecuencia cardíaca. También se puede utilizar esta modificación del algoritmo para poder clasificar señales: Si existen grupos de señales que comparten un mismo grupo de átomos, se podrían clasificar como elementos del mismo grupo, y así poder aliviar cargas computacionales, o implementar diferentes estrategias para cada agrupación.

En consonancia con este objetivo, se realizó una modificación a través del diccionario utilizado. En vez de utilizar un diccionario de Gabor, se generó uno propio adquiriendo un átomo medio utilizando un número de “pseudo-átomos” extraídos “a mano” de cada señal de la base de datos.

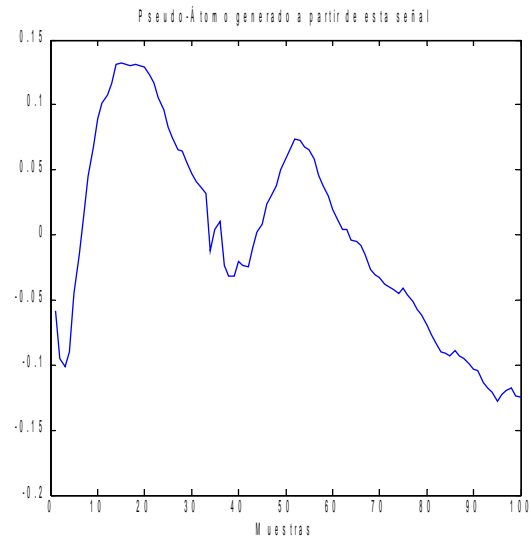
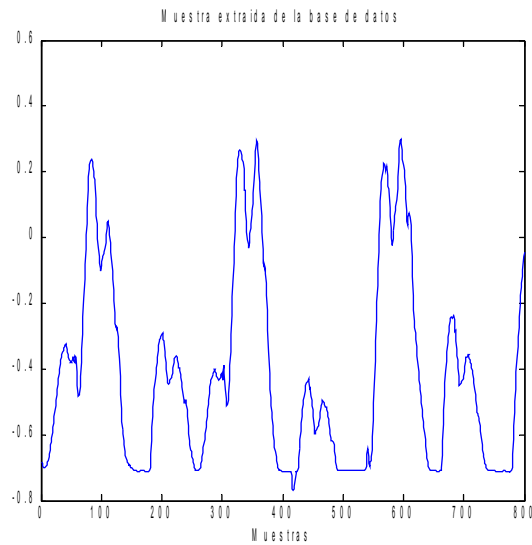


Fig. 4.12 y Fig. 4.13: Muestra de una señal y átomo obtenido a partir de realizar la media del factor periódico de la señal.

Como trabajo adicional, se ha implementado 1 scripts adicional, con el fin de explotar esta periodicidad y poder verificar los resultados obtenidos con el matching pursuit modificado, y si fuera posible, utilizar estos scripts para encontrar la frecuencia cardíaca.

Se trata de buscar patrones energéticos repetitivos utilizando la correlación de señales. El script extrae una parte de la señal de tamaño L , de esta se extrae a su vez una ventana de tamaño variable y , realizando repeticiones de esta ventana, se construye una señal de tamaño L . A continuación, se realiza la correlación entre estas dos señales y se obtiene el máximo. Relacionando de nuevo, el tamaño de la ventana con el máximo de frecuencia, al encontrar el pico máximo, obtendremos la pieza de la señal que energéticamente se repite más en el tiempo. Con este valor, que se traduce en muestras también se puede obtener una frecuencia de repetición.

5.-INFORME DE RESULTADOS

El objetivo primario de este PFC, era aprovechar las capacidades que ofrece el matching pursuit, para poder obtener la frecuencia cardíaca o pulso, a partir de los datos generados por este algoritmo. Con esto se buscaba poder eliminar de la fase de procesado de la señal del sensor la red neuronal que se encargaba de tomar la decisión. También, en caso de que no se consiguiera establecer una correlación directa entre los parámetros obtenidos al implementar el matching pursuit, se podrían usar estos parámetros como nuevas variables con que alimentar a la red neuronal y observar si se consiguen mejorar los resultados globales.

Se ha realizado un batería de simulaciones del algoritmo de matching-pursuit bajo las siguientes condiciones:

- Se han utilizado los rangos optimizados para el generador de diccionario.
- Se han utilizado átomos de Gabor.
- Se ha utilizado como criterio de parada $N=50$ iteraciones.

Los resultados obtenidos son grupos de 4 índices por cada iteración. Estos índices describen la escala de la ventana gaussiana, la frecuencia de la señal moduladora, la fase de la señal moduladora y la posición del átomo.

Como primer análisis se ha intentado relacionar directamente la frecuencia del átomo con la frecuencia de la señal. Para ello, se ha obtenido la media entre las frecuencias de la señal moduladora para cada iteración. Esto es, que para 50 iteraciones la frecuencia estimada es la media entre las frecuencias de los 50 átomos obtenidos.

