UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
ESCOLA DE ARTES, CIÊNCIAS E HUMANIDADES
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM SISTEMAS DE INFORMAÇÃO

FELIPE GUSTAVO SILVA TEODORO

**Seleção de características para reconhecimento biométrico baseado em sinais
de eletrocardiograma**

São Paulo

2016

FELIPE GUSTAVO SILVA TEODORO

**Seleção de características para reconhecimento biométrico baseado em sinais
de eletrocardiograma**

Dissertação apresentada à Escola de Artes, Ciências e Humanidades da Universidade de São Paulo para obtenção do título de Mestre em Ciências pelo Programa de Pós-graduação em Sistemas de Informação.

Área de concentração: Inteligência Artificial

Versão corrigida contendo as alterações solicitadas pela comissão julgadora em 22 de Junho de 2016. A versão original encontra-se em acervo reservado na Biblioteca da EACH-USP e na Biblioteca Digital de Teses e Dissertações da USP (BDTD), de acordo com a Resolução CoPGr 6018, de 13 de outubro de 2011.

Orientador: Prof. Dr. Clodoaldo A. M. Lima

São Paulo

2016

Autorizo a reprodução e divulgação total ou parcial deste trabalho, por qualquer meio convencional ou eletrônico, para fins de estudo e pesquisa, desde que citada a fonte.

CATALOGAÇÃO-NA-PUBLICAÇÃO

(Universidade de São Paulo. Escola de Artes, Ciências e Humanidades. Biblioteca)

Teodoro, Felipe Gustavo Silva

Seleção de características para reconhecimento biométrico baseado em sinais de eletrocardiograma / Felipe Gustavo Silva Teodoro ; orientador, Clodoaldo A. M. Lima. – São Paulo, 2016
135 p. : il.

Dissertação (Mestrado em Ciências) - Programa de Pós-Graduação em Sistemas de Informação, Escola de Artes, Ciências e Humanidades, Universidade de São Paulo
Versão corrigida

1. Inteligência artificial. 2. Biometria. 3. Eletrocardiografia. I. Lima, Clodoaldo Aparecido de Moraes, orient. II. Título

CDD 22.ed.– 006.3

Dissertação de autoria de Felipe Gustavo Silva Teodoro, sob o título “**Seleção de características para reconhecimento biométrico baseado em sinais de eletrocardiograma**”, apresentada à Escola de Artes, Ciências e Humanidades da Universidade de São Paulo, para obtenção do título de Mestre em Ciências pelo Programa de Pós-graduação em Sistemas de Informação, na área de concentração Metodologia e Técnicas da Computação, aprovada em 22 de Junho de 2016 pela comissão julgadora constituída pelos doutores:

Prof. Dr. Clodoaldo de Moraes Lima

Presidente

Instituição: Escola de Artes, Ciências e Humanidades da Universidade de São Paulo

Prof. Dr. Aparecido Nilceu Marana

Instituição: Universidade Estadual Paulista - UNESP

Prof. Dr. Fernando José Vonzuben

Instituição: Universidade Estadual de Campinas

Prof. Dr. Karina Valdivia

Instituição: Escola de Artes, Ciências e Humanidades da Universidade de São Paulo

Dedico este trabalhos a todos meus professores, amigos e familiares que me ajudaram e me acompanharam nessa jornada para o desenvolvimento deste trabalho.

Agradecimentos

Agradeço aos meus pais, Adelaide e José, e a minha irmã Mariana por todo o apoio que me deram durante o desenvolvimento deste trabalho e minha formação no programa de mestrado.

Agradeço ao meu orientador, Prof. Dr. Clodoaldo Aparecido de Moraes Lima, por todo apoio, orientação e dedicação ao longo de todo o programa de mestrado, motivando, apoiando, sugerindo novas ideias, ajudando na tomada de decisão realizadas durante o desenvolvimento do trabalho e atuando de maneira sempre justa, parceira e compreensiva. Agradeço também a minha Profa. Dra. Sarajane Marques Peres, pela ajuda durante todo o programa e apoio em todos os momentos bons e difíceis.

Agradeço as minhas tias Célia Maria Teodoro e Vilma Maria dos Santos, por apostarem e depositarem suas expectativas em mim muito antes que qualquer resultado aparecesse.

Agradeço ao meu primeiro orientador Prof. Dr. Felipe Afonso de Almeida, por toda a experiência, conhecimento e dedicação durante o período que trabalhamos juntos.

A Deus e ao meu Avô, eterna fonte de inspiração, caráter e simplicidade, por acreditar que a educação é o caminho, que a educação transforma, por acreditar que era possível, por acreditar em mim.

Once we accept our limits, we go beyond them.

(Albert Einstein)

Resumo

TEODORO, Felipe Gustavo Silva. **Seleção de características para reconhecimento biométrico baseado em sinais de eletrocardiograma**. 2016. 135 f. Dissertação (Mestrado em Ciências) - Escola de Artes, Ciências e Humanidades, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2016.

O campo da Biometria abarca uma grande variedade de tecnologias usadas para identificar e verificar a identidade de uma pessoa por meio da mensuração e análise de vários aspectos físicos e/ou comportamentais do ser humano. Diversas modalidades biométricas têm sido propostas para reconhecimento de pessoas, como impressões digitais, íris, face e voz. Estas modalidades biométricas possuem características distintas em termos de desempenho, mensurabilidade e aceitabilidade. Uma questão a ser considerada com a aplicação de sistemas biométricos em mundo real é sua robustez a ataques por circunvenção, repetição e ofuscação. Esses ataques estão se tornando cada vez mais frequentes e questionamentos estão sendo levantados a respeito dos níveis de segurança que esta tecnologia pode oferecer. Recentemente, sinais biomédicos, como eletrocardiograma (ECG), eletroencefalograma (EEG) e eletromiograma (EMG) têm sido estudados para uso em problemas envolvendo reconhecimento biométrico. A formação do sinal do ECG é uma função da anatomia estrutural e funcional do coração e dos seus tecidos circundantes. Portanto, o ECG de um indivíduo exibe padrão cardíaco único e não pode ser facilmente forjado ou duplicado, o que tem motivado a sua utilização em sistemas de identificação. Entretanto, a quantidade de características que podem ser extraídas destes sinais é muito grande. A seleção de característica tem se tornado o foco de muitas pesquisas em áreas em que bases de dados formadas por dezenas ou centenas de milhares de características estão disponíveis. Seleção de característica ajuda na compreensão dos dados, reduzindo o custo computacional, reduzindo o efeito da maldição da dimensionalidade e melhorando o desempenho do preditor. O foco da seleção de característica é selecionar um subconjunto de característica a partir dos dados de entrada, que pode descrever de forma eficiente os dados de entrada ao mesmo tempo reduzir os efeitos de ruídos ou características irrelevantes e ainda proporcionar bons resultados de predição. O objetivo desta dissertação é analisar o impacto de algumas técnicas de seleção de característica tais como, Busca Gulosa, Seleção *Backward*, Algoritmo Genético, Algoritmo Memético, Otimização por Enxame de Partículas sobre o desempenho alcançado pelos sistemas biométricos baseado em ECG. Os classificadores utilizados foram *k*-Vizinhos mais Próximos, Máquinas de Vetores Suporte, Floresta de Caminhos Ótimos e classificador baseado em distância mínima. Os resultados demonstram que existe um subconjunto de características extraídas do sinal de ECG capaz de fornecer altas taxas de reconhecimento.

Palavras-chaves: Reconhecimento de padrões, Biometria Biomédica, Eletrocardiograma, Seleção de Características, Algoritmo Genético, Algoritmo Memético.

Abstract

TEODORO, Felipe Gustavo Silva. **Feature selection for biometric recognition based on electrocardiogram signals**. 2016. 135 p. Dissertation (Master of Science) - School of Arts, Sciences and Humanities, University of São Paulo, São Paulo, 2016.

The field of biometrics includes a variety of technologies used to identify and verify the identity of a person by measuring and analyzing various physical and/or behavioral aspects of the human being. Several biometric modalities have been proposed for recognition of people, such as fingerprints, iris, face and speech. These biometric modalities have distinct characteristics in terms of performance, measurability and acceptability. One issue to be considered with the application of biometric systems in real world is its robustness to attacks by circumvention, spoof and obfuscation. These attacks are becoming more frequent and more questions are being raised about the levels of security that this technology can offer. Recently, biomedical signals, as electrocardiogram (ECG), electroencephalogram (EEG) and electromyogram (EMG) have been studied for use in problems involving biometric recognition. The ECG signal formation is a function of structural and functional anatomy of the heart and its surrounding tissues. Therefore, the ECG of an individual exhibits unique cardiac pattern and cannot be easily forged or duplicated, that have motivated its use in various identification systems. However, the amount of features that can be extracted from this signal is very large. The feature selection has become the focus of much research in areas where databases formed by tens or hundreds of thousands of features are available. Feature Selection helps in understanding data, reducing computation requirement, reducing the effect of curse of dimensionality and improving the predictor performance. The focus of feature selection is to select a subset of features from the input which can efficiently describe the input data while reducing effects from noise or irrelevant features and still provide good prediction results. The aim of this dissertation is to analyze the impact of some feature selection techniques, such as, greedy search, Backward Selection, Genetic Algorithm, Memetic Algorithm, Particle Swarm Optimization on the performance achieved by biometric systems based on ECG. The classifiers used were k -Nearest Neighbors, Support Vector Machines, Optimum-Path Forest and minimum distance classifier. The results demonstrate that there is a subset of features extracted from the ECG signal capable of providing high recognition rates.

Keywords: Biometric Systems. Pattern Recognition. Biomedical Biometric. Feature selection. Genetic Algorithm. Memetic Algorithm.

Lista de figuras

Figura 1 – Principais processos em um sistema biométrico (JAIN; MALTONI, 2003)	29
Figura 2 – Sinal de ECG com anotação das ondas P, Q, R, S e T.	34
Figura 3 – Diagrama de blocos de um sistema biométrico baseado em ECG.	35
Figura 4 – Exemplos de batimentos extraídos dos indivíduos #1 e #100 da base de dados PTB.	36
Figura 5 – Sensor de ECG utilizando por (SILVA et al., 2013b), a esquerda o sensor acoplado ao teclado e a direita sua interação com o usuário.	40
Figura 6 – Sensor de ECG utilizando por (WAHABI et al., 2014).	40
Figura 7 – Sensor de ECG utilizando por (CHOI; LEE; YOON, 2016).	41
Figura 8 – Estágios de Detecção do complexo QRS do algoritmo de Pan-Tompkins.	43
Figura 9 – Geração do novo sinal de ECG.	44
Figura 10 – Características extraídas do complexo QRS.	45
Figura 11 – Obtenção das inclinações das ondas de acordo com a abordagem de (HAMDI; SLIMANE; KHALIFA, 2014)	46
Figura 12 – Coeficientes DCT extraídos do primeiro complexo QRS dos indivíduos #1 e #100 da base de dados PTB.	48
Figura 13 – PAT aplicada a um batimento do indivíduo #1 da base de dados PTB com valor de T_{tri} igual a 25.	52
Figura 14 – Técnica PLR aplicada a uma onda sinusoidal.	54
Figura 15 – PLR aplicada a um batimento do indivíduo #1 da base de dados PTB.	55
Figura 16 – Decomposição da Transformada Discreta de Wavelet; $g[n]$ é a resposta impulsiva do filtro passa-alta, e $h[n]$ é a resposta impulsiva do filtro passa-baixa.	57
Figura 17 – Método de Box Counting aplicado a Curva de Koch (LYNCH, 2004) . .	58
Figura 18 – Obtenção do coeficiente da DFA de um indivíduo do banco de dados PTB	67
Figura 19 – Projeção dos retângulos do método RCM sobre o complexo QRS normalizado de um indivíduo do banco de dados PTB	68
Figura 20 – Sinal original e 3 IMF provenientes da transformação EMD (RILLING; FLANDRIN; GON, 2003).	69
Figura 21 – Codificação utilizada no GA	75

Figura 22 – GA Mestre–Escravo com população global.	79
Figura 23 – Processo de Treinamento do OPF. (a) Grafo Completo, (b) Árvore de custo mínimo, (c) Protótipos selecionados , (d) Floresta de Caminhos Ótimos Gerado (NUNES et al., 2014).	89
Figura 24 – Processo de Classificação do OPF. (a) Amostra de teste é submetida e conectada a todos os nós da floresta, (b) A amostra de teste é classificada de acordo com o nó que possui o menor custo (NUNES et al., 2014). . . .	89
Figura 25 – Evolução do erro quadrático médio usando a seleção <i>Backward</i> para a base de dados MIT.	101
Figura 26 – Evolução do erro de classificação usando a seleção <i>Backward</i> para a base de dados MIT.	101
Figura 27 – Evolução do erro quadrático médio usando seleção <i>Backward</i> para a base de dados PTB.	103
Figura 28 – Evolução do erro de classificação usando seleção <i>Backward</i> para a base de dados PTB.	103
Figura 29 – Frequência dos grupos de características selecionados pelo GA para a base de dados PTB	106
Figura 30 – Frequência dos grupos de características selecionados pelo MA para a base de dados PTB	107
Figura 31 – Frequência dos grupos de características selecionados pelo PSO para a base de dados PTB	108
Figura 32 – Frequência dos grupos de características selecionados pelo GA para a base de dados MIT	109
Figura 33 – Frequência dos grupos de características selecionados pelo MA para a base de dados MIT	110
Figura 34 – Frequência dos grupos de características selecionados pelo PSO para a base de dados MIT	110
Figura 35 – Taxa de Falsa Aceitação e Falsa Rejeição obtida usando Algoritmo Memético com classificador K-NN para a Base de Dados MIT.	112
Figura 36 – Taxa de Falsa Aceitação e Falsa Rejeição obtida usando Algoritmo Memético com classificador OPF para a Base de Dados PTB.	113
Figura 37 – Taxa de Falsa Aceitação e Falsa Rejeição usando PSO com classificador SVM para base de dados PTB.	116

Lista de algoritmos

Algoritmo 1 – Algoritmo PLR	53
Algoritmo 2 – Algoritmo DBC	60
Algoritmo 3 – <i>Algoritmo EMD.</i>	69
Algoritmo 4 – <i>Algoritmo de Seleção Backward</i>	73
Algoritmo 5 – <i>GA Clássico</i>	74
Algoritmo 6 – <i>Calculo da função fitness</i>	77
Algoritmo 7 – <i>Algoritmo Memético Clássico</i>	78
Algoritmo 8 – <i>PSO Clássico</i>	80
Algoritmo 9 – <i>PSO - Cálculo das Velocidades e Posições</i>	82
Algoritmo 10 – Processo de treinamento supervisionado do classificador OPF	88

Lista de tabelas

Tabela 1 – Resultados Consolidados	38
Tabela 2 – Conjunto de características fiduciais.	45
Tabela 3 – Lista de todas as características extraídas	70
Tabela 4 – Melhores resultados alcançados usando o classificador DIST	92
Tabela 5 – Melhores resultados alcançados usando o classificador KNN	93
Tabela 6 – Melhores resultados alcançados usando o classificador OPF	94
Tabela 7 – Melhores resultados alcançados usando o classificador SVM	95
Tabela 8 – Melhores resultados obtidos por grupo de características	96
Tabela 9 – Melhores resultados obtidos com o grupo de características combinados par-a-par usando o classificador DIST	97
Tabela 10 – Melhores resultados obtidos com o grupo de características combinados par-a-par usando o classificador KNN	98
Tabela 11 – Melhores resultados obtidos com o grupo de características combinados par-a-par usando o classificador OPF	99
Tabela 12 – Melhores resultados obtidos com o grupo de características combinados par-a-par usando o classificador SVM	100
Tabela 13 – Características selecionadas pela seleção <i>Backward</i> para a base MIT . .	102
Tabela 14 – Características selecionadas pela seleção <i>Backward</i> para a base de PTB	104
Tabela 15 – Frequência dos grupos de características selecionados para base de dados PTB	107
Tabela 16 – Frequência dos grupos de características selecionados para a base de dados MIT	109
Tabela 17 – Taxa de acerto de cada simulação envolvendo GA, MA e PSO	111
Tabela 18 – Melhores resultados obtidos com o MA usando o classificador KNN para a base de dados MIT	112
Tabela 19 – Melhores resultados obtidos com MA usando o classificador OPF para a base de dados PTB	114
Tabela 20 – Melhores resultados obtidos usando PSO com classificador SVM para a base de dados PTB	115
Tabela 21 – Comparativo dos resultados para a base de dados MIT	117

Tabela 22 – Comparativo de resultados para a base de dados PTB	117
--	-----

Lista de abreviaturas e siglas

AC	Autocorrelação
ACF	Função de autocorrelação (do inglês <i>Autocorrelation function</i>)
AR	Modelo Autoregressivo
BC	Método <i>Box Counting</i>
CD	Dimensão de Correlação (do inglês <i>Correlation Dimension</i>)
DBC	Método <i>Differential Box Counting</i>
DCT	Transformada Discreta Cosseno (do inglês <i>Discrete Cosine Transform</i>)
DFA	Análises de flutuações destendenciadas (do inglês <i>Detrended Fluctuation Analysis</i>)
DFT	Transformada Discreta de Fourier
DFT	Transformada discreta de Fourier (do inglês <i>Discrete Fourier Transform</i>)
DIST	Classificador baseado em Distancia mínima
ECG	Eletrocardiograma
EEG	Eletroencefalograma
EMD	Modo de Decomposição Empírica (do inglês <i>Empirical Mode Decomposition</i>)
EMG	Eletromiograma
EC	Erro de Classificação
EQM	Erro Quadrático Médio
FD	Dimensão fractal (do inglês <i>Fractal Dimension</i>)
GA	Algoritmo Genético (do inglês <i>Genetic Algorithm</i>)
HD	Dimensão de Hausdorff (do inglês <i>Hausdorff Dimension</i>)