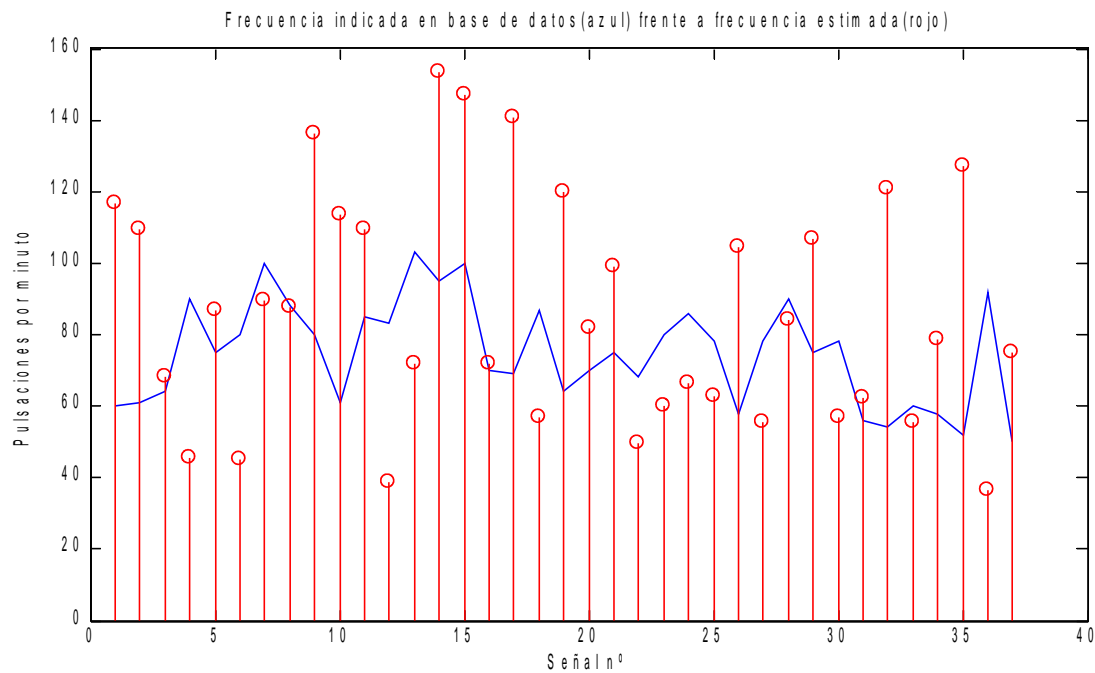


Fig. 4.14: Representación de la frecuencia de cada señal indicada por la base de datos y la estimada por el algoritmo.

Como método de análisis adicional se representan los resultados haciendo uso de las gráficas Bland Altman [8]: Se representa el error de estimación asociado a cada pulsación por minuto de cada señal (dato conocido). Además se representa el error medio (no absoluto) de toda la estimación y por último los márgenes determinados por la desviación típica. Con esta representación se pueden apreciar la existencia de tendencias, como, por ejemplo, una mejor estimación para cierto rango de frecuencias. En la siguiente figura (Fig. 4.15) se representa la gráfica Bland Altman para los resultados obtenidos:

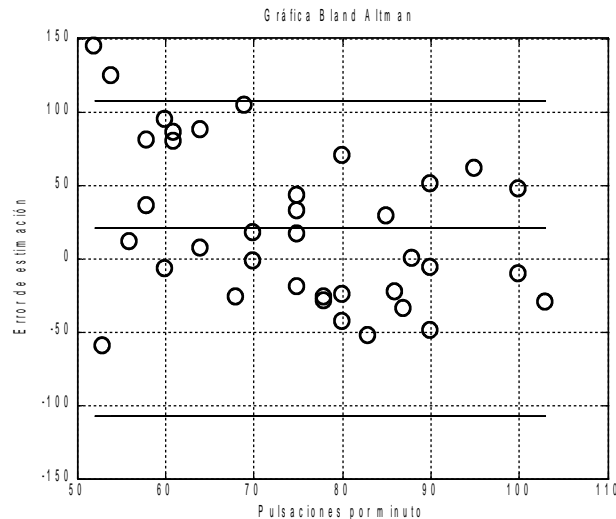


Fig. 4.15: Gráfica de Bland Altman para la primera estimación.

Como se puede apreciar existe una alta tasa de error a la hora de estimar de esta manera la frecuencia. También no se puede apreciar ningún tipo de tendencia en el error de estimación. La siguiente tabla (Tabla 2) se proporciona una representación numérica de los resultados y el error medio absoluto:

Señal nº	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
%Error	94,44	79,78	6,77	49,26	16	43,75	10,67	0,38	70	85,79	28,63	53,41	30,42	61,4	47	2,38	103,86	34,48	87,5
Señal nº	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	
%Error	17,14	32	26,96	25	22,87	19,66	80,46	29,06	6,67	42,22	26,92	11,31	124,07	7,78	35,63	144,23	60,14	50	

Tabla 2: Porcentaje del error de estimación obtenido para cada señal del registro.

Error_medio= 45,08%.

Una de las presunciones que se había comentado es que la calidad de la información que se extrae con cada nuevo átomo decrece, ya que se puede pensar que, a partir de cierto punto, los nuevos átomos sólo se adaptarán al ruido o al error producido por la operación de sustracción residuo-átomo. La siguiente gráfica muestra la evolución del error medio según el número de iteraciones:

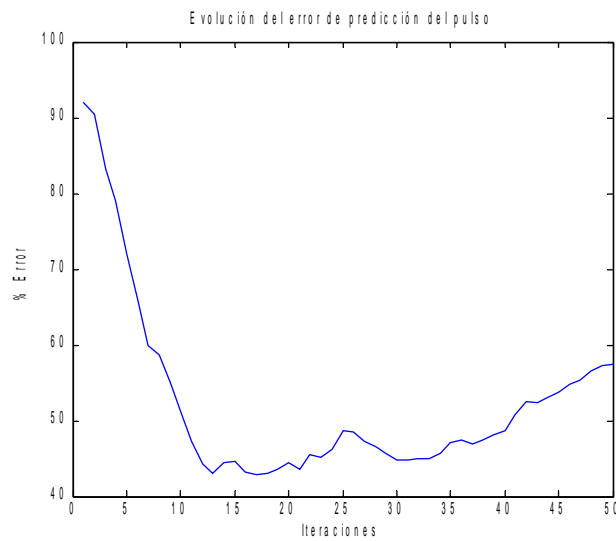


Fig. 4.16: Representación del error de estimación medio para cada iteración.

Se puede ver que el error de predicción tiene un mínimo para 17 iteraciones del 40%, valor que sigue resultando demasiado alto.

Otro tipo de estimación de la frecuencia puede ser a partir de realizar una media ponderada utilizando como factor de ponderación a_n : los primeros átomos tienen mayor influencia en la frecuencia estimada final. Los resultados obtenidos son:

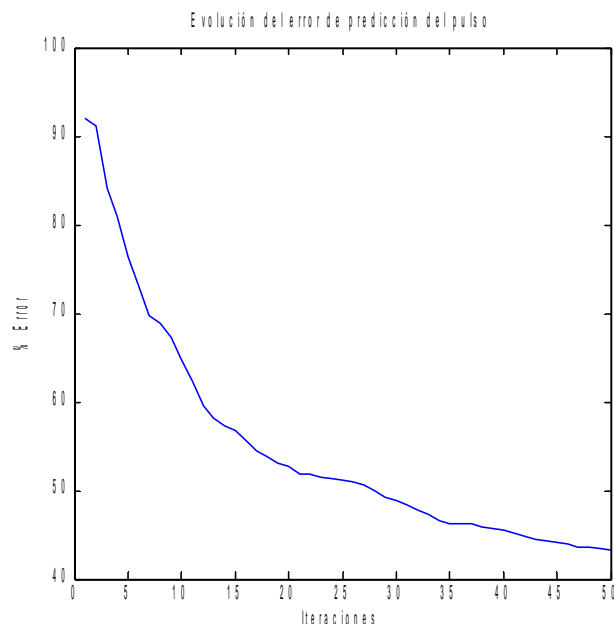


Fig. 4.17: Representación del error de estimación medio por iteración ponderando el error con a_n .

Como se puede apreciar, no existe una clara correlación entre la

frecuencia de los átomos locales y la frecuencia cardíaca para un número razonable de átomos.

Otro dato que se puede utilizar es la posición entre átomos, con el fin de encontrar una periodicidad que sea proporcional al pulso.

En este caso, habrá que buscar primero el número de iteraciones que minimice el error de estimación para cada señal y poder ver si este número de iteraciones es suficientemente similar para todas las señales de la base de datos.

Señal nº	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
Iteración	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8	7	8	7	7
%Error_min	22,39	22,83	23,26	22,94	22,95	22,61	22,33	22,33	22,02	22,55	22,2	22,2	21,92	21,6	21,34	21,61	21,18	21,61	21,17
Señal nº	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	
Iteración	7	7	7	7	7	8	8	7	7	7	8	7	7	7	7	7	7	7	
%Error_min	21,15	21,15	20,75	20,75	20,38	20,49	20,98	20,77	20,45	20,06	19,71	20,06	20,61	20,58	21,08	21,63	21,33	21,91	

Tabla 3: Iteración óptima que minimiza el error de estimación y el valor mínimo correspondiente.

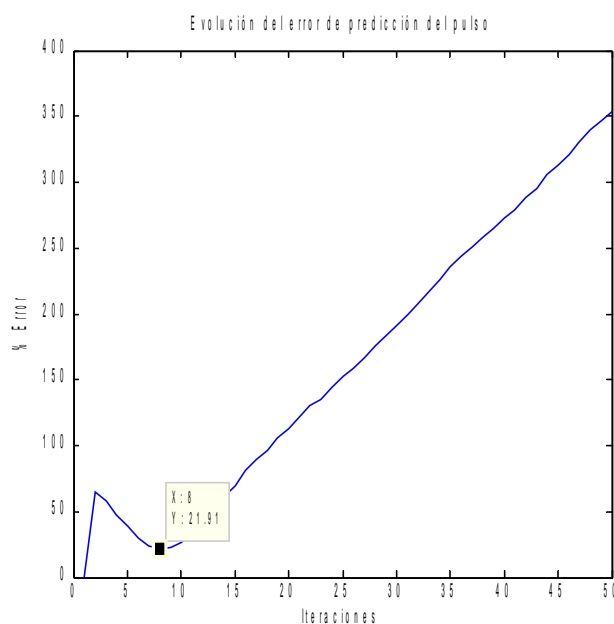


Fig. 4.18: Representación de la evolución del error mínimo de predicción medio según el número de iteraciones. Se representa además el número de iteraciones donde el error de predicción total medio de todas señales del registro es mínimo.