HE	Expoente de Hurst (do inglês <i>Hurst exponent</i>)
HM	Método de Higuchi (do inglês <i>Higuchi Method</i>)
HP	Polinômios de Hermite (do inglês <i>Hermite Polynomial</i>)
HPE	Expansão de polinômios de Hermite (do inglês <i>Hermite Polynomial Expansion</i>)
ICA	Análise de Componentes Independentes (do inglês <i>Independent Component Analysis</i>)
IMF	Funções de modo intrínseco (do inglês <i>Intrinsic Mode Functions</i>)
KM	Método de Katz (do inglês <i>Katz Method</i>)
KNN	Classificador K-vizinhos mais próximos (do inglês <i>K-Nearest Neighbors</i>)
LDA	Análise de Discriminantes Lineares (do inglês <i>Linear Discriminant Analysis</i>)
LLR	Regressão Linear Local (do inglês <i>Local Linear Regression</i>)
LPC	Codificação Preditiva Linear (do inglês <i>Linear Prediction Coding</i>)
MA	Algoritmo Memético (do inglês <i>Memetic Algorithm</i>)
MFCC	Coefficientes Mel-cepstrais (do inglês <i>Mel-Frequency Cepstral Coefficients</i>)
MNPD	Distância Mútua do Ponto mais Próximo (do inglês <i>Mutual Nearest Point Distance</i>)
OPF	Floresta de Caminhos Ótimos (do inglês <i>Optimum-Path Forest</i>)
PAR	Proporção Pulso Ativo (do inglês <i>Pulse Active Ratio</i>)
PAT	Transformada de Pulso Ativo (do inglês <i>Pulse Active Transform</i>)
PCA	Análise de Componentes Principais (do inglês <i>Principal Component Analysis</i>)

PLR	Representação linear por partes (do inglês <i>Piecewise Linear Representation</i>)
PSO	Otimização por Enxame de Partículas (do inglês <i>Particle Swarm Optimization</i>)
PVC	Contração Ventricular Prematura (do inglês <i>Premature Ventricular Contraction</i>)
RMC	Método cobertura retangular (do inglês <i>Rectangular Covering Method</i>)
RNA	Redes Neurais Artificiais
SM	Método de Sevcik (do inglês <i>Sevcik Method</i>)
STFT	Transformada de Fourier de tempo-curto (do inglês <i>short-time Fourier transform</i>)
SVM	Máquinas de Vetores Suporte (do inglês <i>Support Vector Machine</i>)
TD	Características extraídas do domínio do tempo
WT	Tranformada Wavelet (do inglês <i>Wavelet Transform</i>)

Sumário

1	Introdução	20
1.1	<i>Posicionamento e motivação da pesquisa</i>	20
1.2	<i>Objetivos da pesquisa</i>	24
1.2.1	Objetivos Gerais	24
1.2.2	Objetivos Específicos	24
1.3	<i>Metodologia</i>	24
1.4	<i>Organização do texto</i>	25
2	Sistemas Biométricos	26
2.1	<i>Introdução</i>	26
2.2	<i>Evolução histórica</i>	28
2.3	<i>Sinais Biomédicos aplicados à biometria</i>	31
2.3.1	O Sinal de Eletrocardiograma	32
2.3.2	Aplicação de sinais de eletrocardiograma em biometria	34
2.3.3	Banco de Dados de ECG	35
2.3.4	Comparação entre os sistemas biométricos baseados em ECG . . .	36
2.3.5	Sensores biométricos de ECG	39
3	Métodos de Extração de Características	42
3.1	<i>Introdução</i>	42
3.2	<i>Extração de Características Fiduciais</i>	44
3.3	<i>Extração de Características não fiduciais</i>	46
3.3.1	Características extraídas do domínio do tempo	47
3.3.2	Transformada Discreta Cosseno	48
3.3.3	Transformada de Fourier	49
3.3.4	Função de Autocorrelação	49
3.3.5	Modelo Autoregressivo	50
3.3.6	Codificação Preditiva Linear	51
3.3.7	Transformada Pulso Ativo	51
3.3.8	Representação Linear por Partes	52
3.3.9	Coefficientes Mel-cepstrais	55

3.3.10	Polinômios de Hermite	55
3.3.11	Transformada de Wavelets	56
3.3.12	Dimensão Fractal	57
3.3.13	Modo de Decomposição Empírica	68
3.3.14	Sumarização das Características Extraídas	69
4	Métodos de Seleção de Caraterísticas	71
4.1	<i>Introdução</i>	71
4.2	<i>Seleção Backward</i>	72
4.3	<i>Algoritmos Genéticos</i>	73
4.3.1	População Inicial e Estratégia de Poda	74
4.3.2	Codificação da Solução	75
4.3.3	Operador de Seleção	75
4.3.4	Operador de Cruzamento	76
4.3.5	Operador de Mutação	76
4.3.6	Função Fitness	76
4.3.7	Algoritmo Memético	77
4.3.8	Algoritmos Genéticos Paralelos	78
4.4	<i>Otimização por Enxame de Partículas</i>	79
4.4.1	Codificação da Partícula	81
4.4.2	Cálculo da Função Fitness, Velocidade e Posição	81
5	Classificadores	84
5.1	<i>Introdução</i>	84
5.2	<i>Classificador baseado em distância Mínima</i>	84
5.3	<i>k Vizinhos mais Próximos - KNN</i>	84
5.4	<i>Máquinas de Vetores Suporte</i>	84
5.5	<i>Floresta de Caminhos Ótimos</i>	87
6	Resultados Experimentais	90
6.1	<i>Descrição das Bases de Dados</i>	90
6.2	<i>Experimento # 1 - Características Individuais</i>	91
6.3	<i>Experimento # 2 - Conjuntos de Características</i>	94
6.4	<i>Experimento # 3 - Busca Gulosa</i>	99

6.5	<i>Experimento # 4 - Seleção de Características</i>	105
6.6	<i>Comparação de Resultados</i>	116
7	Conclusão	118
7.1	<i>Principais contribuições deste trabalho</i>	119
8	Trabalhos Futuros	121
	Referências¹	122

¹ De acordo com a Associação Brasileira de Normas Técnicas. NBR 6023.

1 Introdução

1.1 Posicionamento e motivação da pesquisa

Devido à necessidade de garantir a segurança da informação em diversos contextos, como, por exemplo, na execução de uma transação monetária através da internet ou na realização de restrição de acesso a um determinado local, geralmente são utilizadas senhas ou documentos pessoais para realizar a identificação do indivíduo e/ou sua permissão de acesso. Esses métodos, apesar de serem suficientes em muitos casos, são suscetíveis à fraude por serem facilmente descobertos ou falsificados por outro indivíduo. Dessa forma, torna-se necessário o desenvolvimento de tecnologias que possam oferecer uma camada maior de segurança. Uma dessas tecnologias é a biometria, o campo de estudo que busca realizar a identificação baseada em alguma característica física ou comportamental do indivíduo como a impressão digital (JAIN; MALTONI, 2003) (CAO et al., 2012) (BATOOL; TARIQ, 2011) (AGUILAR et al., 2007), íris dos olhos (DAUGMAN, 2004) (RANKIN et al., 2012) (NEGIN et al., 2000) (NASIR et al., 2008), os aspectos faciais (ZHANG et al., 2012) (LONE; ZAKARIYA; ALI, 2011) (LAKSHMIPRABHA; BHATTACHARYA; MAJUMDER, 2011), padrões dos sinais produzidas pelo cérebro (PARANJAPE et al., 2001) (YEOM; SUK; LEE, 2013) ou batimentos cardíacos (LOURENÇO; SILVA; FRED, 2012) (SILVA et al., 2013a).

Estas modalidades biométricas possuem características distintas em termos de performance, mensurabilidade (facilidade de coleta de dados), evasão (facilidade de replicação) e aceitabilidade. Embora essas características sejam exclusivas de cada indivíduo, ainda existem lacunas em cada uma das modalidades citadas, o que pode fazer com que um determinado sistema tenha sua segurança e a confiabilidade comprometida (WüBBELER et al., 2007).

Nos últimos anos, o reconhecimento biométrico sofreu avanços significativos em termos de confiabilidade e precisão, sendo que algumas modalidades biométricas têm alcançado um bom desempenho em aplicações práticas. No entanto, mesmo os sistemas biométricos mais avançados ainda enfrentam alguns problemas, tais como (DHARAVATH; TALUKDAR; LASKAR, 2013):

- Problemas com dados oriundos dos sensores: dados capturados pelos sensores são frequentemente afetados por ruído devido às condições do ambiente (insuficiência de

luz, energia, etc) ou devido às condições fisiológicas e físicas do usuário (frio, dedos machucados, etc).

- Capacidade de distinção: nem todas as modalidades biométricas têm o mesmo grau de distinguibilidade (por exemplo, sistemas biométricos baseados na geometria da mão são menos seletivos que aqueles baseados na impressão digital).
- Não universalidade: todas as modalidades biométricas são universais, mas devido à grande complexidade do corpo humano nem todo indivíduo possui todas as modalidades biométricas possíveis de serem utilizadas por um sistema.
- Variabilidade intraclasse: significa que os traços biométricos podem variar com o tempo para uma mesma pessoa e essa variação é imprevisível de pessoa para pessoa. Por exemplo, à medida que uma pessoa envelhece podem ocorrer mudanças na sua voz.

Além dos problemas mencionados acima, uma questão a ser considerada com a aplicação de biometria no mundo real é a sua robustez a ataques por circunvenção, repetição e ofuscação. Circunvenção é uma forma de falsificação da característica biométrica; por exemplo, o uso de credenciais de impressões digitais falsificadas, que foram copiadas de uma impressão original dos dedos. Um ataque por repetição, por sua vez, envolve a apresentação ao sistema de uma característica biométrica original a partir de um indivíduo ilegítimo; por exemplo, gravações da voz em sistemas de reconhecimento de voz. Ofuscação biométrica consiste na remoção intencional da modalidade biométrica para evitar o estabelecimento da verdadeira identidade (ALLEN, 2009). Com o aumento do emprego da biometria, esses ataques estão se tornando cada vez mais frequentes e questionamentos estão sendo levantados a respeito dos níveis de segurança que esta tecnologia pode oferecer.

Recentemente, esforços têm sido realizados para a pesquisa de novas modalidades biométricas que sejam inerentemente resistentes aos ataques mencionados acima. Características internas ao organismo humano têm sido investigadas como, por exemplo, padrões das veias, odor e biometria cognitiva. Da mesma forma, os dados biométricos biomédicos constituem outra categoria de novas modalidades de reconhecimento biométrico, que engloba sinais que são tipicamente utilizados em diagnósticos clínicos. Sinais biomédicos, especialmente os sinais de eletrocardiograma (ECG), eletroencefalograma (EEG) e eletromiograma (EMG), têm sido considerados modalidades biométricas emergentes (ISRAEL et al., 2005a; SUN, 2008; MARCEL; MILLAN, 2007a; PALANIAPPAN; MANDIC, 2007). Com

o emprego de tais sinais como modalidades biométricas, pode-se obter as seguintes características desejáveis: universalidade, mensurabilidade, singularidade, robustez e maior segurança contra ataques. Em função disto, esse trabalho foca nos sistemas biométricos baseados em padrões de sinais gerados pelo coração.

Um aspecto relevante sobre esse tipo de sinal é o fato dele exibir um padrão para cada indivíduo, que aparentemente não pode ser forjado ou duplicado (ZHAO et al., 2010) (BAO; WANG; HU, 2009). Pelo fato de sua atividade estar fortemente influenciada pelo estresse, o reconhecimento biométrico não poderá ser realizado de forma bem sucedida caso o indivíduo esteja sob coerção por outra pessoa, adicionando dessa forma mais um nível de segurança (MARCEL; MILLAN, 2007b). Além disso, estes sinais diferem-se das modalidades biométricas tradicionais, uma vez que estão intrinsecamente ligados a uma função biológica essencial. A evasão é significativamente mais difícil com esta modalidade biométrica, e a mensurabilidade é quase sempre garantida. Desafios significativos permanecem para incorporar esta informação em sistemas biométricos que exigem altas taxas de reconhecimento (ODINAKA et al., 2012).

Biometria biomédica tem sido ativamente investigada apenas na última década. Embora a especificidade para os indivíduos tenha sido observada há algumas décadas, o processo de aquisição mais complexo e o alto tempo de espera impediram sua aplicação em controle de acesso. No entanto, com o desenvolvimento dos sensores, principalmente sensores a seco, que são fáceis de serem fixados, mesmo por pessoas não treinadas, o campo da biometria biomédica floresceu. Além disso, o rápido avanço entre 2001 a 2015 foi apoiado pelo fato de que o processamento dos sinais fisiológicos (ou bio-sinais) já tinha alcançado grandes progressos para fins de diagnóstico e um elenco amplo de ferramentas estava disponível para o reconhecimento de padrões biométricos. A grande vantagem da biometria biomédica é a robustez a ataques por circunvenção, repetição e ofuscação. Se estabelecidos como uma modalidade biométrica, os respectivos sistemas estarão habilitados com um escudo inerente a tais ameaças. Outra vantagem da biometria biomédica é a possibilidade de ser utilizada na autenticação contínua, uma vez que pode-se realizar uma nova leitura biométrica a cada período estabelecido de tempo.

Os estudos publicados nos últimos anos têm demonstrado que estas novas fontes de informação biométrica são altamente capazes de promover diferenciação entre os indivíduos. Já existem estudos publicados na literatura com taxas de reconhecimento acima de 95% (REVETT; DERAVID; SIRLANTZIS, 2010; ODINAKA et al., 2012). Entretanto,

ainda existem desafios acerca do emprego destas modalidades biométricas, principalmente quando relacionados à aquisição dos bio-sinais, pois embora não invasivos, os equipamentos atuais para captura de ECG, por exemplo, precisam de um contato amplo com a pele do indivíduo, que tem sua amostra biométrica capturada (REVETT; DERAVID; SURLANTZIS, 2010). Existem estudos para o desenvolvimento de técnicas e equipamentos para solucionar esta questão. Dentre esses estudos, pode-se destacar a abordagem proposta por (YE; KUMAR; COIMBRA, 2011), que tem por objetivo combinar técnicas de computação vestível (do inglês *Wearable Computing*) com o reconhecimento biométrico baseado em sinais de ECG.

Entretanto, a quantidade de características que podem ser extraídas destes sinais é muito grande. A seleção de características tem se tornado o foco de muitas pesquisas em áreas em que bases de dados formadas por dezenas ou centenas de atributos estão disponíveis (GUYON; ELISSEEFF, 2003). Na teoria, a disponibilidade da maior quantidade possível de atributos deveria nos dar maior poder de discriminação. Entretanto, a prática na análise de dados, geralmente nos mostra o contrário (KOLLER; SAHAMI, 1996). (REUNANEN, 2003) relata as principais razões para se selecionar um subconjunto do conjunto total de atributos: (i) é mais barato medir o desempenho de classificação sobre um subconjunto de atributos; (ii) a precisão de classificação pode ser melhorada pela exclusão de atributos irrelevantes; (iii) o classificador a ser construído é usualmente mais simples e potencialmente mais eficiente quando uma menor quantidade de atributos é usada; (iv) o conhecimento dos atributos relevantes pode levar a informações importantes sobre a natureza do problema de classificação.

O presente trabalho tem como foco principal investigar o impacto da escolha de diferentes técnicas seleção de característica, tais como, Busca Gulosa, Seleção *Backward*, Algoritmo Genético, Algoritmo Memético, Otimização por Enxame de Partículas sobre o desempenho alcançado pelos sistemas biométricos baseado em ECG. Os classificadores utilizados foram *k*-Vizinhos mais Próximos, Máquinas de Vetores Suporte, Floresta de Caminhos Ótimos e classificador baseado em distância mínima.

1.2 *Objetivos da pesquisa*

1.2.1 *Objetivos Gerais*

O objetivo deste trabalho é investigar o impacto da escolha de diferentes técnicas seleção de característica, tais como, Busca Gulosa, Seleção Backward, Algoritmo Genético, Algoritmo Memético, Otimização por Enxame de Partículas sobre o desempenho alcançado pelos sistemas biométricos baseado em ECG.

1.2.2 *Objetivos Específicos*

- Apresentar o estado da arte em sistemas biométricos baseados em ECG;
- Estudar e implementar as diversas técnicas de extração e seleção de características para sinais de ECG;
- Analisar o impacto das diversas características extraídas na tarefa de reconhecimento;
- Propor um subconjunto reduzido de características capaz de alcançar altas taxas de acerto no reconhecimento;

1.3 *Metodologia*

Inicialmente, foi realizada uma busca por bases de dados públicas de sinais de ECG. Em seguida, foi realizado o levantamento do material bibliográfico referente às técnicas de extração e seleção de características para sinais de ECG, sendo que posteriormente um subconjunto destas foram implementadas. Para validar as implementações, testes sobre um subconjunto dos dados foram realizados a cada etapa concluída. As implementações foram desenvolvidas usando o ambiente MATLAB devido ao seu pacote de ferramentas de desenvolvimento gráfico e também foram utilizada as linguagens de programação *C++* e *C#*.

As técnicas de extração e seleção de características foram aplicadas sobre os dados de sinais ECG para geração das características, as quais foram empregadas como entrada para os classificadores. Com base nos resultados obtidos foi possível identificar um conjunto de técnicas de extração que melhor se ajusta as bases de dados catalogadas e ao tipo de

classificador empregado. Em todos os experimentos foi utilizado validação cruzada ou técnica de subamostragem.

1.4 Organização do texto

Os capítulos a seguir descrevem em detalhes todos os resultados obtidos na busca do atendimento dos objetivos genéricos enunciados na seção anterior. Sendo assim, descreveremos a forma de organização em termos dos objetivos propostos. O capítulo 1 inclui a motivação, objetivos e organização do texto que é apresentado nesta dissertação. O capítulo 2 apresenta o referencial bibliográfico utilizado neste trabalho e uma análise comparativa dos resultados apresentados por cada um deles, bem como uma análise histórica da evolução biométrica e dos sinais biomédicos aplicados à biometria. O capítulo 3 descreve as técnicas de extração de características utilizadas neste trabalho, seguido do capítulo 4 que descreve as técnicas de seleção de características utilizadas. O capítulo 5 apresenta uma descrição detalhada dos principais classificadores empregados e o capítulo 6 descreve os resultados obtidos nesta dissertação. O capítulo 7 apresenta a conclusão deste trabalho apresentando as principais contribuições e uma discussão dos resultados obtidos. O capítulo 8 apresenta os trabalhos futuros e possíveis linhas de investigação que podem ser seguidas a partir deste trabalho.