Como se puede ver, con 8 iteraciones, tenemos un error mínimo para todas las señales. Este error (21,91 %) sigue siendo demasiado alto, como para considerar los resultados obtenidos fiables. Esto se puede apreciar mejor en la siguiente gráfica donde se ven las estimaciones para 8 iteraciones:

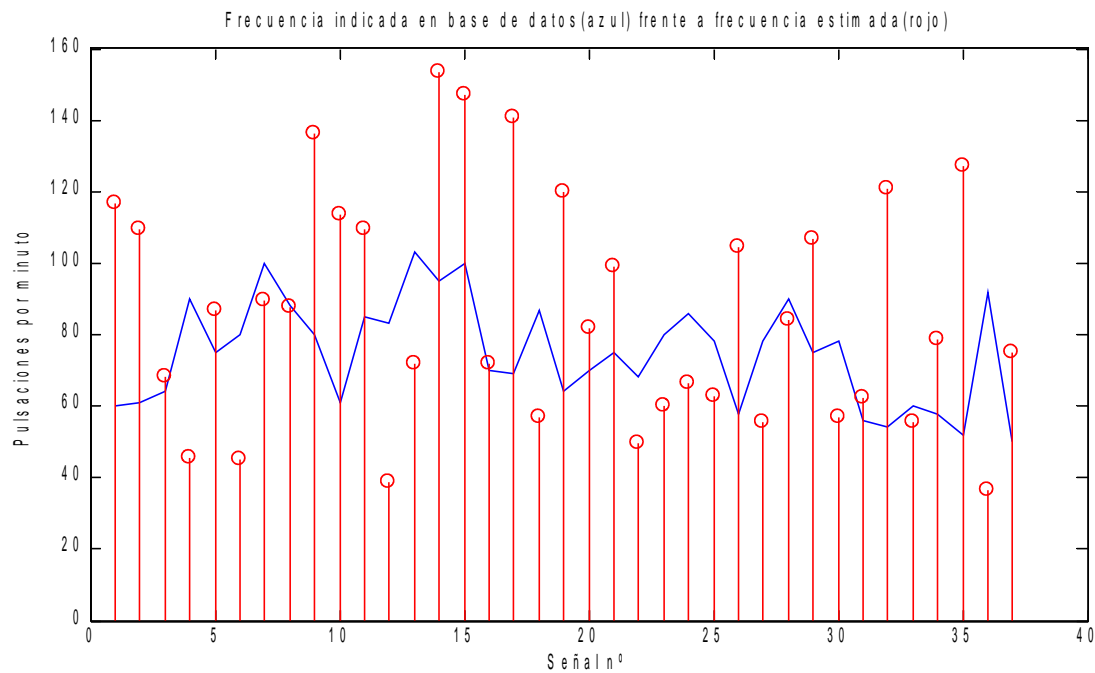


Fig. 4.19: Representación de la frecuencia de cada señal indicada por la base de datos y la estimada por el algoritmo usando las posiciones entre los átomos.

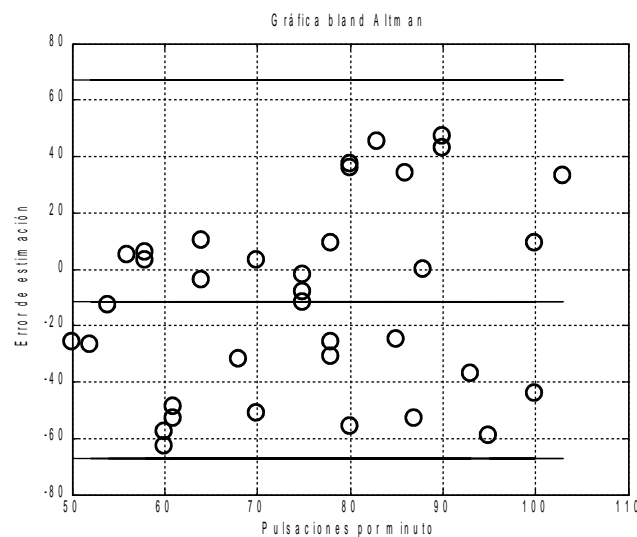


Fig. 4.20: Gráfica de Bland Altman usando las posiciones entre los átomos.

Como alternativa adicional, se empleó este algoritmo para extraer características de las señales para emplearlas a la red neuronal y probar si obteníamos alguna mejora de rendimiento. Dado que, ya por entonces no me encontraba en Alemania, esta fase fue realizada por mi director de proyecto Stefan Fernsner. Se me explico, que para poder realizar una única simulación en conjunción con la red neuronal se requerirían meses, por lo que se simplifico el diccionario empleado: Se eliminó la fase, se limitó la escala a 300

valores diferentes entre $[0,500]$, y la fase a sólo 9 valores diferentes entre $[0,3]$. Los resultados obtenidos de estimación de la frecuencia son:

- Ratio de clasificación: 66.19%.
- Sensibilidad: 14.78%.
- Especificidad: 97.49% .

Se puede apreciar que el rendimiento de la red neuronal ha decaído con respecto a la sensibilidad y especificidad que se tenía sin añadir los datos obtenidos con el Matching Pursuit (una sensibilidad y especificidad del 92 %).

Como ya se comentó en el apartado 4.5 a raíz de los resultados negativos se intentó realizar modificaciones en el algoritmo para poder mejorar los resultados obtenidos. En este caso se van a presentar los resultados obtenidos a partir de utilizar el matching pursuit como detector de patrones. La modificación radica en el diccionario, construido directamente a partir de señales extraídas a mano de la base de datos. Estas señales representan los patrones repetitivos encontrados en las señales analizadas.