2 Sistemas Biométricos

2.1 Introdução

Um sistema biométrico pode ser visto como um sistema de reconhecimento de padrões, que realiza por meio de um vetor de características extraído de uma modalidade física ou comportamental a identificação do indivíduo (COSTA, 2004). De acordo com (JAIN; ROSS; PRABHAKAR, 2004) seja qual for a modalidade biométrica utilizada, esta deve atender alguns requisitos básicos. Isso significa que qualquer característica extraída de um indivíduo poderá ser utilizada, desde que atenda a estes requisitos.

De acordo com (COSTA, 2004), um sistema biométrico deve possuir quatro módulos fundamentais, independente de qual seja a característica utilizada, a saber: módulo sensorial, módulo de extração, módulo de armazenamento e módulo de comparação. Cada módulo é descrito detalhadamente abaixo.

- **Módulo sensorial:** No processo de aquisição, por meio de algum sensor biométrico, é extraída uma amostra da modalidade biométrica do indivíduo que se deseja cadastrar no sistema biométrico ou realizar seu reconhecimento. Como exemplo de sensor têm-se câmeras que fazem a aquisição de imagens das faces para reconhecimento facial, leitores de impressão digital que obtêm imagens da impressão digital ou microfones para captação da voz de um indivíduo. Esta amostra deve ser uma réplica de alta fidelidade da modalidade biométrica do indivíduo do qual está sendo realizada a aquisição. Caso o contrário, esta aquisição pode comprometer todo o restante do processo, causando futuras falhas no processo de comparação deste indivíduo. Algumas vezes é necessário fazer um pré-processamento da modalidade biométrica com a finalidade de eliminar ruídos (DUDA; HART; STORK, 2000).
- **Módulo de Extração de Características:** No processo de extração, são identificadas e extraídas informações fundamentais da modalidade biométrica fornecida pelo indivíduo. Essas informações são denominadas características, atributos ou templates. Estes atributos devem conter todas as informações necessárias para que um indivíduo possa ser identificado posteriormente. Antes que seja realizada a extração dos atributos propriamente dita, é feita uma checagem da qualidade da amostra fornecida. Se a modalidade biométrica fornecida não for suficientemente boa para a extração das características relevantes para identificação, esta será rejeitada pelo sistema. As

informações desnecessárias são descartadas, o que evita que características desnecessárias sejam cadastradas, diminuindo a quantidade de atributos e aumentando a velocidade nos processos de identificação ou verificação. O atributo é gerado a partir de algoritmos que variam de acordo com cada tipo de modalidade biométrica a ser utilizada. Os atributos também podem ser criptografados pelo algoritmo que realizará a extração, para fornecer uma maior segurança dos dados que serão cadastrados no processo de armazenamento.

- **Armazenamento:** O processo de armazenamento também é conhecido como cadastramento (do inglês *enrollment*). Neste processo, são cadastrados os atributos no sistema, para que possa ser realizada a identificação ou a verificação deste indivíduo posteriormente. Neste processo, pode ser cadastrado junto com os atributos algum identificador ligado a estes atributos, fundamental para que o processo de verificação ocorra posteriormente. O processo de armazenamento ocorre apenas quando o usuário ainda não possui seu template cadastrado no sistema ou quando deseja realizar um novo cadastro, não sendo necessário quando se deseja apenas reconhecer o usuário.
- **Comparação:** O processo de comparação consiste em analisar se um conjunto de atributos extraídos de um determinado indivíduo é similar ao conjunto de atributos armazenados no sistema. A partir dos atributos extraídos do usuário e dos atributos armazenados no sistema, é calculado pelo algoritmo de comparação um escore ou limiar de reconhecimento. Este escore é gerado por diversas técnicas que variam de acordo com a modalidade biométrica. A partir desse escore, o sistema biométrico deve definir se o indivíduo em questão deve ser aceito ou rejeito. Geralmente, este escore é usado como entrada para o módulo de decisão, o qual verifica se este escore é maior ou igual a um limiar pré-definido. Se maior ou igual a este limiar o indivíduo será aceito. Caso contrário, será rejeitado.

Dependendo do contexto, um sistema biométrico pode atuar de duas formas diferentes (BOLLE et al., 2004), este pode atuar como um sistema de verificação (autenticação) realizando uma comparação um para um, cujo objetivo é confirmar ou negar a identidade reivindicada pelo indivíduo. Neste caso, o sistema visa responder a seguinte questão: “Esta pessoa é quem ela diz ser?”; ou pode ser um sistema de identificação (reconhecimento) que realiza uma comparação de um para muitos, o qual visa encontrar o cadastro pertencente ao indivíduo em um banco de dados. Neste caso o sistema é projetado para responder a

questão: “Quem é esta pessoa?”. Para tornar possível o uso do sistema é necessário que o indivíduo, primeiramente, realize seu cadastro para que em um segundo momento possa ser realizada a requisição de verificação ou identificação. A verificação é realizada com o auxílio de algum identificador vinculado às características biométricas armazenadas para este indivíduo, como por exemplo, o número do cadastro de pessoas físicas ou o usuário e senha de um determinado sistema (COSTA, 2004). Neste caso, compara a característica armazenada deste indivíduo com a característica que está sendo fornecida pelo indivíduo a ser reconhecido. A forma de identificação é bastante utilizada em investigações policiais ou quando deseja descobrir se um indivíduo pertence a um determinado grupo de pessoas de interesse. Esta dissertação foca em identificação.

Dentre os dois modos de reconhecimento, a verificação biométrica é a que alcançou maior ascensão nos últimos anos devido à dificuldade de acesso e a precisão que os sistemas biométricos obtiveram ao longo dos anos. A Figura 1 mostra o processo de cadastro, que envolve a aquisição, extração e armazenamento, e as formas de reconhecimento (verificação e identificação) (JAIN; MALTONI, 2003):

2.2 *Evolução histórica*

Ao longo da evolução da civilização humana, as pessoas sempre tiveram a necessidade de autenticar outras pessoas de uma forma ou de outra. Tradicionalmente, os métodos de identificação de pessoas são baseados em três grandes grupos ou credenciais (JAIN; ROSS; PRABHAKAR, 2004):

- Posse (o que você tem): este método baseia-se na ideia de que o usuário possui um objeto que o identifique, como cartões bancários, mídias magnéticas portáteis que contenham a identificação do usuário, passaportes, etc.
- Conhecimento (o que você sabe): este método utiliza algum conhecimento secreto do usuário para que este possa ser identificado. Este conhecimento é compartilhado apenas entre o sistema e o usuário, como por exemplo, senhas de acesso.
- Biometria (o que você é): este método utiliza características físicas ou comportamentais dos indivíduos como forma de identificação única, sendo difícil de compartilhar, roubar, forjar e de ser alterada.

Figura 1 – Principais processos em um sistema biométrico (JAIN; MALTONI, 2003)

A palavra biometria é originária da união de duas outras palavras do grego, *bio* que significa vida e *metrein* que significa medir. Biometria é o ramo da ciência que estuda a mensuração dos seres vivos através de métodos estatísticos quantitativos biológicos e/ou comportamentais. Recentemente, a biometria foi associada à medida de características físicas ou comportamentais das pessoas, como forma de identificá-las. A premissa em que a biometria se fundamenta é a de que cada indivíduo é único e possui determinadas características físicas e comportamentais distintas.

A biometria já é conhecida e utilizada por longa data pela humanidade. Existem evidências de que na era pré-histórica, há aproximadamente 31.000 anos atrás, desenhos feitos nas paredes das cavernas eram aparentemente assinados pelas impressões digitais de seus autores. Também há evidências de que, segundo (National Science and Technology Council's (NSTC) Subcommittee on Biometrics, 2006), que os babilônicos utilizavam suas impressões digitais para efetivação de transações comerciais em mesas de argila.

Segundo (POLEMI, 1997) o primeiro sistema biométrico real foi criado pelo Antropólogo francês Alphonse Bertillon em 1870. Em seus estudos Bertillon utilizava diversas medidas do corpo, tais como, impressões digitais e fotografias para identificação de criminosos, buscando padrões mensuráveis que pudessem diferenciar as pessoas umas das outras, denominado *Bertillon System*. Mesmo com métodos imprecisos e falhos, o *Bertillon System* é um marco no avanço da identificação de pessoas.

Em 1892, o primeiro sistema de classificação de impressões digitais foi criado por Sir Francis Galton. O sistema de Galton utilizava os dez dedos das mãos e características denominadas minúcias. Desde então, diversos outros sistemas biométricos que utilizam impressões digitais, criados depois do sistema de Galton, utilizam as minúcias como característica para a tarefa de reconhecimento.

É observável que o desenvolvimento das tecnologias biométricas aumentou muito com a ascensão da Computação e da Matemática, que permitiu que fossem colocadas em prática novas técnicas de reconhecimento de padrões e aquisição biométrica, até então impossíveis de serem realizadas sem o auxílio de recursos computacionais. Isso fica evidente ao observar que os grandes avanços da biometria se deram a partir da metade do século XX, pouco tempo depois da invenção dos computadores, dando origem aos sistemas de informação capazes de realizar tal reconhecimento, denominados sistemas biométricos.

Diversas características biométricas podem ser utilizadas quando se deseja identificar um indivíduo. As modalidades biométricas estão divididas em dois grandes grupos: as modalidades físicas ou estáticas e as comportamentais. Segundo (CLARKE, 1994) e (ODINAKA et al., 2012) qualquer característica física ou comportamental humana pode ser usada como característica biométrica desde que ela satisfaça alguns requisitos básicos:

- Universalidade: toda a população (a ser reconhecida) deve possuir tal característica biométrica utilizada;
- Unicidade: uma característica biométrica deve ser única para cada indivíduo, ou seja, a possibilidade de indivíduos distintos possuírem características biométricas idênticas deve ser nula ou desprezível;
- Permanência: a característica biométrica deve ser imutável. Na prática, existem alterações ocasionadas pelo envelhecimento, pela mudança das condições de saúde ou mesmo emocionais das pessoas e por mudanças nas condições do ambiente de coleta;

- Viabilidade de Coleta: a característica tem que ser passível de mensuração por meio de um dispositivo;
- Aceitação: a coleta da característica deve ser tolerada pelo indivíduo em questão. Na prática, existem preocupações com higiene, com privacidade e questões culturais que diminuem a aceitação da coleta.

As modalidades biométricas físicas normalmente se originam a partir de características genéticas dos indivíduos que são imutáveis ou variam muito pouco com o passar dos anos, sem comprometer sua eficácia na identificação, e são únicas para cada indivíduo. São exemplos de modalidades biométricas físicas: a impressão digital, geometria da mão, íris, retina, face, o DNA, entre outras.

Já as modalidades biométricas comportamentais são mais propensas a alterações ao longo do tempo, que as modalidades físicas e, por isso, não são largamente utilizadas. No entanto, a modalidade comportamental apresenta uma vantagem em relação à modalidade física, essa pode refletir, além da identificação do indivíduo, o caráter psicológico do indivíduo, por exemplo, medo, estresse e euforia. Por outro lado, esta pode ser uma desvantagem quando não há interesse em levar em consideração o caráter psicológico do indivíduo em um processo de reconhecimento. As principais modalidades comportamentais são assinatura, dinâmica da escrita, voz, movimento labial, dinâmica da digitação e forma de andar.

2.3 Sinais Biomédicos aplicados à biometria

Sabe-se que a informação biológica de uma pessoa é geneticamente regida pelo ácido desoxirribonucleico (DNA), cujo principal papel é armazenar as informações necessárias para a construção das proteínas e do ácido ribonucleico (RNA) (CONSORTIUM, 2001)(SZATHMÁRY, 1999). Já as proteínas, geralmente, são responsáveis pela existência de singularidade em certas partes do corpo (JAIN; ROSS; PRABHAKAR, 2004). Órgãos como o coração, cérebro e músculo são compostos de tecidos proteicos chamados células do miocárdio, glias e fibras musculares, respectivamente. Portanto, os sinais elétricos evocados a partir desses órgãos devem mostrar a singularidade dos indivíduos (SIMON; ESWARAN, 1997). Por último, mas não menos importante, os ataques por circunvenção ou repetição em sistemas biométricos baseados em sinais de ECG, EEG e EMG são muito difíceis de

serem realizados. Consequentemente, se os sinais de ECG, EEG e EMG forem empregados como modalidades biométricas, têm uma confiança maior de que estes são provenientes de um indivíduo legítimo e que está de fato presente durante a identificação. Esta é uma condição essencial para o adequado funcionamento de um sistema biométrico aplicado em mundo real.

2.3.1 O Sinal de Eletrocardiograma

O eletrocardiograma (ECG) é o registro da atividade elétrica durante o ciclo cardíaco por meio de um aparelho denominado eletrocardiógrafo. A análise dos sinais de ECG pode prover informações valiosas sobre o estado cardíaco do paciente. A análise, diagnóstico, e interpretação de um ECG são importantes, pois este consiste de procedimentos efetivos, simples, não evasivos e de baixo custo e também fornece uma visão sobre a função anormal do coração para muitas doenças cardíacas (isto é, arritmia, isquemia cardíaca, alteração crônica da estrutura mecânica do coração, etc) (SAHOO; BEHERA; ARI, 2011). Qualquer desordem no ritmo cardíaco ou alteração no padrão morfológico é um indicativo de arritmia cardíaca e esta poderia ser detectada analisando a forma de onda do ECG. Por outro lado, o monitoramento visual de longos registros de sinais de ECG por um ser humano é uma tarefa árdua e bastante demorada, cuja monotonia pode conduzir a um aumento de perda de informação clínica. Assim, muitos métodos baseados em computador têm sido propostos para automaticamente diagnosticar as anormalidades dos batimentos cardíacos a partir do sinal de ECG. O princípio fundamental de tais métodos é baseado em técnicas de reconhecimento de padrões.

Um eletrocardiograma é composto pelas ondas P, Q, R, S e T, ilustradas na Figura 2. A onda P ocorre na despolarização pelo átrio, logo antes da sístole atrial. Após a onda P, aparecem as ondas Q, R e S, também chamadas de *complexo QRS*, que indicam a despolarização dos ventrículos, antes da sístole ventricular. Por fim, a onda T representa a fase de repolarização dos ventrículos, que indica o início da diástole ventricular. A diástole atrial, no ciclo cardíaco, ocorre no mesmo momento do complexo QRS, e por isso, uma onda T atrial é raramente registrada no eletrocardiograma.

Outras propriedades importantes dos sinais de ECG são os intervalos entre as ondas. Os intervalos mais importantes são PQ, largura QRS, QT, ST e RR. O intervalo RR é o tempo de duração entre a onda R de dois batimentos cardíacos consecutivos. A onda P

representa a duração do tempo de despolarização dos átrios, enquanto o complexo QRS e ondas T representam a despolarização e repolarização dos ventrículos, respectivamente. A forma de onda da repolarização atrial (onda U) é obscurecida pela contração ventricular, uma vez que o ventrículo tem maior massa muscular. O desempenho de quase todos os sistemas de diagnóstico do coração, que utilizam características extraídas do sinal de ECG, depende muito da detecção precisa e confiável destes atributos, sendo que o mais importante é o complexo QRS. Como observado por (SKORDALAKIS, 1986), a maioria dos detectores de QRS pode ser dividido em duas fases: uma fase de pré-processamento e uma fase de decisão. Na fase de pré-processamento incluem-se filtragem linear e transformação não-linear do sinal de ECG. Os filtros têm o objetivo de eliminar ruídos de diversas fontes (muscular, eletromagnético, interferência da linha de energia elétrica), artefatos de movimento e a oscilação da linha de base devido à respiração. A frequência de corte e a largura de banda utilizadas nesse estágio devem garantir boa relação sinal/ruído (SNR), preservar as características do ECG, evidenciando os complexos QRS para facilitar a localização dos pontos fiduciais, o instante de ocorrência dos picos da onda R. Já a decisão inclui um detector de picos, ou pontos fiduciais do sinal, o qual possui uma lógica de decisão baseada no conhecimento do especialista para validação dos picos detectados (KOHLE; HENNIG; ORGLMEISTER, 2002).

Diversas abordagens têm sido propostas para a detecção do complexo QRS no sinal de ECG: redes neurais artificiais (XUE; HU; TOMPKINS, 1992; COHEN et al., 1995; BEHRAD; FAEZ, 2001; REAZ; WEI, 2004), transformada wavelet (DINH et al., 2001; SZILAGYI et al., 2001), filtros digitais passa-banda e filtros derivativos (PAN; TOMPKINS, 1985; HAMILTON; TOMPKINS, 1986; YEH; WANG, 2008), e métodos heurísticos baseados em transformações não-lineares (ARAFAT; HASAN, 2009). A combinação de técnicas também tem sido utilizada (ARAFAT; HASAN, 2009; ZARRINI; SADR, 2009) como forma de potencializar o desempenho de detecção. A variabilidade morfológica do ECG, bem como a presença de ruídos são os maiores desafios dos algoritmos de detecção de complexo QRS. Em geral, esses algoritmos representam um processo de busca contínua no sinal, com objetivo de identificar o ponto fiducial de cada ciclo cardíaco, o instante de ocorrência da onda R e com base neste delimitar o complexo QRS, identificando também as ondas Q e S. Após a detecção de QRS, características são extraídas do sinal e técnicas de reconhecimento de padrão são empregadas para classificar o sinal.

Figura 2 – Sinal de ECG com anotação das ondas P, Q, R, S e T.

2.3.2 Aplicação de sinais de eletrocardiograma em biometria

Os sinais de ECG adquiridos de pessoas diferentes apresentam características heterogêneas. A heterogeneidade foi verificada em estudos realizados para diagnosticar arritmias presentes no funcionamento do coração (HAMPTON, 2013). A característica de heterogeneidade dos sinais de ECG resulta geralmente da mudança do potencial iônico, tempo que o potencial iônico leva para se espalhar para os diferentes músculos cardíacos, os níveis plasmáticos de eletrólitos (por exemplo, potássio, cálcio e magnésio, etc), e as diferenças rítmicas. Estas diferenças são refletidas de diversas formas, tais como mudança na morfologia, diferença de amplitudes e a variação em intervalos de tempo das características fiduciais dominantes no batimento cardíaco. Diferenças na estrutura do coração, tais como geometria do peito, posição, tamanho e condição física entre os indivíduos também se manifestam como uma característica única em seu ritmo de batimento cardíaco.

Um sistema de reconhecimento biométrico baseado no sinal de ECG é apresentado na Figura 3. Primeiro, o sinal de ECG é adquirido, pré-processado e convertido para um formato digital, sendo então filtrado. Após a filtragem do sinal, é realizada a etapa de detecção dos complexos QRS do sinal. Em seguida, são aplicadas técnicas de extração de características sobre os sinais de ECG segmentados, gerando um vetor de características a ser utilizado como entrada para o classificador. Após a construção do classificador, o usuário pode ser reconhecido (CANENTO et al., 2013).

Um dos primeiros estudos que demonstraram a possibilidade de utilização do sinal de ECG em aplicação biométrica foi realizado por Biel et al. (BIEL et al., 2001). Eles realizaram experimentos com um grupo de 20 indivíduos, incluindo homens e mulheres,

Figura 3 – Diagrama de blocos de um sistema biométrico baseado em ECG.

sendo que cada um tinha idade entre 20 e 55 anos. Todas as características extraídas eram geralmente utilizadas para ajudar no diagnóstico clínico de arritmias cardíacas. Um método baseado em análise multivariada foi utilizado para a classificação; análise de componentes principais (PCA) foi utilizada para interpretar as semelhanças e diferenças dos batimentos cardíacos entre os indivíduos.

Vale ressaltar que alguns métodos que utilizaram o ECG como modalidade biométrica não têm alcançado uma precisão adequada (SINGH; SINGH, 2012; SINGH; SINGH; GUPTA, 2012). Entretanto, estes autores argumentam que a informação do ECG pode ajudar a melhorar a segurança do sistema se utilizada em conjunto com outras modalidades biométricas numa abordagem multimodal. De acordo com os autores, o sistema proposto pode funcionar de forma simples pelo usuário, de tal modo que os dados de ECG podem ser adquiridos simultaneamente com outra modalidade biométrica, como, por exemplo, impressão digital e a aquisição da imagem facial. Portanto, em aplicações que exigem critérios rígidos de segurança, o emprego dos sinais de ECG pode reduzir o espaço de busca. Logo a chance de reconhecer a pessoa correta usando outra modalidade biométrica pode ser aumentada.

2.3.3 Banco de Dados de ECG

Uma das maiores dificuldades existentes ao trabalhar com modalidades biométricas provenientes de bio-sinais é a falta de bancos de dados públicos contendo grandes volumes de dados para a realização de testes em larga escala. Isto não ocorre com modalidades biométricas tradicionais, tais como impressão digital e face. A maioria dos trabalhos

pesquisados utilizou bancos de dados disponibilizados pelo sistema Physionet, que contém um conjunto de bancos de dados de bio-sinais para a área de diagnóstico médico. Estes têm sido utilizados para os testes em sistemas biométricos baseados em ECG. Na busca realizada, foi possível identificar que dois bancos de dados principais do sistema Physionet, o *MIT-BIH Arrhythmia Database* e o *The PTB Diagnostic ECG Database* (GOLDBERGER et al., 2000 (June 13)) foram os mais utilizados.

Foram encontrados 12 trabalhos que criaram seus próprios conjuntos de dados, realizando cadastro em uma população controlada e fazendo uso de algum sensor eletrônico para a captura dos sinais de ECG. Nenhum desses trabalhos disponibilizou a base de dados utilizada. A Figura 4 apresenta o primeiro batimento para os indivíduos #1 e #100:

Figura 4 – Exemplos de batimentos extraídos dos indivíduos #1 e #100 da base de dados PTB.

2.3.4 Comparação entre os sistemas biométricos baseados em ECG

A comparação de desempenho entre os diversos sistemas biométricos baseados em ECG é uma tarefa árdua e difícil de ser executada, dada a diversidade de técnicas e o tamanho do conjunto de dados. Nesta revisão, não foi levado em consideração o tamanho do conjunto de dados, uma vez que em todos os trabalhos pesquisados não foi encontrado nenhum que utilizasse um conjunto de dados contendo mais que 1000 indivíduos, que são normalmente utilizados para testes de desempenho em outras modalidades biométricas. Logo, optou-se por dividir os trabalhos entre aqueles que utilizam até 99 indivíduos em seu conjunto de dados e aqueles que possuem mais de 99 indivíduos em seu conjunto de dados. Na comparação realizada, foi levado em conta apenas a acurácia obtida no processo de reconhecimento, utilizando apenas uma amostra do sinal de ECG para a tomada de decisão.

Nos trabalhos onde a acurácia geral não estava explicitamente definida, foi utilizada a medida dada pela taxa de acurácia utilizada no determinado trabalho.

No primeiro conjunto, pode-se destacar os estudos realizados por (YE; COIMBRA; KUMAR, 2010), que utilizaram uma Máquina de Vetores Suporte (do inglês *Support Vector Machine* - SVM) como classificador e obtiveram uma taxa de reconhecimento igual a 99,6%, e (FATEMIAN; HATZINAKOS, 2009) obtiveram a mesma acurácia utilizando um classificador do tipo escore de correspondência (do inglês *match score*). Nos trabalhos que utilizam mais de 99 indivíduos em seu conjunto de dados, pode-se destacar os trabalhos de (HEGDE et al., 2011), que obteve 99% de taxa de acerto em um conjunto de dados composto por 135 indivíduos. Ao analisar qual abordagem apresenta o melhor desempenho, observa-se que tanto as técnicas de extração de características fiduciais como não-fiduciais apresentaram resultados próximos de 100%. Na Tabela 1 são descritos todos os resultados sumarizados, com sua respectiva acurácia.

Tabela 1 – Resultados Consolidados

Autores	Ano Publicaç ao	Fonte	Conjunto de Dados	Qtd. Amostras	Pré Processamento	Abordagem	Extração	Classificador	Taxa de Acerto
Aghakabi, A.	2011	IEEE	PTB	294	Sim	Não Fiducial	MFCC	kNN	94,70
Agrafioti, F.	2010	IEEE	Proprietário	52	Não	Fiducial	AC/LDA	LDA	92,30
Bashar, M. K.	2015	IEEE	PTB	60	Sim	Não Fiducial	Índice Estatístico	Distância Euclidiana	91,67
Bugdol, M. D.	2014	ScienceDirect	Proprietário	36	Não	Fiducial	Complexo QRS	kNN	92,00
Can Ye	2010	IEEE	MIT-BIH	47	Sim	Não Fiducial	WT/ICA	SVM	99,60
Choi, H. S.	2016	IEEE	Proprietário	175	Sim	Fiducial	Complexo QRS	SVM	95,99
Fatemian, S.Z.	2009	IEEE	PTB	32	Sim	Não Fiducial	Template	Match-Score	99,60
Guangying, Y.	2010	IEEE	Proprietário	47	Não	Não Fiducial	WT	RNA	91,00
Gurkan, H.	2013	IEEE	PTB	30	Sim	Não Fiducial	AC/DCT/MFCC/QRS	kNN	97,31
Hari, S.	2013	IEEE	Proprietário	52	Não	Não Fiducial	AC/LDA	HC	94,5
Hegde, C.	2011	Scopus	MIT-BIH e PhysioNet QT	135	Sim	Não Fiducial	Radon transform	Match-Score	99,00
Islam, M.S.	2012	IEEE	MIT-BIH	47	Não	Fiducial	Morfologia do Batimento	Match-Score	98,00
Iqbal, F. t. Z.	2015	IEEE	Proprietário	30	Sim	Não Fiducial	WT	Rede Neural	96,40
Jiexin Gao	2011	IEEE	BioSec.Lab	52	Não	Fiducial	AC/LDA	Match-Score	92,00
Loh Sik Hou	2011	IEEE	Proprietário	35	Sim	Não Fiducial	TF	RNA	96,67
Loong, J. L. C.	2010	IEEE	Proprietário	15	Sim	Não Fiducial	LPC	Rede Neural	99,62
Lourenco, A.	2012	IEEE	Proprietário	32	Não	Fiducial	ECG waveform	SVM	92,70
Lourenco, A.	2012	Scopus	Proprietário	62	Sim	Fiducial	Complexo QRS	Match-Score	97,80
Odinaka, I.	2010	IEEE	Proprietário	269	Sim	Não Fiducial	STFT	LLR	93,50
Rabhi, E.	2013	IEEE	MIT-BIH	18	Sim	Não Fiducial	HP	Modelos Escondidos de Markov	95,08
Rogers, E. S.	2006	IEEE	PTB	14	Sim	Fiducial	AC	Dist. Euclidiana	99,41
Safie, S.I.	2011	IEEE	PTB	112	Não	Fiducial	Complexo QRS	Match-Score	91,01
Safie, S.I.	2014	IEEE	PTB	112	Sim	Não Fiducial	PAT	Dist. Euclidiana	94,70
Shen, J.	2011	IEEE	PTB	13	Sim	Não Fiducial	PLR	Dynamic Time Warping	100
Shih-Chin F.	2009	ACM	Proprietário	100	Não	Não Fiducial	PSR	MNPD	93,00
Shih-Chin F.	2013	ACM	Proprietário	100	Sim	Não Fiducial	DCT	MNPD	96,00
Sidek, K.	2010	IEEE	MIT-BIH	36	Não	Fiducial	Complexo QRS	PRD	95,54
Sidek, K.	2012	IEEE	Proprietário	30	Não	Fiducial	Complexo QRS	RNA	96,10
Sidek, K.	2012	IEEE	MIT-BIH	30	Não	Fiducial	Complexo QRS	RNA	99,40
Sidek, K. A.	2012	ScienceDirect	MIT-BIH	70	Sim	Não Fiducial	Wavelets	Match-Score	94,00
Singh, Y. N.	2012	ACM	MIT-BIH	78	Não	Fiducial	Complexo QRS	Match-Score	99,00
Tantawi, M.	2012	IEEE	PTB	38	Sim	Fiducial	Complexo QRS	RNA	97,37
Tantawi, M. M.	2011	ACM	PTB	51	Não	Fiducial	Complexo QRS	SVM	98,00
Tawfik, M.	2010	IEEE	Proprietário	22	Sim	Fiducial e Não Fiducial	Complexo QRS e DCT	Rede Neural	99,09 e 97,72
Vuksanovic, B.	2013	IEEE	MIT-BIH	47	Sim	Não Fiducial	Modelos AR	kNN	71,00
Zeng F.	2012	IEEE	MIT-BIH	47	Não	Fiducial	Índices Estatísticos	Match-Score	96,00

As abordagens fiduciais e não fiduciais citadas na tabela 1 estão ligadas a maneira em que as características são extraídas. Na abordagem fiducial as características são extraídas diretamente de pontos obtidos do sinal de ECG filtrado ao passo que a abordagem não fiducial obtêm as características a partir de alguma de técnica de transformação do sinal ou obtenção de coeficientes que representem esse sinal. Ambas abordagens serão detalhadas no capítulo 3.

2.3.5 Sensores biométricos de ECG

A utilização do sinal de ECG como modalidade biométrica atende a todos os requisitos necessários de universalidade, unicidade, permanência, aceitação e viabilidade de coleta que uma modalidade biométrica precisa para ser utilizada em um sistema biométrico. No entanto a viabilidade de coleta, embora seja facilitada em ambientes como hospitais e laboratórios, ainda é um desafio para o desenvolvimento de sensores para a captura da amostra biométrica em aplicações do mundo real (CHOI; LEE; YOON, 2016).

Recentemente muitos estudos na área de sensores vem produzindo resultados importantes neste campo, realizando a coleta da amostra biométrica do sinal de ECG a partir de sensores posicionados nos dedos e nas mãos da população atendida pelo sistema biométrico utilizando um unico canal de sinal ao passo que também torna mais acessível a implantação do sistema biométrico sob o ponto de vista de investimento financeiro (REVETT; DERAVID; SIRLANTZIS, 2010; SILVA et al., 2013b; CHOI; LEE; YOON, 2016).

Nos trabalhos de (SILVA et al., 2013b) foi proposto a utilização de um sensor biométrico não invasivo para a verificação (1:1) biométrica. O sensor utilizado no trabalhos de (SILVA et al., 2013b) foi composto utilizando dois eletrodos AgCl secos anexados a uma plataforma acoplada a um teclado de computador. Estes eletrodos coletam o sinal de ECG ao passo que o usuário interage com o computador como é observado na Figura 5

Utilizando uma abordagem semelhante, (WAHABI et al., 2014) utilizou um sensor composto por três eletrodos do tipo AgCl seco, um positivo, um negativo e outro de referência (terra), neste sensor o usuário posiciona o polegar esquerdo sobre o eletrodo positivo, o polegar direito sobre o eletrodo negativo e o eletrodo de referência permanece em contato com o dedo indicador durante a captura da amostra biométrica como mostra a Figura 6:

Figura 5 – Sensor de ECG utilizando por (SILVA et al., 2013b), a esquerda o sensor acoplado ao teclado e a direita sua interação com o usuário.

Figura 6 – Sensor de ECG utilizando por (WAHABI et al., 2014).

Nos trabalho de (CHOI; LEE; YOON, 2016) foi utilizado um sensor de baixo custo denominado CardioChip fabricado pela empresa Neurosky (<http://neurosky.com/>) como é mostrado na Figura 7. Diferentemente dos trabalhos de (SILVA et al., 2013b) e (WAHABI et al., 2014), (CHOI; LEE; YOON, 2016) realizou o processo de identificação, gerando seu próprio conjunto de dados obtidos a partir da captura dos sinais de ECG de voluntários. Neste trabalho foi alcançada uma taxa de acerto de 95,99 utilizando 175 de seu conjunto de dados.

Embora ainda não existam aplicações em larga escala utilizando a modalidade biométrica ECG, os resultados obtidos até então com o uso de bancos de dados públicos

Figura 7 – Sensor de ECG utilizando por (CHOI; LEE; YOON, 2016).

bem como o desenvolvimento contínuo de sensores de baixo custo, sugerem que esta modalidade biométrica possui potencial de expansão e utilização em aplicações do mundo real.

3 Métodos de Extração de Características

3.1 Introdução

Na literatura diversos métodos têm sido propostos para tratar o sinal de ECG como um candidato a uma modalidade biométrica que pode ser utilizado para identificação de pessoas (IRVINE et al., 2008; IRVINE; ISRAEL, 2009; SINGH; GUPTA, 2008; SINGH; GUPTA, 2009a; SINGH; GUPTA, 2009b; SHEN; TOMPKINS; HU, 2002; WANG et al., 2008), sendo que a grande maioria utiliza apenas um canal. Em (BIEL et al., 2001) foi mostrado que um único canal contém informação suficiente para permitir o reconhecimento biométrico. O estudo realizado nesta dissertação segue esta metodologia.

Baseado nas informações extraídas do sinal de ECG, é possível classificar os métodos de extração de característica em fiduciais, não fiduciais e híbridos. Pontos fiduciais são aqueles pontos de interesse em um batimento cardíaco, tais como os picos das ondas P, Q, R, S e T. Abordagens baseadas em pontos fiduciais analisam e extraem características locais para projetar um sistema biométrico, tais como diferenças temporais, amplitudes, áreas e ângulos entre os pontos fiduciais consecutivos ou características dinâmicas do complexo QRS (ODINAKA et al., 2012; ISRAEL et al., 2005b; SINGH; GUPTA, 2008; SINGH; GUPTA, 2009a; BUGDOL; MITAS, 2014; CHOI; LEE; YOON, 2016). Por outro lado, abordagens independentes dos pontos fiduciais tratam o sinal de ECG ou o batimento cardíaco isolado holisticamente e extraem características baseadas na morfologia da forma de onda, ou aplicam alguma transformação no sinal, extraíndo coeficientes, fazem alguma compactação do sinal (IRVINE et al., 2008; IRVINE; ISRAEL, 2009) ou geram algum índice estatístico (ZENG et al., 2012; BASHAR; OHTA; YOSHIDA, 2015). Esta distinção tem uma analogia com sistemas biométricos baseados em face, onde a primeira abordagem (dependente dos pontos fiduciais) opera localmente e extrai característica tais como distância entre os olhos ou o tamanho da boca. Uma abordagem holística deverá analisar a imagem facial globalmente. Alguns trabalhos utilizam ambas as abordagens para extração de características, sendo conhecida como abordagem híbrida (SHEN; TOMPKINS; HU, 2002; WANG et al., 2008).

Antes de aplicar qualquer técnica de extração de característica deve-se realizar um pré-processamento do sinal de ECG. Este consiste em um dos passos mais importantes para reconhecimento biométrico. Geralmente, o pré-processamento realizado em três fases: filtragem, normalização e segmentação. Na filtragem, um filtro passa-banda Butterworth

de ordem 4 com frequência de corte de 1Hz e 40Hz (WANG et al., 2008) é utilizado de forma a remover os ruídos presentes no sinal. Em seguida, para cada indivíduo, o valor médio de todos os batimentos é subtraído de cada amostra do sinal de ECG de forma a remover o efeito do deslocamento do sinal. Posteriormente, o sinal é dividido pelo desvio padrão. Ao final desse processo, temos um sinal filtrado e normalizado com média zero e desvio padrão um. A última etapa corresponde à detecção do complexo QRS. Nesta dissertação, foi utilizado o algoritmo de Pan-Tompkins para fazer a detecção dos complexos QRS (PAN; TOMPKINS, 1985).