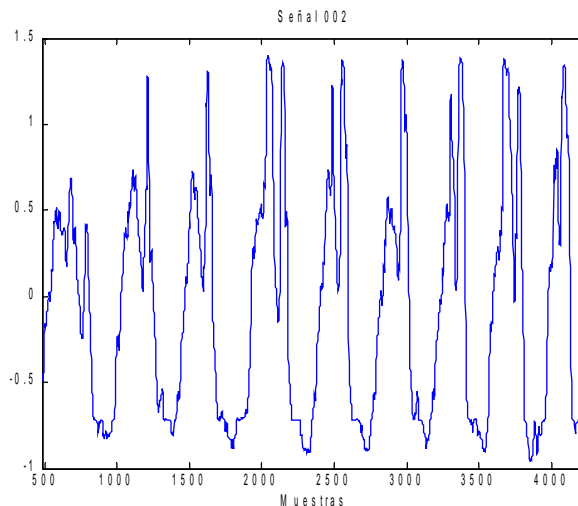


Fig. 4.21: Aquí se puede apreciar la forma de onda periódica para la señal 002.

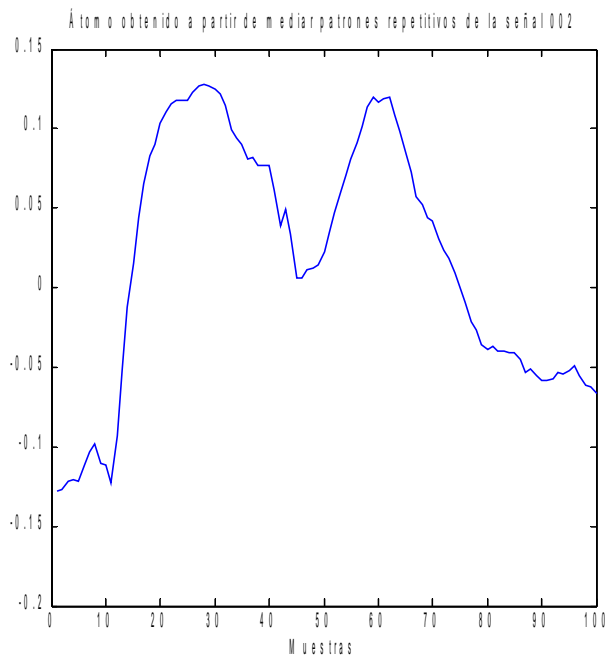


Fig. 4.22: Representación de un átomo obtenido a partir de realizar la media del patrón repetitivo de la señal 2.

Como se ha hecho para el caso de trabajar con la distancia entre átomos, vamos a buscar el número de iteraciones óptimo con el que conseguir el mínimo error para todas las señales y posteriormente vamos a ver el error promedio para el número elegido de iteraciones:

Señal nº	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
Iteración	9	10	2	13	11	12	15	15	13	9	12	14	16	14	16	10	10	13	9
%Error min	2,68	5,54	19,87	0,25	2,3	2,1	1,45	3,63	1,35	5,31	2,33	2,18	0,67	3,63	1,47	1,73	0,05	2,18	0,54
Señal nº	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	
Iteración	10	11	9	12	10	4	8	12	14	12	12	8	2	9	6	5	13	8	
%Error min	2,96	0,12	2,37	2,48	3,1	2,22	24,64	1,95	0,61	4,14	1,38	5,54	2,53	4,53	6,87	6,38	3,92	1,94	

Tabla 4: Iteración con la que se obtiene el error mínimo para cada señal y el valor de dicho error mínimo.

En este caso, el error entra dentro de rangos aceptables, para casi todas las señales (menos la señal nº 26) tenemos un error por debajo del 5%. El problema es que tenemos ese error mínimo para un número óptimo de iteraciones que depende de cada registro: La iteración óptima para la señal 1, por ejemplo, da un error muy alto para otras señales (para la señal 3 de la base de datos obtenemos un error del 148 %).

Haciendo un estudio del error medio entre todas las señales según el número de iteraciones se obtiene:

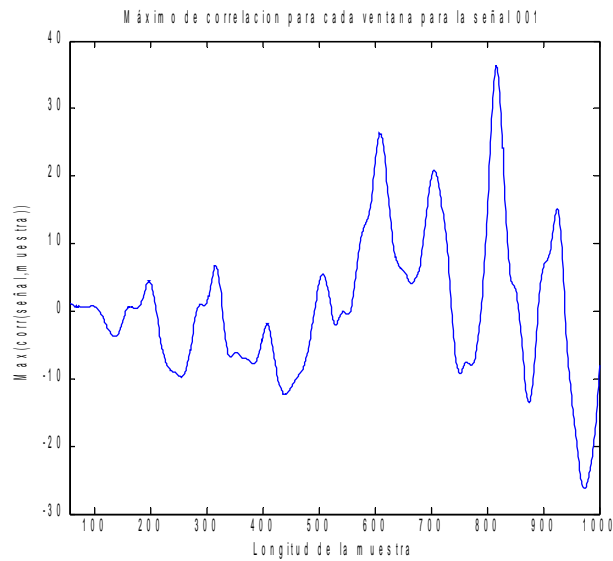


Fig. 4.23: Representación de la evolución del error mínimo de predicción medio según el número de iteraciones. Se representa además el número de iteraciones donde el error de predicción total medio de todas señales del registro es mínimo.