O algoritmo Pan-Tompkins (PAN; TOMPKINS, 1985) é descrito na Figura 8. Inicialmente, dois filtros (um filtro passa baixa e um filtro passa alta) são aplicados de forma a destacar as características do sinal que são referentes aos complexos QRS, ao mesmo tempo em que elimina as informações irrelevantes. Esses filtros juntos formam um filtro passa-banda de largura de banda que varia de 5 a 11 Hz. Em seguida, um filtro derivativo é aplicado ao sinal, o qual minimiza o ruído e também enfatiza as informações provenientes dos complexos QRS. Na próxima etapa, os valores resultantes do filtro derivativo são elevados ao quadrado, enfatizando ainda mais os complexos QRS. Posteriormente, um integrador de janela móvel é aplicado, o qual calcula a média das últimas 30 amostras do sinal. Após a aplicação do integrador de janela móvel, é possível identificar alguns picos, os quais correspondem ao pico R. Em seguida, alguns limiares são ajustados automaticamente para detectar o pico das ondas Q e S. Quando o intervalo entre dois picos R é menor que 360 ms, uma análise é realizada para determinar se o complexo QRS foi identificado corretamente ou se ele corresponde a uma onda T. Se a inclinação máxima que ocorre nessa onda é menor que metade da onda QRS anterior, então essa inclinação é identificada como uma onda T, caso contrário classifica-se o intervalo como um novo complexo QRS.

Figura 8 – Estágios de Detecção do complexo QRS do algoritmo de Pan-Tompkins.

O algoritmo de Pan-Tompkins não menciona nada a respeito da detecção da onda P. Nesta dissertação, foi realizada uma busca para analisar m pontos antes da onda Q de modo a detectar o máximo local, o qual representa o pico da onda P. De modo a melhorar a detecção do pico da onda T foi realizada uma análise de n pontos após a onda S, de forma localizar o máximo local, que é o pico da onda T.

Com o intuito de melhorar a precisão dos valores obtidos para os picos das ondas P, Q, R, S, T, foi empregada uma janela deslizante sobre o sinal de ECG, contendo k batimentos. Todos estes batimentos foram centralizados em relação ao pico R e foi gerado um novo batimento. De forma geral, para cada complexo QRS(i) é calculado um novo QRS usando a média dos pontos do QRS(i) até o QRS($i + k - 1$), sendo k o número de complexos QRS utilizados na janela deslizante, como mostrado na Figura 9.

Figura 9 – Geração do novo sinal de ECG.

Após este pré-processamento do sinal de ECG, pode-se aplicar as técnicas de extração de características. Neste trabalho o valor de k foi empiricamente definido igual a 5.

3.2 Extração de Características Fiduciais

A tabela 2 apresenta as características fiduciais extraídas do sinal de ECG. A título de ilustração estas características são mostradas na Figura 10.

Tabela 2 – Conjunto de características fiduciais.

Características	
Distâncias	QR, RS, PQ, PR, RT, PS, QT, PT
Amplitudes	QRS, PT, SP, QP, PR, TR, QS, QT, ST, SR
Inclinações	Obtidas de acordo com a Equação 1
Ângulo dos Segmentos	$\widehat{PQR}, \widehat{QRS}, \widehat{RST}$
Área dos polígonos formados a partir das coordenadas	$\{x(P), y(P)\}, \{x(P), y(R)\}, \{x(R), y(R)\}$
	$\{x(P), y(P)\}, \{x(Q), y(Q)\}, \{x(P), y(Q)\}$
	$\{x(P), y(P)\}, \{x(R), y(R)\}, \{x(Q), y(Q)\}$
	$\{x(R), y(R)\}, \{x(S), y(S)\}, \{x(T), y(T)\}$
	$\{x(S), y(S)\}, \{x(T), y(S)\}, \{x(T), y(T)\}$
	$\{x(T), y(T)\}, \{x(T), y(R)\}, \{x(R), y(R)\}$
Área do polígono formado a partir das coordenadas do complexo QRS	$\{x(Q), y(Q)\}, \{x(R), y(R)\}, \{x(S), y(S)\}$
Soma das características	Soma de todas as áreas
Distância Euclidiana	$\{x(T), y(R)\}, \{x(Q), y(Q)\}$
	$\{x(P), y(R)\}, \{x(S), y(S)\}$

Figura 10 – Características extraídas do complexo QRS.

O cálculo das inclinações foi realizado seguindo a abordagem proposta por (HAMDI; SLIMANE; KHALIFA, 2014). Este processo de extração de cálculo de inclinações são utilizadas as onda P, R e T, obtendo duas inclinações de cada onda como demonstra a Figura 11.

$$\begin{aligned}
 a_1 &= \frac{Y(P) - Y(X(P) - 2)}{X(P) - (X(P) - 2)} \\
 a_2 &= \frac{Y(P) - Y(X(P) + 2)}{X(P) - (X(P) + 2)} \\
 a_3 &= \frac{Y(R) - Y(X(R) - 2)}{X(R) - (X(R) - 2)} \\
 a_4 &= \frac{Y(R) - Y(X(R) + 2)}{X(R) - (X(R) + 2)} \\
 a_5 &= \frac{Y(T) - Y(X(T) - 2)}{X(T) - (X(T) - 2)} \\
 a_6 &= \frac{Y(T) - Y(X(T) + 2)}{X(T) - (X(T) + 2)}
 \end{aligned} \tag{1}$$

Figura 11 – Obtenção das inclinações das ondas de acordo com a abordagem de (HAMDI; SLIMANE; KHALIFA, 2014)

3.3 Extração de Características não fiduciais

Nesta seção, serão descritas todas as técnicas de extração características não fiduciais abordadas neste trabalho. A seleção destas características baseou-se em técnicas tradicionais de processamento de sinais, técnicas largamente utilizadas na extração de características

para diagnostico de cardiopatia e classificação de batimentos cardíacos, técnicas tradicionais utilizadas e provenientes de estudos recentes para extração de características para sistemas biométricos baseados em sinais de ECG.

3.3.1 Características extraídas do domínio do tempo

Em (ERGIN et al., 2014) foi mostrado que algumas características podem ser facilmente extraída e calculadas a partir do sinal de ECG filtrado utilizando uma janela deslizando: energia, média, potência instantânea, máximo, mínimo, diferença entre máximo e mínimo, e índices estatísticos de alta ordem, como curtose e medidas de assimetria. Neste trabalho, a janela deslizando corresponde ao tamanho de um batimento.

$$\begin{aligned}\max_{TD} &= \max\{x_i, 1 \leq i \leq N\} \\ \min_{TD} &= \min\{x_i, 1 \leq i \leq N\},\end{aligned}\tag{2}$$

$$\text{diff}_{TD} = \max_{TD} - \min_{TD}.$$

$$E_{TD} = \sum_{i=1}^N x_i^2,\tag{3}$$

$$m_{TD} = \frac{\sum_{i=1}^N x_i}{N}\tag{4}$$

$$\sigma_{TD} = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (x_i - m_{TD})^2}\tag{5}$$

$$\text{skewness}_{TD} = \frac{\sum_{i=1}^N (x_i - m_{TD})^3}{(N-1)\sigma_{TD}^3}\tag{6}$$

$$\text{kurtosis}_{TD} = \frac{\sum_{i=1}^N (x_i - m_{TD})^4}{(N-1)\sigma_{TD}^4} - 3.\tag{7}$$

Essas medidas produziram oito características não fiduciais e foram adicionadas ao vetor de características.

3.3.2 Transformada Discreta Cosseno

Transformada discreta de cosseno (do inglês *Discrete Cosine Transform - DCT*) foi proposta por (AHMED; NATARAJAN; RAO, 1974) e é uma extensão da transformada de cosseno muito utilizada na compressão de imagens, no reconhecimento baseado em face (ISA; ALJAREH, 2012) e impressão digital (AL-ANI; AL-ALOOSI, 2013). De acordo com (TAWFIK; SELIM; KAMAL, 2010) e (FANG; CHAN, 2013) a DCT também pode ser utilizada com eficiência como uma técnica de extração de característica para o sinal de ECG. Os coeficientes da DCT podem ser obtidos usando a equação 8.

$$y(k) = w(k) \sum_{n=1}^N x(n) \cos\left(\frac{\pi(2n-1)(k-1)}{2N}\right), \quad (8)$$

onde $k = 1, 2, \dots, N$, $x(n)$ é um sinal de entrada discreto e $w(k) = 1/\sqrt{N}$ para $k = 1$ e $w(k) = \sqrt{2/N}$ para $2 \leq k \leq N$.

A Figura 12 apresenta os coeficientes extraídos dos complexos QRS dos indivíduos #1 e #100 da base de dados PTB:

Figura 12 – Coeficientes DCT extraídos do primeiro complexo QRS dos indivíduos #1 e #100 da base de dados PTB.

Uma vez que os coeficientes são extraídos, estes são ordenados de forma decrescente. No trabalho de (TAWFIK; SELIM; KAMAL, 2010), foram extraídos os 20 maiores coeficientes de cada complexo *QRS*. Entretanto, nesta dissertação, foram extraídos apenas os 15 primeiros coeficientes, pois preliminares realizados com 100 indivíduos da base de dados PTB com classificador $K - NN$ mostraram que a utilização de mais 5 coeficientes não apresentou nenhum ganho na taxa de acerto.

3.3.3 Transformada de Fourier

A transformada de Fourier (*do inglês Fourier Transform - FT*) é muito conhecida e utilizada na análise de reconhecimento de padrões (GONZALEZ; WOODS, 2001), compressão e reconstrução de imagens. No trabalho de (ODINAKA et al., 2010) foi utilizada a FT para a obtenção de características não fiduciais. Por meio da FT é possível obter as componentes de frequência do sinal de ECG. Desta forma a FT enfatiza a importância de uma determinada frequência para o sinal. Seja $x(t)$ um sinal contínuo, sua respectiva FT é dada pela equação 9:

$$y(f) = \int x(t)e^{-i2\pi ft} dt, \quad (9)$$

onde f e t denotam a frequência e o tempo do sinal respectivamente.

A versão discreta da transformada de Fourier (*do inglês Discrete Fourier Transform - DFT*), para um sinal discreto $x[n]$ de tamanho N é dada pela Equação 10:

$$Y(j) = \sum_{n=0}^{N-1} x[n]e^{-\frac{i2\pi jn}{N}}, j = 0, 1, \dots, N-1 \quad (10)$$

onde cada componente $y(j)$ é denominado como um descritor de Fourier para o sinal discreto $[n]$ (KEKRE; KULKARNI, 2012).

A utilização da transformada de Fourier para o sinal ECG é normalmente realizada sobre o sinal normalizado e sobre as ondas P e T e sobre a onda formada pelo complexo QRS (SAECHIA; KOSEYAPORN; WARDKEIN, 2005).

3.3.4 Função de Autocorrelação

A função de autocorrelação (*do inglês Autocorrelation function - ACF*) mede o grau de correlação de uma variável, em um dado instante, consigo mesma e em um instante de tempo anterior. Esta permite encontrar padrões repetitivos e irregularidades em um sinal. De acordo com (PLATANOTIS; HATZINAKOS; LEE, 2006; AGRAFIOTI; HATZINAKOS, 2010) a função de autocorrelação pode ser utilizada como característica não-fiducial do sinal de

ECG, utilizando uma janela de tamanho N . A ACF pode ser calculada usando a Equação 11:

$$\hat{R}_{X,X}[m] = \frac{\sum_{i=0}^{N-|m|-1} x[i]x[i-m]}{\hat{R}_{X,X}[0]},$$

onde $x[i]$ é a i -ésima amostra da janela definida para o sinal de ECG e $x[i-m]$ é uma amostra anterior também da janela do sinal de ECG com um intervalo de tempo $m = 0, 1, \dots, (M-1)$ e com a restrição $M \ll N$. Nos trabalhos de (PLATANIOTIS; HATZINAKOS; LEE, 2006) não é mencionado o número de atrasos utilizado na ACF. Neste trabalho, a janela utilizada para a autocorrelação corresponde ao tamanho do complexo QRS extraído.

Após o cálculo da ACF é necessário definir o número de coeficientes a ser utilizado para a tarefa de reconhecimento. Dado que o valor do primeiro coeficiente é sempre um, foram selecionados os 5 primeiros coeficientes da ACF, desprezando o primeiro coeficiente. Além disso, foi extraída a média dos coeficientes e diferença entre o máximo e o mínimo destes, totalizando 7 características não fiduciais.

3.3.5 Modelo Autoregressivo

Neste método o valor do sinal no instante n é expresso com uma combinação linear dos valores anteriores e um termo relacionado ao ruído. Os pesos da combinação linear são chamados de coeficiente do modelo AR. De acordo com (VUKSANOVIC; ALHAMDI, 2013) os coeficientes do modelo autoregressivo (autoregressive model), podem ser utilizados como fontes de características não fiduciais do sinal de ECG. Seja $x(n)$ uma sequência do sinal de ECG, este pode ser estimado usando a Equação 11:

$$\hat{x}(n) = \sum_{i=1}^p \hat{a}_i x(n-i) + \varepsilon(n), \quad (11)$$

onde $a_k (k = 1, 2, \dots, p)$ são os coeficientes do modelo AR, $\varepsilon(n)$ é o ruído branco, média zero e desvio padrão σ^2 .

Neste trabalho, foi utilizado uma abordagem semelhante ao trabalho de (VUKSANOVIC; ALHAMDI, 2014), no qual foi utilizado o valor de p igual a 2 e 3 sobre cada complexo QRS normalizado, extraído ao todo 5 características não fiduciais.

3.3.6 Codificação Preditiva Linear

A codificação preditiva linear (do inglês *Linear Prediction Coding* - LPC) foi proposta por (MARKEL; GRAY, 1982) e tem sido utilizada em diversas áreas como filtragem adaptativa, economia, geofísica e processamento da fala. A utilização de LPC em sinais de ECG foi inicialmente proposta nos trabalhos de (LOONG et al., 2010a; LOONG et al., 2010b). Na LPC, cada amostra do sinal pode ser predita a partir da combinação linear de p amostras passadas. Esses pesos são denominados coeficientes de predição linear e definem o chamado filtro de predição linear, onde a ordem é determinada pela quantidade de amostras passadas utilizadas. Para realizar a predição de um sinal discreto x , pode ser utilizada a equação 12.

$$\bar{x}[n] = - \sum_{i=1}^p a_i x[n-i] \quad (12)$$

onde $x[n-i]$ representa o valor do sinal no instante $n-i$ e a_i corresponde ao seu peso. O erro gerado é calculado pela diferença entre o valor predito e o valor atual ($e[n] = x[n] - \bar{x}[n]$). Na abordagem proposta por (LOONG et al., 2010a), os coeficientes da LPC são calculados utilizando o algoritmo de Levinson-Durbin. Testes preliminares com os 100 primeiros indivíduos da base PTB utilizando o classificador k -NN e variando o valor de p de 1 a 10 mostraram que o melhor desempenho pode ser obtida com o valor de p igual 3. Logo foram extraídas 3 características não fiduciais.

3.3.7 Transformada Pulso Ativo

A transformada de pulso ativo (do inglês *Pulse Active Transform* - PAT) foi proposta por (SAFIE et al., 2014) para extração de características do sinal de ECG. Esta usa uma série de ondas triangulares periódicas relacionadas harmonicamente para decompor um sinal em um conjunto finito de características. Basicamente, consiste na projeção de diversas ondas triangulares sobre cada complexo QRS do sinal de ECG, onde cada onda triangular formado tem período igual a T_{tri} . Cada interseção entre o Sinal ECG e a onda

triangular é chamada de t_i . Uma característica é obtida por subtraindo de cada interseção t_i a interseção t_{i-1} . Matematicamente, a PAT é calculada como segue:

$$F_{PA}[m_f] = \sum_{m=1}^{m_f} (t_{2m} - t_{2m-1}) \quad (13)$$

onde $m_f = 1, 2, 3, \dots, M$ e M é o tamanho da PAT.

As ondas triangulares devem possuir uma amplitude duas vezes maior que a amplitude do sinal de ECG (SAFIE et al., 2014). Neste trabalho a PAT é aplicado a cada batimento, o qual foi normalizado para o intervalo $[1, 2]$, sendo assim as ondas triangulares foram projetadas no intervalo $[0, 2]$, conforme mostrado na Figura 13:

Figura 13 – PAT aplicada a um batimento do indivíduo #1 da base de dados PTB com valor de T_{tri} igual a 25.

Neste trabalho o valor do parâmetro T_{tri} foi definido igual a 10 que foi calibrado realizando a identificação com o classificador KNN com os 100 primeiros indivíduos do banco de dados PTB, variando o valor de T_{tri} entre 1e 100. Foram extraídas as primeiras 16 características de cada complexo QRS.

3.3.8 Representação Linear por Partes

Representação linear por partes (do inglês *Piecewise Linear Representation - PLR*) foi proposta por (PRATT; FINK, 2002) e empregada para reconhecimento biométrica por (SHEN et al., 2011). A ideia central consiste em reduzir o número de flutuações do sinal extraíndo-se valores máximos e mínimos do sinal baseado em um intervalo definido por

um parâmetro R , que define a taxa de compressão. Neste trabalho, o parâmetro R foi definido igual a 1.

O processo de busca pelos máximos e mínimos é detalhada no algoritmo 1.

Algoritmo 1 Algoritmo PLR

```

procedure PLR( $x, R$ )
   $[i, valores, indices] \leftarrow ProcurarDoisPrimeiros(x, R)$ 
   $n \leftarrow length(x)$ 
  if ( $i < n$  and  $x[i] > x[1]$ ) then
     $count \leftarrow length(valores)$ 
     $count \leftarrow count + 1$ 
     $[valor, indice] \leftarrow ProcurarMin(x, R, i)$ 
     $valores[count] \leftarrow valor$ 
     $indices[count] \leftarrow indice$ 
  while ( $i < n$  and  $count < n$ ) do
     $[valor, indice, i] \leftarrow ProcurarMax(x, R, i)$ 
     $valores[count] \leftarrow value$ 
     $indices[count] \leftarrow index$ 
     $count = count + 1$ 
     $[valor, indice, i] = ProcurarMin(x, R, i)$ 
     $valores[count] \leftarrow value$ 
     $indices[count] \leftarrow index$ 
     $count \leftarrow count + 1$ 

```

```

procedure PROCUARARDOISPRIMEIROS( $x, R$ )
   $i \leftarrow 1$ 
   $iMin \leftarrow 2$ 
   $iMax \leftarrow 2$ 
  while ( $i < n$  and  $x[i]/x[iMin] < R$  and  $x[iMax]/x[i] < R$ ) do
    if ( $x[i] < x[iMin]$ ) then
       $iMin \leftarrow i$ 
    if ( $x[i] > x[iMax]$ ) then
       $iMax \leftarrow i$ 
     $i \leftarrow i + 1$ 
  if ( $iMin < iMax$ ) then
     $indices[1] \leftarrow iMin$ 
     $valores[1] \leftarrow x[iMin]$ 
     $indices[2] \leftarrow iMax$ 
     $valores[2] \leftarrow x[iMax]$ 
  else
     $indices[1] \leftarrow iMax$ 
     $valores[1] \leftarrow x[iMax]$ 
     $indices[2] \leftarrow iMin$ 
     $valores[2] \leftarrow x[iMin]$ 

```

```

procedure PROCURARMAX(x, R, i)
    iMax  $\leftarrow$  i
    n  $\leftarrow$  length(x)
    while (i < n and x[iMax]/x[i] < R) do
        if (x[i] > x[iMax]) then
            iMax  $\leftarrow$  i
        i  $\leftarrow$  i + 1
    indice  $\leftarrow$  iMax
    valor  $\leftarrow$  x[iMax]

procedure PROCURARMIN(x, R, i)
    iMin  $\leftarrow$  i
    n  $\leftarrow$  length(x)
    while (i < n and x[i]/x[iMin] < R) do
        if (x[i] < x[iMin]) then
            iMin  $\leftarrow$  i
        i  $\leftarrow$  i + 1
    indice  $\leftarrow$  iMin
    valor  $\leftarrow$  x[iMin]

```

Na Figura 14 pode-se observar o funcionamento da PLR quando aplicada a uma onda sinusoidal. Todos os vales e picos do sinal foram detectados, gerando um vetor de 17 posições. Para este exemplo o valor definido para o parâmetro R foi igual a 1.9.

Figura 14 – Técnica PLR aplicada a uma onda sinusoidal.

A Figura 15 apresenta os pontos extraídos de um batimento indivíduo #1 da base de dados PTB. Neste caso, foram extraídas 8 características de cada complexo QRS.

Figura 15 – PLR aplicada a um batimento do indivíduo #1 da base de dados PTB.

3.3.9 Coeficientes Mel-cepstrais

Os coeficientes Mel-cepstrais (do inglês *Mel-Frequency Cepstral Coefficients - MFCCs*) são largamente utilizados na área de processamento de áudio e reconhecimento de voz, podendo também ser utilizado como técnica de extração de característica para identificação baseada no sinal de ECG (LI; NARAYANAN, 2010; GÜRKAN; GUZ; YARMAN, 2013). Para obter os MFCCs, inicialmente é aplicada a DFT e, em seguida, um banco de filtros. Em seguida, é calculado o logaritmo da energia de cada banda e, por último, é aplicada a DCT para a obtenção dos coeficientes.

Para a obtenção dos MFCCs, foi utilizado o toolbox proposto por (ELLIS, 2005) e foram extraídos os 20 primeiros coeficientes obtidos de cada complexo QRS para cada indivíduo da base de dados, estratégia esta, proposta por (GÜRKAN; GUZ; YARMAN, 2013).

3.3.10 Polinômios de Hermite

De acordo com (SORNMO et al., 1981) as funções de Hermite são capazes de representar as formas de onda dos complexos QRS obtidas de indivíduos normais e daqueles que possuem alguma anormalidade, como por exemplo, cardiopatia. Nos trabalhos de (LI; NARAYANAN, 2010; RABHI; LACHIRI, 2013) foi proposta a utilização dos coeficientes provenientes da expansão de polinômios de Hermite (*do inglês Hermite Polynomial Expansion - HPE*) como característica não fiducial. De acordo com (RABHI; LACHIRI, 2013) os coeficientes podem ser obtidos pela Equação 14

$$\bar{x}(t) = \sum_{n=0}^{L-1} c_n \phi_n(t, \delta) \quad t \in [-M, M] \quad (14)$$

onde $\bar{x}(t)$ é o sinal aproximado, $c_n(n = 0, \dots, L)$ são os coeficientes HPE onde L é a ordem do polinômio e $\phi_n(t, \delta)$ é a função de Hermite base definida na Equação 15

$$\phi_n(t, \delta) = \frac{1}{\sqrt{\delta 2^n n! \sqrt{\pi}}} e^{-\frac{t^2}{2\delta^2}} H(t/\delta). \quad (15)$$

Os HPs podem ser calculados utilizando os polinômios de Hermite físicos ou probabilísticos. Neste trabalho, as funções bases Hermite foram calculadas utilizando os polinômios de Hermite físicos que são definidos recursivamente (LI; NARAYANAN, 2010; RABHI; LACHIRI, 2013) de acordo com a Equação 16.

$$\begin{aligned} H_0(t) &= 1, H_1(t) = 2t \\ H_n(t) &= 2tH_{n-1}(t) - 2(n-1)H_{n-2}(t) \end{aligned} \quad (16)$$

Os coeficientes de Hermite (c_n) podem ser obtidos pelo método de quadrados mínimos. (RABHI; LACHIRI, 2013) propôs a extração dos coeficientes do complexo QRS . Desta técnica foram extraídos os coeficientes Hermite e também foi aplicado DCT sobre $H(n)$, abordagem semelhante à realizada para o cálculo dos MFCCs.

3.3.11 Transformada de Wavelets

A transformada de wavelet (do inglês *Wavelet Transform* - *WT*) é uma técnica para a análise de sinais no domínio do tempo-frequência, ao contrário da FT que realiza a análise apenas no domínio da frequência. Os coeficientes de WT são definidos como produtos internos da função a ser transformada com alguma função base. Esta função base é obtida a partir de uma única função Wavelet e é chamado de função mãe. Neste Trabalho foram utilizadas as seguintes funções mãe: Symlet (sym), Daubechies (db) (YE; COIMBRA; KUMAR, 2010; IQBAL; SIDEK, 2015; Y.; Y., 2010) e Coiflet (coif) de ordem 1 a 4; Haar (haar) e Biorthogonal (bior) variando a ordem entre 1.1, 2.2, 3.1 e 3.9.

O cálculo dos coeficientes de Wavelet de um sinal de $x[n]$ não requer o uso de uma função Wavelet. Este pode ser realizado usando dois filtros de resposta impulsiva finita (do inglês *Finite Impulse Response* - *FIR*), sendo um filtro passa-baixa h e um outro filtro passa-alta g . Este é conhecido como o Algoritmo Mallats. A WT gera dois novos sinais, sendo que um sinal contém os detalhes do sinal original (altas frequências - *CD*) e o outro

representa uma aproximação do sinal original (baixa frequências - CA). Na Figura 16 é mostrado o processo de decomposição Wavelet .

Figura 16 – Decomposição da Transformada Discreta de Wavelet; $g[n]$ é a resposta impulsiva do filtro passa-alta, e $h[n]$ é a resposta impulsiva do filtro passa-baixa.

Neste trabalho, foi adotado 4 níveis de decomposição. Para os coeficientes de detalhes dos níveis 1,2 e 3 foram calculadas as seguintes estatísticas: média, desvio padrão, máximo, mínimo, potência média, média do valor absoluto. Estas estatísticas também obtidas para os coeficiente de aproximação do nível 4. Além dessas estatísticas, foram obtidas as razões entre as médias dos valores absolutos dos coeficientes de detalhes das bandas adjacentes $(\frac{CD1}{CD2}, \frac{C2}{CD3}, \frac{CD3}{CD4})$. Por fim, foi obtido o valor médio de todos os coeficientes.

Em média, considerando 4 níveis decomposição, foram gerados 34 coeficientes de aproximação para cada wavelet mãe. Considerando os coeficientes de aproximação e as estatísticas extraídas para cada wavelet mãe, no total foram 578 características não fiduciais.

3.3.12 Dimensão Fractal

De forma geral, a dimensão fractal (do inglês *Fractal Dimension* - *FD*) faz alusão a um índice estatístico de complexidade indicando como os detalhes em um dado objeto físico muda com a escala em que são mensurados (BARNSELY, 1988). O valor deste índice é geralmente um número fracionário, não inteiro, designando a dimensão fractal. Há várias noções de FD e vários algoritmos têm sido propostos para estimá-lo (RAGHAVENDRA; DUTT, 2009). Nenhum desses métodos, no entanto, deve ser considerado como universal, o que justifica uma comparação empírica de suas habilidades como extratores de características

a partir de sinais de ECG. A seguir, descrevemos os métodos de estimativa de FD que foram investigados neste trabalho.

Método Box Counting

A ideia acerca do método *Box Counting* (BC) é aplicar sucessivamente uma grade de hipercubos sobre uma curva (no nosso problema, um sinal bidimensional). O resultado é um valor que normalmente é muito semelhante à dimensão Hausdorff, (BARNSELY, 1988). A cada iteração do método BC, um refinamento é aplicado. Normalmente, quando este método é usado, a medida final é chamada de dimensão BC.

Na Figura 17 podemos ver a aplicação desse método utilizando a Curva de Koch.

Figura 17 – Método de Box Counting aplicado a Curva de Koch (LYNCH, 2004)

Para o cálculo da dimensão fractal, as coberturas geradas sucessivamente pelo método BC são apresentadas numa curva log-log (denominada curva BC), que é composta pelos pontos que representam a relação entre o encolhimento dos hipercubos e as suas taxas de ocupação. A linha reta que melhor aproxima a curva BC representa o comportamento

das observações relativas ao sinal em análise. A lei de potência desta curva (ou seja, a inclinação da reta que melhor se adapta) representa a dimensão BC.

Formalmente, o cálculo da dimensão BC (D) é dada por (BARNSELEY, 1988):

$$D = \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{\log(Nn(\Lambda))}{\log(2^n)}, \quad (17)$$

onde $\Lambda \in \mathfrak{H}(\mathfrak{R}^m)$ é um atrator no espaço métrico euclidiano, cujos pontos são subconjuntos compactos de $\mathfrak{R}^m$; $Nn(\Lambda)$ é o número de caixas (boxes) que intersecta o atrator; e n denota a n -ésima iteração do processo. Simplificando, o método BC cobre $\mathfrak{R}^m$ com uma grade de caixas com tamanho igual a $1/2^n$.

Dimensão de Hausdorff

A Dimensão de Hausdorff (*do inglês Hausdorff Dimension - HD*) foi proposta por (HAUSDORFF, 1918). HD é uma das técnicas mais antigas utilizadas para estimação da dimensão fractal, sendo utilizada em diversas aplicações, principalmente voltada para o reconhecimento de padrão em imagens e reconhecimento biométrico baseado em íris (VANTHANA; MUTHUKUMAR, 2015; NAPOLITANO; UNGANIA; CANNATA, 2012). Para cálculo da HD, foi utilizado o algoritmo proposto por (MOGHADDAM; CHERIET, 2015). Este se baseia no método Box Counting e pode ser estimado usando os seguintes passos:

- Calcule Box Counting do sinal x , obtenha $Nn(\Lambda)$ caixas em n iterações, realizadas como descrito na seção 3.3.12;
- Calcule os pontos $\log(N(n))$ x $\log(1/n)$;
- Obtenha a reta que melhor se aproxima ao pontos via o método dos quadrados mínimos;
- O coeficiente angular da reta r é denominado HD .

Para a implementação da HD foi utilizado a função `polyfit` do Matlab. Esta implementa o métodos dos quadrados mínimos .

Método Differential Box Counting

O método *Differential Box Counting - DBC* foi proposto inicialmente por (SARKAR; CHAUDHURI, 1994) e é um método muito semelhante ao Box Counting. O DBC foi proposto

com o objetivo de extrair FD de imagens 2D em escala de cinza. No trabalho de (CHEN; YUAN, 2002) foi proposto uma adaptação do DBC para bio-sinais e séries temporais. O algoritmo 2 apresenta a sequencia usada para calcular a FD a partir de um sinal de entrada x .

Algoritmo 2 Algoritmo DBC

```

procedure DBC( $x$ )
   $M \leftarrow \text{length}(x)$ 
   $S \leftarrow 2$ 
   $S_{max} \leftarrow M/2$ 
  for 2 até  $S_{max}$  do
     $r \leftarrow s/100 * M$ 
     $N_r(A) \leftarrow 0$  ▷ Quantidade de caixas a serem utilizadas neste passo
     $qtdboxes \leftarrow \text{floor}(l/r)$ 
     $b \leftarrow 1$ 
    for  $b$  até  $qtdboxes$  do
       $\text{seguimento} \leftarrow x(b * r : b * r + r - 1)$ 
       $Imin \leftarrow \min(\text{seguimento})$ 
       $Imax \leftarrow \max(\text{seguimento})$ 
       $n_r = Imax - Imin + 1$ 
       $N_r(A) \leftarrow N_r(A) + n_r$ 
   $DF \leftarrow \text{polyfit}(\log N_r(A), \log 1/r)$ 

```

Método de Higuchi

O Método de Higuchi (*do inglês Higuchi Method - HM*) foi proposto inicialmente por (HIGUCHI, 1988). Este é um método iterativo por natureza e é muito útil quando se trata com formas de onda. No trabalho de (MAGRANS et al., 2013), HM foi utilizado com sucesso para extração de características para a detecção de isquemia do miocárdio. Já no trabalho de (COELHO; LIMA, 2014) o HD foi utilizado como extrator de características para a classificação do sinal de eletromiograma. (GHOFRANI; BOSTANI, 2010) empregou HM para a extração de características não fiduciais visando reconhecimento biométrico baseado em ECG. Seja a série temporal $x(1), x(2), \dots, x(N)$, o primeiro passo é construir k novas séries temporais como descrito na Equação 18 (TRICOT, 1995; MAGRANS et al., 2013).

$$X_m^k = \left\{ x(m), x(m+k), x(m+2k), \dots, x\left(m + \left\lfloor \frac{N-m}{k} \right\rfloor k\right) \right\} \quad (18)$$

onde $m = 1, 2, 3, \dots, k$ representa o valor do tempo inicial, k indica o intervalo de tempo entre pontos discretos, e $\lfloor x \rfloor$ significa o maior inteiro menor que ou igual a x . Em seguida calcula-se o comprimento de cada nova série temporal como descrito na Equação 19.

$$L_m(k) = \frac{\sum_{i=1}^{\lfloor \frac{N-m}{k} \rfloor} |x(m + ik) - x(m + (i-1)k)| (n-1)}{\lfloor \frac{N-m}{k} \rfloor k} \quad (19)$$

Posteriormente calcula-se o comprimento da curva para o intervalo de tempo k e a média dos k valores de $L_m(k)$, para $m = 1, 2, \dots, k$, como mostrado na Equação 20.

$$L(k) = \frac{1}{k} \sum_{m=1}^k L_m(k) \quad (20)$$

Finalmente calcula-se a *FD* da curva que descreve a forma da série temporal levando em conta o comprimento médio total de $L(k)$, para a escala k . $L(k)$ é representada graficamente contra $1/k$ numa escala logarítmica, então a *FD* pode ser estimado como o melhor ajuste linear que pode ser obtido via quadrados mínimos conforme a Equação 21 (HIGUCHI, 1988).

$$\log(L(k)) = D \log\left(\frac{1}{k}\right) + \bar{b} \quad (21)$$

Neste trabalho o valor máximo de k foi empiricamente definido igual a 50, sendo que *FD* foi calculada para cada batimento extraído.

Método de Katz

O método de Katz (do inglês *Katz Method - KM*) foi originalmente proposto por (KATZ, 1988). De acordo com (GHAHREMANI; NABAVI; NATEGHI, 2010) este método possui a mesma acurácia que o HD. Entretanto, é um método mais rápido de ser executado. No trabalho de (GHAHREMANI; NABAVI; NATEGHI, 2010) foi proposta a utilização do KM para a classificação de batimentos cardíacos com arritmia. (SADEGHIAN; MORADI, 2008) e (LIMA; COELHO; EISENCRAFT, 2010) utilizaram o KM para extração de característica tendo como objetivo a classificação de sinais de eletroencefalograma, o que demonstra a capacidade de extração de característica de bio-sinais com alto poder discriminatório.

De acordo com o método original proposto por (KATZ, 1988), a FD de uma curva representando uma série temporal s pode ser usando a Equação 22.

$$DF = \frac{\log(L)}{\log(d)} \quad (22)$$

onde d é diâmetro ou extensão planar da curva, estimando usando a Equação 23.

$$d = \max_{i,j}(\text{dist}(s(i), s(j))) , i, j \in \{1, \dots, N\}, \quad (23)$$

onde L tamanho total da curva medida como a soma da distância euclidiana entre os pontos sucessivos da curva. Este pode ser calculado de acordo com a Equação 24 (LIMA; COELHO; EISENCRAFT, 2010) :

$$L = \sum_{i=1}^{N-1} \text{dist}(s(i), s(i+1)) . \quad (24)$$

Se não interseção na curva, i pode ser inicialmente fixado igual a 1 e d pode ser estimado como distância máxima entre a primeira amostra e a amostra mais longe de todas subsequência em $s(j)$, $j = 1, 2, \dots, N$.