Para 10 iteraciones tenemos un mínimo, con un error del 22.46 %. Para 10 iteraciones, los resultados de estimación obtenidos para cada señal se representan en la siguiente gráfica:

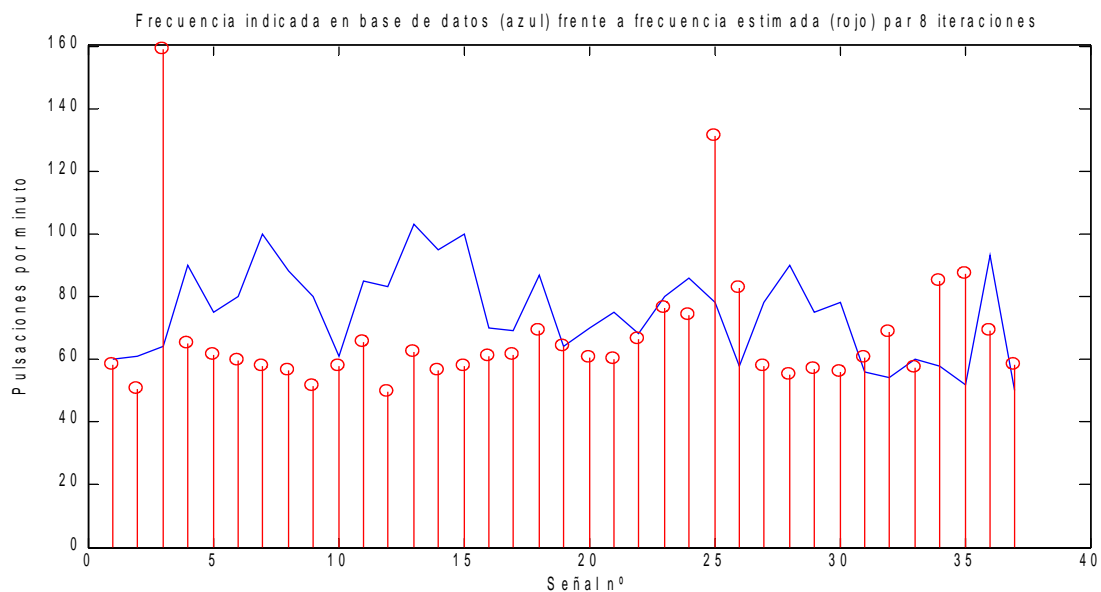


Fig. 4.24: Representación de la frecuencia de cada señal indicada por la base de datos y la estimada por el algoritmo para 8 iteraciones.

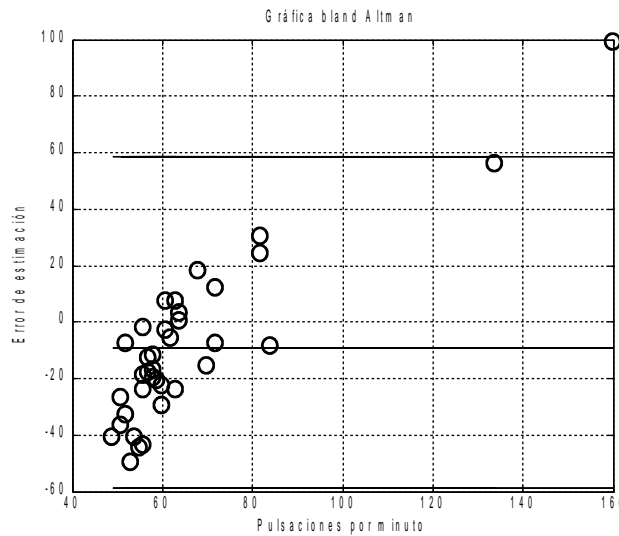


Fig. 4.25: Gráfica de Bland Altman del error de estimación.

En este caso, en contraposición con usar la frecuencia media, obtenemos valores de error muy bajos, pero a costa de tener valores óptimos de iteraciones dependientes de la señales del registro.

Una deducción bastante inmediata, es que, con este método, se podría establecer un método de parada, el cual, en caso de funcionar de forma óptima, es decir, parando en la iteración donde el error es mínimo, se proporcionaría un 3.7011% de error de predicción medio. Un primer criterio podría ser parar cuando la señal residual sea una determinada fracción de energía con respecto a la señal original. Para determinar este valor umbral, se realiza, de la energía en las iteraciones donde el error es mínimo, una media entre todas las diferentes muestras. Como aclaratorio, en la siguiente figura se muestra una tabla con la evolución de la relación señal original con respecto al residuo para cada iteración. Lo que se realiza es extraer las muestras donde el error es mínimo:

Señal nº	1	2	3	4	5
Iteración nº					
1	1	1	1	1	1
2	0,93	0,91	0,85	0,97	0,94
3	0,86	0,81	0,8	0,96	0,88
4	0,79	0,77	0,74	0,94	0,82
5	0,73	0,73	0,71	0,92	0,77
6	0,68	0,69	0,67	0,89	0,73
7	0,64	0,65	0,65	0,87	0,69
8	0,61	0,62	0,62	0,85	0,65
9	0,58	0,59	0,6	0,83	0,61
10	0,56	0,56	0,58	0,81	0,58

Señal nº	1	2	3	4	5
Iteración	9	10	2	13	11
%Error min	2,68	5,54	19,87	0,25	2,3

Tabla 5 y Tabla 6: La primera tabla nos muestra la evolución por iteración de la relación de energías y la segunda es un extracto de la tabla 4 (la tabla de antes). Se han remarcado las muestras escogidas.