Obviamente, d e L deve ser um número adimensional para calcular o logaritmo na equação 22. Então, estes devem ser normalizados se $x(k)$ e $y(k)$ representa quantidades físicas. Katz (KATZ, 1988) propôs normalizar d e L pelo tamanho do passo médio ou distância média entre pontos sucessivos, definidos como $a = L/(N-1)$, onde $N-1$ representa o número de passos na curva. Substituindo L e d na equação 22 por L/a e d/a , a dimensão fractal pode ser estimada usando a equação 25

$$FD = \frac{\log(N-1)}{\log(N-1) + \log(\frac{d}{L})} \quad (25)$$

Idealmente, as variáveis $x(k)$ e $y(k)$ deve, ser quantidades homogêneas, isto é, ambas devem corresponder a distâncias físicas. Entretanto, a equação 23 soma termos com diferentes unidades quando x é substituído por t . Neste caso, $t(k)$ e $y(k)$ são intrinsecamente diferentes, e como consequência, a normalização na equação 25 parece ser conceitualmente incorreta. Assim, (CASTIGLIONI, 2010) propôs duas variações do método de Katz.

A primeira abordagem calcula a equação 25 diretamente no espaço unidimensional de $y = [y(1), y(2), \dots, y(N)]$, ao invés de gerar sequencia bidimensional por associando t

para x , como proposto por Katz. A extensão d sobre o eixo das coordenadas é a amplitude de y , como definido na Equação 26.

$$d = \max(y) - \min(y) \quad (26)$$

onde L torna-se a soma de todos os incrementos e pode ser calculado usando a Equação 27.

$$L = \sum_{j=1}^{N-1} |y(j+1) - y(j)| \quad (27)$$

Para uma trajetória periódica que se repete após P amostras, tal que $(x(1), y(1)) = (x(P+1), y(P+1))$, após um certo número de passo $n > P+1$, d torna-se constante, mas L incrementa indefinidamente com n . Como resultado, FD calculado pela Equação 25 aumenta de forma logaritmo com n . Para evitar este problema, (CASTIGLIONI, 2010) sugeriu uma segunda abordagem para cálculo de L e d para um subconjunto de N pontos, ou seja, aquele para os quais a extensão d é metade para todo conjunto de dados. Tal estratégia evita considerar o mesmo ponto da trajetória repetidamente. Então, o autor propôs o seguinte procedimento, o qual pode ser aplicado para sinais determinístico ou processo randômico: primeiro, a extensão d é calculada a partir de todo conjunto de N pontos como na equação 25; segundo, o conjunto de dados é examinado para identificar o tamanho N_w da sequência de pontos com extensão maior que ou igual $d/2$; terceiro, o conjunto de dados é dividido em janela consecutivas e sobrepostas de N_w pontos e a dimensão fractal avaliada separadamente em cada janela por usando 25; finalmente, a dimensão fractal é obtida por tomando a média da dimensão fractal estimada em cada janela.

Método de Sevcik

O método de Sevcik (do inglês *Sevcik Method - SM*) foi proposto por (SEVCIK, 1998). O *SM* já se provou útil para a detecção e diagnóstico de doenças relacionadas ao funcionamento do sistema nervoso como mostra os trabalhos de (MOGHADDAM; CHERIET, 2015; LIMA; COELHO, 2011). O *SM* realiza duas normalizações no sinal de entrada antes

de calcular a FD. Estas normalizações têm como objetivo manter tanto o eixo x como y unitários, conforme Equações 28 e 29.

$$x(i)^* = \frac{x(i)}{x_{\max}}, \quad (28)$$

$$y(i)^* = \frac{y(i) - y_{\min}}{y_{\max} - y_{\min}} \quad (29)$$

onde $x_{\max}(y_{\max})$ é o máximo de $x(i)(y(i))$ respectivamente, enquanto que $y_{\min}$ é o mínimo de $y(i)$. De acordo com (SEVCIK, 1998), uma vez o sinal normalizado de forma unitária, a FD pode ser calculada de acordo com a eq 30:

$$D = 1 + \frac{\ln(L)}{\ln(2N_l)}, \quad (30)$$

onde L indica o comprimento da curva normalizada, o qual pode ser calculado pela equação 24, e $N_l = N - 1$.

Expoente de Hurst

O expoente de Hurst (*do inglês Hurst exponent - HE*) foi proposto por (MANDELBROT; NESS, 1968). O expoente vem sendo usado com sucesso em diversas aplicações para auxílio de diagnóstico de cardiopatias e reconhecimentos de padrões relacionados ao sinal ECG (JULIÁN; ALCARAZ; RIETA, 2012; JULIÁN; ALCARAZ; RIETA, 2013).

Seja a série temporal $x = \{x(i), i = 1, 2, \dots, N\}$ composta apenas dos valores das ordenadas de s . Existem várias maneiras de definir formalmente o HE, neste trabalho, foi utilizada a estatística *Rescaled Range (R/S)* que é baseada na divisão da amplitude do sinal pelo desvio padrão de uma amostra, esta é a descrição mais antiga proposta por (HURST, 1951) pode ser definida pela equação 31:

$$E \left[\frac{R(N)}{S(N)} \right] = CN^H, \quad N \rightarrow \infty \quad (31)$$

O lado esquerdo da equação Equação 31 é conhecido como o valor esperado de intervalos redimensionados (HURST, 1951). Por outro lado, $S(N)$ indica o desvio padrão de x , C é uma constante arbitrária, enquanto $R(N)$ é definida na 32:

$$R(N) = \max(x) - \min(x) . \quad (32)$$

Tal definição produz um procedimento imediato para calcular o HE. Para $k = \{1, 2, \dots, \frac{N}{5}\}$, nós calculamos a seguinte relação:

$$a_k = E[\frac{R(k)}{S(k)}] \quad (33)$$

Para cada valor de k , o lado direito da Equação 33 é estimado dividindo a série temporal em x intervalos de tamanho k . Para todos os intervalos $R(k)$ e $S(k)$ são computados. O valor esperado $E[\cdot]$ para toda a série temporal é então estimado a partir da média sobre todos os resultados parciais de todos os intervalos. A partir da Equação 34 pode-se calcular o valor esperado para todo a_k como:

$$E[a_k] = Ck^H, \quad (34)$$

que pode ser traduzida na Equação 35:

$$\log(E[a_k]) = H \log(k) + \log(C). \quad (35)$$

A utilização de mais do que dois valores diferentes de k conduz para um sistema de equações que pode ser resolvido usando um de mínimos quadrados assim como no processo do cálculo da HD. O coeficiente da reta que melhor se ajusta aos dados produz o valor estimado para H . A partir de HE foram obtidos duas características não fiduciais, a estatística R/S e o HE .

Dimensão de Correlação

A Dimensão de Correlação (*do inglês Correlation Dimension - CD*) foi proposta inicialmente por (GRASSBERGER; PROCACCIA, 1983). A CD é uma medida representa a complexidade de sistemas caóticos. Assim, um sistema mais complexo apresenta uma maior dimensão, o que significa que um maior número de variáveis de estado é necessário para descrever sua dinâmica. Nos trabalhos de (MINGJING, 2005) foi proposta a utilização da CD para identificação de cardiopatias em um subconjunto de dados do base MIT-BIH e também em um trabalho mais recente (LIN et al., 2014) demonstrou a utilização da CD

para a verificação biométrica . Seja a série temporal x , a CD pode ser calculada de acordo com a equação 3,

$$CD = \lim_{\epsilon \rightarrow 0} \frac{\log(C_M(\epsilon))}{\log(\epsilon)} \quad (3)$$

onde $C_M(\epsilon)$ é uma função de correlação integral definida por:

$$C_M(\epsilon) = \lim_{N \rightarrow \infty} \frac{2}{N(N-1)} \sum_{i=1}^N \sum_{j=i+1}^N \Theta(\epsilon - |\bar{X}_i - \bar{X}_j|) \quad (2)$$

onde $\Theta()$ é 1 quando positivo é 0 quando o argumento da função é negativo. A CD foi extraída de cada complexo QRS de todos os indivíduos utilizados nos experimentos.

Análises de Flutuações Destendenciadas

O método análises de flutuações destendenciadas (do inglês *Detrended Fluctuation Analysis* - *DFA*) foi proposto inicialmente por (PENG et al., 1994) para quantificar as correlações de longo alcance das séries temporais não estacionárias. O DFA ainda é largamente utilizado em análises de bio-sinais (CHAKRABORTY; DAS; GHOSH, 2016). Para o cálculo da *DFA* de uma série temporal x de tamanho N , inicialmente é necessário calcular a chamada *função perfil* que pode ser obtida com a soma cumulativa da série temporal como demonstra a Equação 36,

$$(k) = \sum_{i=1}^k (x(i) - m) \quad (36)$$

onde m pode ser obtido pela Equação 37,

$$m = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x(i) \quad (37)$$

Em seguida a série temporal $y(k)$ é dividida em segmentos de tamanho n e aplicado mínimos quadrados em cada um destes segmentos ($y_n(k)$). O próximo passo é calcular a função de flutuação $F(n)$ definida com o desvio padrão médio de $y(k)$ com respeito a $y_n(k)$ como demonstra a Equação 38,

$$F(n) = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_{k=1}^N (y(k) - y_n(k))^2} \quad (38)$$

Figura 18 – Obtenção do coeficiente da DFA de um indivíduo do banco de dados PTB

O ultimo passo é plotamos o gráfico $\log F(n)$ por $\log n$, utilizando mínimos quadrados para encontrar a reta que melhor se aproxima sobre essa sequência de pontos, procedimento muito semelhante ao cálculos de outras FDs como a HD, como demonstra a Figura 18.

Método de Cobertura Retangular

O método cobertura retangular (do inglês *Rectangular Covering Method - RMC*) inicialmente foi proposto por (MAAFI; HARROUNI, 2003) e é um método semelhante ao método BC visto na sessão 3.3.12. A ideia principal do método é cobrir a série temporal que está sendo analisada com série de retângulos de tamanho $\Delta\tau$. De acordo com (HARROUNI, 2008) Para calcular a área total de cobertura basta utilizar a Equação 39:

$$S(\Delta\tau) = \sum_{t_n=0}^{N-1} \Delta\tau \cdot |x(t_n + \Delta\tau) - x(t_n)| \quad (39)$$

onde N é o tamanho do sinal, $x(t_n)$ é o valor da série temporal x no tempo no tempo t_n (neste trabalho o próprio complexo QRS), e $x(t_n + \Delta\tau) - x(t_n)$ é a variação do intervalo $\Delta\tau$. A Figura 19 demonstra o processo do *RCM* sobre um complexo *QRS*:

De acordo com (HARROUNI, 2008) a FD pode ser calculada de acordo com a Equação 40, no entanto para determinar corretamente o valor da FD, diversas escalas de $\Delta\tau$ devem ser utilizadas e assim obter diversas áreas $S(\Delta\tau)$ distintas, assim obtendo diversas coordenadas $(\Delta\tau_i, S(\Delta\tau_i))$ a serem utilizadas pela Equação 40.

$$\left(\frac{S(\Delta\tau)}{\Delta\tau} \right) = D(1/\Delta\tau) + constante, \text{ com } \Delta\tau \rightarrow 0 \quad (40)$$

Figura 19 – *Projeção dos retângulos do método RCM sobre o complexo QRS normalizado de um indivíduo do banco de dados PTB*

Utilizando mínimos quadrados é possível calcular a FD final, assim como no cálculo do HM. Neste trabalho foram utilizados 5 intervalos distintos de conjuntos de $\Delta\tau$, $C1 = 3, \dots, 4$, $C2 = 3, \dots, 6$, $C3 = 3, \dots, 10$, $C4 = 3, \dots, 15$ e $C5 = 3, \dots, 20$, gerando assim 5 características não fiduciais.

3.3.13 Modo de Decomposição Empírica

Modo de Decomposição Empírica (*do inglês Empirical Mode Decomposition - EMD*) decompõe um sinal de entrada em um pequeno conjunto de funções de modo intrínseco (*do inglês Intrinsic Mode Functions - IMF*). IMFs representam os diferentes modos oscilatórios intrínsecos presentes no sinal de entrada, que podem combinar estruturas ou padrões relacionados a efeitos de determinados fenômenos embutidos no sinal. De acordo com (HUANG et al., 1998), para ser uma IMF é necessário satisfazer duas condições.

- em todo o sinal de entrada, o número de extremos e o número de cruzamentos em zero devem ser iguais ou diferirem no máximo em um;
- em qualquer ponto, o valor médio do envelope definido pelo máximos locais e o envelope definido pelos mínimos locais é zero.

A decomposição do sinal $x(t)$ pode ser realizada usando o algoritmo 3 (RILLING; FLANDRIN; GON, 2003) descrito abaixo:

A Figura 20 demonstra a decomposição de um sinal original em 3 IMFs (RILLING; FLANDRIN; GON, 2003).

Algoritmo 3 *Algoritmo EMD.*

Identificar todos os extremos de $x(t)$
 Interpolar entre mínimos (resp. Máxima), terminando com algum envelope $e_{\min}(t)$ (resp. $e_{\max}(t)$)
 Calcular a média $m(t) = (e_{\min}(t) + e_{\max}(t))/2$
 Extrair o detalhe $d(t) = x(t) - m(t)$
 Iterar no residual $m(t)$

Figura 20 – Sinal original e 3 IMF provenientes da transformação EMD (RILLING; FLANDRIN; GON, 2003).

3.3.14 Sumarização das Características Extraídas

Neste trabalho, foram utilizadas um total de 756 características para compor o vetor de características a ser utilizado no processo de seleção como mostra a Tabela 3. As características fiduciais foram organizadas em 5 grupos, Amplitudes e Distâncias (AD), Ângulos dos segmentos (AN), Áreas do polígono formado a partir das coordenadas do complexo QRS (AREA), Inclinações (INC) e características do Domínio do Tempo (TD). As características obtidas a partir da WT foram divididas em 16 grupos de acordo com as funções wavelet: haar, sym, db e coif de ordem 1 a 4 e bior variando entre 1.1, 2.2, 3.1 e 3.9, sendo que foram fixados 4 níveis de decomposição, e as outras características formaram um grupo cada uma.

Tabela 3 – Lista de todas as características extraídas

Tipo de Características	Grupo	Variação	Qtd. de Características
Fiduciais	AD		18
	AN		6
	AREA		10
	DEC		6
	TD		8
	DCT		15
Não Fiduciais	FD	BC	1
		HD	1
		DBC	1
		HM	1
		KM	4
		SM	1
		HE	2
		CD	1
		DFA	1
		RCM	5
	FFT		10
	HP		17
	AC		7
	AR		5
	EMD		11
	LPC		3
	PAT		16
	PLR		8
	MFCC		20
	WT	db1	34
		db2	34
		db3	34
		db4	34
		sym1	34
		sym2	34
		sym3	34
		sym4	34
		coif1	34
		coif2	34
		coif3	34
		coif4	34
		haar	34
		bior1.1	34
		bior2.2	34
		bior3.1	34
		bior3.9	34

4 Métodos de Seleção de Características

4.1 Introdução

Seleção de características e extração de características são duas abordagens relevantes para reduzir a dimensão do vetor de entrada de um modelo. Enquanto a seleção de características refere-se à seleção de características no espaço de medição e as características obtidas são um subconjunto das variáveis de entrada original, na extração de características recorre-se a uma transformação das variáveis de entrada originais e as características fornecidas são um conjunto de novas variáveis no espaço transformado. Geralmente, as características fornecidas pelo método de extração de características podem não ter um significado físico isolado.

Em muitos problemas de aprendizado supervisionado, a seleção de características é importante por uma série de razões: desempenho de generalização, escassez de tempo de execução, restrições e interpretações impostas pelo próprio problema.

Baseado no critério utilizado para avaliação do subconjunto de características, métodos de seleção de características podem ser classificados em três categorias: *métodos de filtro*, *invólucro* e *embutidos* (GUYON; ELISSEEFF, 2003). Métodos de filtro são definidos como um passo de pré-processamento para um processo de indução, que pode remover atributos irrelevantes antes que a indução ocorra e, assim, espera-se que seja válido para qualquer conjunto de funções). Portanto, um método de filtro emprega propriedades intrínsecas aos dados. Por exemplo, um método de filtro bastante conhecido é o coeficiente de correlação de Pearson. O método invólucro (do inglês *wrapper*) é definido como uma busca através do subconjunto do espaço de características usando o desempenho estimado a partir do algoritmo de indução como uma medida de qualidade do subconjunto de características em particular. Neste, o algoritmo de indução é considerado uma caixa preta e é utilizado para avaliar a utilidade relativa dos subconjuntos de atributos escolhidos. Já os métodos embutidos incorporam a seleção de atributos como parte do processo de treinamento e pode ser mais eficiente em vários aspectos: fazem melhor uso dos dados disponíveis, uma vez que não é necessário dividir os dados em um conjunto de treinamento e seleção; alcançam uma solução mais rapidamente, pois não realizam o re-treinamento para cada subconjunto dos atributos investigados.

Em (BRADLEY; MANGASARIAN, 1998), foi realizada uma seleção de um subconjunto de características introduzindo um termo extra na função-objetivo para penalizar o tamanho do subconjunto de características. Weston *et al.* (WESTON et al., 2001) introduziu uma representação vetorial binária para tratar a presença ou não das características para o critério de otimização, com a motivação de aproximação do vetor binário por um vetor de valor real, podendo-se usar o método do gradiente descendente para buscar o valor ótimo do vetor binário e o correspondente subconjunto de características. Neste trabalho usamos quatro estratégias, Seleção *Backward*, Algoritmo Genético, Algoritmo Memético e a Otimização por Enxame de Partículas, sendo que os três últimos empregam uma codificação binária, para realizar a seleção das características. Estes métodos podem ser considerados como métodos *invólucros*.

4.2 Seleção *Backward*

Uma das possíveis estratégias para a seleção de características via métodos *invólucros* é a chamada Seleção *Backward* (GUYON; ELISSEEFF, 2003). Essa estratégia busca a partir de um conjunto de características $C = \{c_1, c_2, c_3, \dots, c_n\}$ descobrir um subconjunto C' que contém um conjunto com menor quantidade de características, porém que apresentem um bom desempenho.