El criterio de parada resultante es de cuando la energía residual es un 65,28% de la respectiva señal original. Los resultados utilizando este umbral se muestran en la siguiente figura:

Señal nº	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
%Error	14,84	17,34	117,3	25,64	18,16	16,46	34,78	19,69	44,72	17,15	6,55	2,18	25,06	33,28	12,06	17,36	14,56	29,97	25,67
Señal nº	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	
%Error	13,75	29,84	27,88	52,44	7,67	62,97	42,69	25,86	38,84	33,73	19,31	102,4	42,65	16,47	28,39	67,83	16,45	60,19	

Tabla 7: Porcentaje de error obtenido utilizando como umbral de parada de 65,28%.

El error medio obtenido en este caso es de 31.56 %.

Finalmente, se intentó un script alternativo al matching pursuit, el cual fue explicado en el apartado anterior. El objetivo es analizar cuando se producen máximos en la correlación entre la señal a analizar y una muestra de esta replicada hasta obtener la longitud de la señal original. Con cada iteración se incrementa la longitud de la muestra a replicar y se extrae el máximo valor de la señal resultante de la correlación. La siguiente figura (Fig. 4.23) , muestra las señales con las que se trabaja en una iteración:

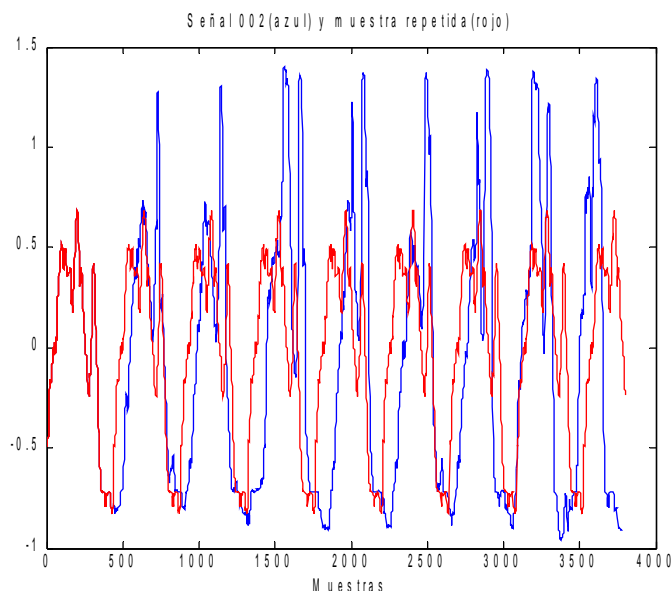


Fig 4.26: Extracto de señal original y de muestra repetida.

Por lo tanto, en el caso de que la señal tuviera periodicidad L , se obtendría un máximo para una muestra de longitud L , y este se repetiría con cada múltiplo de L . Con sólo evaluar la distancia entre picos, se obtiene directamente el periodo de la señal a analizar. Una consideración previa se

hace necesaria ante este código y la elección del rango de longitudes que va a tener la muestra: Para ventanas muy pequeñas, tendremos máximos de correlación que no estarán relacionados con la frecuencia cardíaca, sino con variaciones de la señal intralátidos y distorsionarán los resultados. Por ello se escoge una longitud mínima de 55, que equivale a recoger una frecuencia máxima de 109 latidos por minuto, con el fin de que sea posible recoger los máximos de correlación de las señales con frecuencia cardíaca media más alta del conjunto de capturas (103 para la señal 13 y 100 para las señales 7 y 15). En cuanto a la elección de la longitud máxima, se escoge un valor pequeño en proporción a la longitud total de la señal, con tal de que la muestra repetida genere suficientes periodos. Las señales tienen una longitud variable que oscila entre las 10000 y las 20000 muestras, por lo que una longitud máxima de 1000 nos genera suficientes máximos de correlación para los periodos de latido más lentos (para la señal 37 con una frecuencia cardíaca de 50 latidos por minuto se podrían detectar hasta 8 máximos). A continuación, en la siguiente figura se muestra la variación del máximo de correlación según la longitud de la ventana:

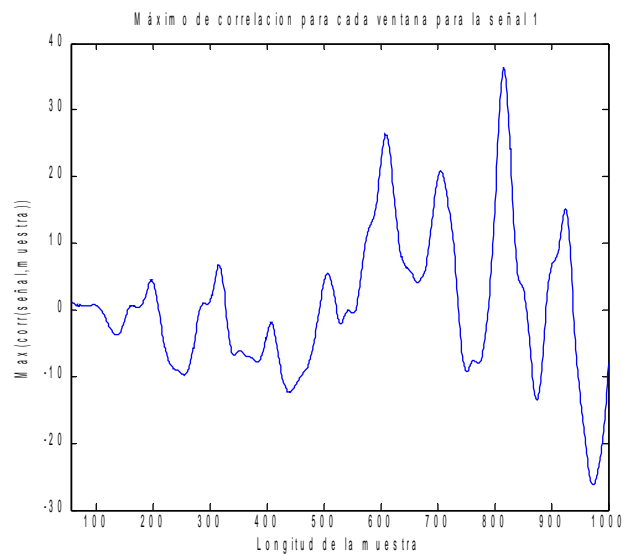


Fig 4.27: Ejemplo de la evolución del máximo de correlación a partir de la longitud de la muestra. Se ha utilizado la señal 1 del registro.

Los resultados obtenidos con el siguiente programa se muestran en la siguiente figura Tabla 8:

Señal nº	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
%Error	66,76	6,29	9,91	19,26	12,61	40,69	3	18,73	30,72	51,41	38,66	87,32	12	27,11	17,22	52,27	156,1	42,1	3,18
Señal nº	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	
%Error	48,02	28,53	30,49	16,17	15,38	36,94	24,64	37,57	14,4	4,19	10,3	36,7	116,9	65,53	81,49	109,25	13,89	93,1	

Tabla 8: Frecuencia estimada y error obtenido para cada señal.

Como se puede observar se vuelven a obtener unos valores de error de predicción muy altos (una media del 39.97 %).

6.-DISCUSIÓN

6.1.-Análisis de los resultados

La primera conclusión es que los métodos implementados para determinación de la frecuencia ofrecen unos resultados peores que la alternativa inicial del proyecto, la cual empleaba una red neuronal. Por lo tanto el algoritmo de Matching Pursuit bajo las condiciones dadas resulta ineficaz. Por otro lado, a lo largo del desarrollo de este proyecto, personalmente he podido familiarizarme con las posibilidades que este método ha supuesto para el análisis de estructuras de señales biológicas, para la detección de notas musicales y otras pautas sonoras, reconocimiento de imágenes y forma... En mi opinión, en referencia a los objetivos de este proyecto, el hecho de relacionar la señal con un conjunto de átomos con el fin de obtener la frecuencia, supone una recopilación de un conjunto de características como la fase, amplitud y el factor multiplicativo que difícilmente son determinantes para este objetivo. Por otro lado, sí ha sido interesante intentar buscar un subconjunto de átomos con determinadas características, los cuales se pudieran relacionar con determinados conjuntos de señales y así poder proporcionar nuevas entradas de datos a la fase de entrenamiento de la red neuronal y mejorar su rendimiento o su porcentaje de acierto. Además he podido comprobar que para este caso, el algoritmo de Matching Pursuit tiene su implementación directa como herramienta de filtrado de la señal.

Otro punto ha tener en consideración con respecto a los resultados obtenidos, es que dado el tiempo limitado para la realización del proyecto (4 meses), no se han realizado nuevas pruebas con el algoritmo con nuevos diccionarios, o no se han explotado todas las posibilidades (como por ejemplo, un estudio mayor del criterio de parada para el Matching pursuit que utilizaba muestras de las señales como átomos del diccionario).

Como conclusión final, personalmente considero este proyecto como una introducción a la metodología de análisis de señales biológicas en un entorno práctico, pudiendo conocer las diferentes problemáticas y conceptos fundamentales a la hora de trabajar con estas señales.

6.2.-Propuestas para estudios futuros

Tal como se ha ido introduciendo en el análisis de resultados, una primera propuesta sería profundizar en el comportamiento del Matching Pursuit empleando diferentes diccionarios. Por ejemplo se podría utilizar diccionarios con estructuras tiempo frecuencia más completas (crear diccionarios con más de una estructura tiempo-frecuencia) o alternativas al diccionario de Gabor con el fin de extraer características con lo que mejorar el rendimiento de la red neuronal. Es importante recalcar que el comportamiento del algoritmo viene definido en gran medida por el diccionario que utilice.

Otra propuesta interesante sería profundizar en el programa de Matching Pursuit que emplea como diccionario muestras de las señales: Se podría hacer un análisis más detallado de qué muestras podrían optimizar el comportamiento del algoritmo, así como emplear criterios de parada más complejos con los que poder encontrar los puntos óptimos de parada para cada señal, y así poder determinar la frecuencia sin la necesidad de emplear la red neuronal.

También puede ser interesante utilizar el método de Matching Pursuit para eliminar el residuo, en otras palabras, utilizar el algoritmo para filtrar la señal. Con la señal resultante, se debería realizar un análisis empleando métodos de análisis espectral.

Bibliografía

- [1] Adult basic life support and use of automated external defibrillators. *European Resuscitation Council Guidelines for Resuscitation 2005*. Section 2.
- [2] Auerbach, Holger. Gesundheitsökonomische Evaluation eines Telemedizin systems für die präklinische Notfallrettung bei Verkehrsunfällen in Deutschland. In *Dissertation der Medizinischen Fakultät der Charité Universitätsmedizin Berlin*, 2006.
- [3] Eberle, B. In Checking the carotid pulse check: diagnostic accuracy of first responders in patientw with and without pulse. In *Resuscitation*. Cap: 33, p: 107-116, 1996.
- [4] Leber N. Analyse des Informationsgehalts und der Korrelation verschiedener Pulssignale. *Thesis of Hochschule Karlsruhe-Technik und Wirtschaft Fakultät Maschinenbau und Mechatronik*. P:4-8, 2010.
- [5] Martin L. Yarmush and Christopher J. James. Matching Pursuit and Unification in EEG Analysis. *Artech House Engineering in Medicine and Biology Series*. Series Editors. P: 33-35.
- [6] Mallat S. and Zhang Z. Matching pursuit with time frequency dictionaries. *IEEE Transactions on signal processing*. Vol:41, Issue:12, p: 3-19, 1993.
- [7] Scott S. Chen, David L. Donoho, Michael A. Saunders. Atomic Decomposition by Basis Pursuit. *SIAM Journal on Scientific Computing*. No. 1, Vol. 20, p:132-134, 1999.
- [8] Altman DG, Bland JM. Measurement in medicine: the analysis of method comparison studies. *The Statistician*. Cap: 32, p: 307-317, 1983.