Uma das vantagens dessa estratégia de seleção é que ela sofre menos com a relação entre características, dado que o conjunto inicial contém todas as características, porém trata-se de uma estratégia que apresenta um alto custo computacional (KOHAVI; JOHN, 1997), já que realiza uma espécie de busca gulosa sobre todas as possíveis características. Um pseudo-código da Seleção *Backward* pode ser visto no Algoritmo 4.

Uma descrição detalhada de cada passo do algoritmo é apresentada abaixo:

- Estado Inicial: Inicializa o conjunto de características C , onde seleciona-se uma das características para ser removida gerando o subconjunto C' ;
- Avaliação do subconjunto: Realiza o treino e validação do classificador a ser utilizado com esse subconjunto de características C' que contém 1 característica a menos de C ;
- Atualização do subconjunto C' : Atualiza o melhor conjunto de características onde $C = C'$ e realiza o processo de avaliação para o próximo conjunto C' ;

Algoritmo 4 *Algoritmo de Seleção Backward*

Define-se um conjunto de características C
while Enquanto houver características em C **do**
 $i \leftarrow 1$
 while $i \leq \#$ Características em C **do**
 Remove a característica i do conjunto C , gerando C'
 Realiza o treinamento do classificador com os conjuntos C'
 Taxa de Erro $E_i =$ Erro do Classificador
 $i \leftarrow i + 1$
 Remove a característica i que gerou o menor erro
 $C \leftarrow C'$, onde C' é o conjunto das características restantes
 Seleciona o conjunto de características que gerou o menor erro

- Ponto de parada: O processo de remoção de características ocorre até que o erro do novo subconjunto C' seja maior que o erro do conjunto C ;

Como já dito anteriormente um dos problemas do algoritmo de seleção *Backward* é o seu custo computacional, que está diretamente relacionada a quantidade de características a serem testadas, de forma a melhorar o desempenho dessa abordagem algumas modificações podem ser realizadas, como a retirada de um conjunto de características diminuindo a quantidade de passos necessários para a localização do melhor subconjunto de características (KOHAVI; JOHN, 1997).

Além da variação do método de remoção de características, existe uma variação chamada de seleção Forward que através de uma única características faz a adição de novas características e gera o subconjunto ótimo. Neste trabalho foi utilizado apenas o algoritmo de seleção *Backward* tradicional, com a remoção de uma característica a cada etapa.

4.3 Algoritmos Genéticos

Algoritmos Genéticos (*Genetic Algorithms* - GA) foram introduzidos pela primeira vez por Holland (DAVIS, 1991) como um procedimento de busca estocástica para otimização, cujo concepção é baseada em conceitos de computação evolucionária, ou seja, os princípios dos GAs são inspirados na teoria da seleção natural e no sistema de reprodução biológica. O GA é composto por uma população de cromossomos (P_{pop}), pelos operadores genéticos de cruzamento e mutação e o processo de seleção de indivíduos a cada nova geração. Esta

classe de algoritmos é viável para resolver problemas combinatórios e seu projeto clássico é descrito no Algoritmo 5.

Algoritmo 5 *GA Clássico*

```

Inicializa a população inicial
Avalia cada indivíduo (ou cromossomo) utilizando a função fitness
while Condição de parada (normalmente número de gerações) do
    Selecione indivíduos para reproduzir ou sofrer mutações através de um operador de
    seleção
    Aplicar operadores de cruzamento (crossover) em pares de indivíduos, de acordo
    com uma probabilidade específica
    Aplicar operadores de mutação em indivíduos isolados, de acordo com uma probabi-
    lidade específica
    Avaliar cada novo indivíduo usando a função de fitness
    Podar a população (tipicamente podar todos os indivíduos a mais tempo na população,
    se não, então os piores indivíduos)

```

No trabalho de (KAYA; PEHLIVAN, 2015), foi proposto um GA com codificação binária para a seleção de características extraídas a partir do sinal de ECG, para a classificação de um tipo de arritmia cardíaca denominada Contração Ventricular Prematura (*do inglês premature ventricular contraction - PVC*). A PVC é uma arritmia muito estudada pelos riscos de morte súbita, e GA proposto por (KAYA; PEHLIVAN, 2015) utilizava em sua função *fitness* os classificadores Máquinas de Vetores Suporte e k -vizinhos mais próximos. Nesta dissertação, estes classificadores serão utilizados e o desempenho destes na tarefa de classificação será apresentado no capítulo 6.

4.3.1 População Inicial e Estratégia de Poda

O tamanho da população é determinado pelo parâmetro Φ_{pop} . Após a escolha de Φ_{pop} , o tamanho da população é mantido constante durante toda a geração no processo de otimização GA. Uma vez criada a primeira população (primeira geração), todos os novos indivíduos são avaliados pela função *fitness*.

A fim de manter o tamanho da população constante, é necessário executar um procedimento de poda sobre a população, devido à criação de novos indivíduos no processo de cruzamento. A estratégia de poda da população adotada neste trabalho foi $\lambda + \mu$. A estratégia $\lambda + \mu$ consiste em realizar a união dos dois conjuntos de indivíduos (pais + filhos), e selecionando os melhores indivíduos sobre este conjunto unificado, a fim de compor a nova população (LINDEN, 2012).

4.3.2 Codificação da Solução

Um dos passos importantes no desenvolvimento de algoritmos genéticos é a codificação da solução. Para cada tipo de problema a ser otimizado, é necessário um tipo de codificação específica para os cromossomos. Entretanto, não existe uma codificação padrão para cada problema, por exemplo, para problemas de otimização de funções matemáticas, existem autores que utilizam codificação binária ou real, dependendo da complexidade do problema tratado. A codificação pode influenciar diretamente na capacidade do GAs em encontrar soluções de boa qualidade.

Neste trabalho, cada cromossomo foi codificado por um vetor C de tamanho $m + p$ bits, onde os m primeiros bits representam a presença ou não de cada característica extraída, m é a quantidade total de características extraídas, os últimos p bits são utilizados para determinar os parâmetros relacionados com o classificador que será utilizado na função *fitness*, como ilustrado na Figura 21:

Figura 21 – Codificação utilizada no GA

4.3.3 Operador de Seleção

O operador de seleção é necessário para selecionar os indivíduos para o processo de cruzamento. Esse operador é implementado utilizando a estratégia de roleta viciada. Nesta estratégia, o primeiro passo é calcular o *fitness* acumulado sobre toda a população f_{pop} . Depois disso, a probabilidade de seleção é calculada para cada indivíduo como $\rho_i = f_i / f_{pop}$, onde f_i é o *fitness* do cromossomo i . Assim, a roleta é executada Φ_{rou} vezes, em cada execução, números aleatórios na faixa de $[0, 1]$ são gerados para cada indivíduo, se a probabilidade de seleção do indivíduo i é maior que o número aleatório, então este é selecionado para se reproduzir (LINDEN, 2012).

4.3.4 Operador de Cruzamento

Os operadores de cruzamento geram novos indivíduos combinando a informação genética dos pais (os indivíduos selecionados para reproduzir), para que seus respectivos filhos (novos indivíduos) tenham partes do código genético deles. Neste trabalho, esta classe de operador é aplicada para cada geração do GA, com uma probabilidade constante igual a Φ_{cross} .

Neste trabalho, foi utilizado o cruzamento uniforme como operador de cruzamento. Neste operador, um número em $\{0, 1\}$ é sorteado aleatoriamente para cada gene no cromossomo. Estes números sorteados são utilizados para decidir se a informação genética recebida pelo respectivo gene no novo indivíduo (filho) vem do primeiro pai ou do segundo pai. Assim, dois novos indivíduos são gerados com a informação genética herdada dos pais.

4.3.5 Operador de Mutação

Mutação genética é uma operação que oferece diversidade para as soluções de modo a impedi-las de cair em máximos locais. Nem todos os genes são escolhidos para a realização de mutação. A probabilidade da operação de mutação é definida pelo parâmetro P_m . Para a aplicação deste operador, é gerado um número aleatório r entre $[0, 1]$ para cada gene t de todos os cromossomos. Se r é menor do que o valor definido para o parâmetro P_m , o valor do gene t é substituído pelo valor inverso contido em t (se o valor contido em t é 0 torna-se 1 e vice-versa) (LINDEN, 2012).

4.3.6 Função Fitness

A função fitness ou função de avaliação, realiza a avaliação de todos os cromossomos presentes na população ao longo da execução do GA. Este processo é muito importante pois a função de avaliação é o processo que guia o GA ao longo da busca no espaço de soluções a fim de atingir o máximo global. Neste trabalho, o objetivo do GA é selecionar as melhores características de forma a obter a menor taxa de erro de reconhecimento. A descrição dos classificadores será apresentada posteriormente na seção 5.

Seja T um conjunto de treinamento fornecido ao GA, o parâmetro de punição P_p que varia entre $P_p = 0 \dots 1$, para ser utilizado na função *fitness*. Podemos definir a função *fitness* no Algoritmo 6:

Algoritmo 6 *Calculo da função fitness*

- 1: **for all** $C_i \in C$ **do**
 - 2: Extraia as características selecionadas de C_i , a partir de T gere um subconjunto T' contendo apenas as características selecionadas
 - 3: Obtenha o parâmetro p em C_i
 - 4: Execute o classificar fornecendo T' e p
 - 5: Obtenha o erro médio e utilizando validação cruzada 5-fold
 - 6: Obtenha a quantidade de características do subconjunto T' em d
 - 7: Calcule o *fitness* $f_{C_i} = (100 - e)(1 - P_p) + \frac{100 - e}{P_p \frac{d}{|T|}}$
-

O parâmetro P_p possui um papel importante no cálculo da função *fitness*, pois esse parâmetro aplica uma punição na taxa de acerto do classificador de acordo com a quantidade de características utilizadas no processo de validação cruzada. Isso significa que quanto maior for a quantidade de características utilizadas, maior será a punição aplicada sobre a taxa de acerto do classificador, assim fazendo com que os cromossomos caminhem ao longo do espaço de soluções procurando a melhor taxa de acerto de classificação com a menor quantidade de características distintas utilizadas, contribuindo no processo de seleção de características do GA. Nos trabalhos de (TEODORO et al., 2013; TEODORO et al., 2015) a utilização do parâmetro de punição P_p demonstrou-se eficiente para a obtenção de soluções mais compactas para um GA e Algoritmo em um problema de otimização de cadeia de suprimentos.

4.3.7 Algoritmo Memético

Pablo Moscato propôs o termo Algoritmo Memético (do inglês *Memetic Algorithm* - MA), em 1989 (MOSCATO, 1989), em referência a uma classe de algoritmos que otimizam problemas combinatórios, como o GAs. Trata-se de algoritmos que são resultantes da combinação de Algoritmos Genéticos e outros algoritmos de busca local. A motivação desta estratégia é inserir um conhecimento a priori no processo de evolução, de forma que as melhores soluções possam ser encontradas usando informações incorporadas nas soluções atuais.

De acordo com (MOSCATO, 1989), o MA pode ser visto como a combinação de uma população de soluções com procedimentos de busca heurísticas. As principais vantagens dessa abordagem é a obtenção de resultados satisfatórios mais rápido do que o GAs e uma melhor cobertura sobre os problemas de otimização combinatória (MOSCATO, 1989). O MA pode ser descrito como o uso de operadores genéticos (seleção, cruzamento e mutação), da mesma maneira que os GAs, com a adição de uma nova fase. Nesta fase, cada indivíduo da população sofre as ações de um procedimento de busca local, a fim de melhorar o seu *fitness*. O algoritmo 7 apresenta os passos na execução de um MA.

Algoritmo 7 *Algoritmo Memético Clássico*

```

Inicializa a população inicial
Avalia cada indivíduo (ou cromossomo) utilizando a função fitness
while Condição de parada (normalmente número de gerações) do
    Selecione indivíduos para reproduzir ou sofrer mutações através de um operador de
    seleção
    Aplique operadores de cruzamento (crossover) em pares de indivíduos, de acordo
    com uma probabilidade específica
    Aplique operadores de mutação em indivíduos isolados, de acordo com uma probabi-
    lidade específica
    Aplique a busca local para cada indivíduo
    Avalie cada novo indivíduo usando a função de fitness
    Faça uma poda na população

```

Neste trabalho, a busca local do MA proposto é baseada em um conjunto de iterações sucessivas de 1 até Φ_{it} , onde Φ_{it} é a quantidade de iterações. Seja C_i um cromossomo da população P_{pop} do MA, o operador de mutação é aplicado sobre 20% do alelos de C_i . Em seguida, avaliamos a função *fitness*, se o cromossomo C_i obter melhoras em seu *fitness*, as mudanças são mantidas, caso contrário, a configuração anterior de C_i é mantida. Neste trabalho, as configurações aplicadas para o MA foram as mesmas adotadas no GA.

4.3.8 Algoritmos Genéticos Paralelos

Devido à natureza dos GAs serem inspirados em indivíduos que evoluem em uma população, onde cada indivíduo representa uma solução candidata no espaço de busca, permite que os GAs sejam facilmente paralelizados (LINDEN, 2012). Os GAs paralelos podem ser classificados em três abordagens distintas (CANTÚ-PAZ, 1998):

- GA Mestre—Escravo com população global: a função *fitness* é calculada paralelamente em cada indivíduo (escravo) da população reportando o resultado ao GA principal(mestre) para posteriormente aplicar os operadores genéticos como poda da população, cruzamento e mutação, como mostra a Figura 22.
- GA de Granularidade Fina: A população do GA é dividida em subgrupos permitindo aos cromossomos competirem e reproduzirem somente com seus vizinhos destes subgrupos.
- GA de Granularidade Grossa: A população é dividida em subpopulações isoladas que evoluem paralelamente e eventualmente estas subpopulações trocam indivíduos entre si.

Neste trabalho com o objetivo que reduzir o tempo de execução do GA e MA, foi utilizada a abordagem GA Mestre—Escravo, com população global para o cálculo da função *fitness*, anteriormente descrita no Algoritmo 6. A codificação foi realizada no nível de *Threads* de processamento onde cada *Thread* foi responsável pela avaliação da função *fitness* de cada indivíduo da população do GA e MA.

Figura 22 – GA Mestre—Escravo com população global.

4.4 Otimização por Enxame de Partículas

A Otimização por Enxame de Partículas (*do inglês Particle Swarm Optimization - PSO*) é um método estocástico baseado em população de soluções, desenvolvida por (KENNEDY; EBERHART, 1995). É um método bio-inspirado no comportamento social da revoada de pássaros e de cardume de peixes.

O PSO é semelhante ao GA e MA em diversos aspectos, como a inicialização de uma população de soluções aleatórias e procura por um resultado ótimo avaliando geração

a geração. No entanto, o PSO não possui os operadores de *crossover* e mutação existentes no GA e MA, o que facilita a construção da solução, uma vez que não é necessário calibrar diversos parâmetros como taxa de mutação, taxa de *crossover*, tipo de *crossover*, tipo de poda e eventualmente a taxa de poda (IMRAN; HASHIM; KHALID, 2013). No PSO, todas as soluções candidatas do problema são denominadas partículas e estas partículas caminham no espaço de busca seguindo as partículas que, naquele momento, melhor resolvem o problema e trocando informações entre si. Cada partícula possui uma posição no espaço de busca, uma velocidade e um *fitness*, que serão posteriormente descritos.

A versão original do PSO proposta por (KENNEDY; EBERHART, 1995) possuía apenas codificação real para a solução, pois inicialmente o PSO foi projetado para otimização de problemas de k dimensões (ou variáveis de entrada de uma função se o caso). Posteriormente, (KENNEDY; EBERHART, 1997) fizeram uma adaptação do PSO para a codificação binária, uma vez que esta codificação é largamente utilizada para otimização de problemas e análise combinatória e roteamento. O PSO, assim como o GA, é composto por uma população que no caso do PSO é chamada de enxame, P_{enx} , de tamanho definido pelo parâmetro Φ_{enx} . O projeto clássico do PSO é descrito no Algoritmo 8.

Algoritmo 8 *PSO Clássico*

```

Inicializa todas as partículas
Avalia cada indivíduo (ou cromossomo) utilizando a função fitness
while Condição de parada (normalmente número de gerações  $\Phi_{maxit}$ ) do
  for all  $P_i \in P_{enx}$  do
    Calcula o valor do fitness  $f_{novo}$  da partícula  $P_i$ 
    if  $f_{novo} > f_{atual}$  then
       $f_{atual} \leftarrow f_{novo}$ 
    Seleciona o melhor  $f_{atual}$  de  $P_{enx}$  atualiza  $f_{global}$ 
  for all  $P_i \in P_{enx}$  do
    Calcula a velocidade da partícula  $P_i$ 
    Atualiza a posição da partícula  $P_i$  no espaço de busca

```

Nos trabalhos de (KENNEDY; EBERHART, 1995) foi proposto que a velocidade e as posições das partículas fossem calculadas pelas equações 41 e 42,

$$V_i(t+1) = wV_i(t) + c_1r_1(t)(F_{atual}^i(t) - P_i(t)) + c_2r_2(t)(f_{global}(t) - P_i(t)) \quad (41)$$

$$P_i(t+1) = P_i(t) + V_i(t) \quad (42)$$

onde cada partícula $P_i (i = 1, 2, \dots, \Phi_{enx})$ possui uma posição no instante $t = 1, 2, \dots, \Phi_{maxit}$, $V_i(t)$ é a respectiva velocidade da partícula P_i no momento t , $c1$ e $c2$ são os chamados parâmetros de confiança e definem o quanto uma partícula confia em si ($c1$) ou no enxame, ($c2$), $r1$ e $r2$ são números aleatórios compreendidos no intervalo $[0 - 1]$ e w é um parâmetro que representa a inércia da partícula e controla a sua capacidade de exploração do espaço de soluções. Um valor alto determina uma busca global enquanto um valor baixo determina uma busca local.

Neste trabalho, por se tratar da necessidade de seleção de características e não da otimização de uma função, foi projetado um PSO semelhante as abordagens propostas por (MELGANI; BAZI, 2008) e (RAMADAN; ABDEL-KADER, 2009). No trabalho de (MELGANI; BAZI, 2008), foi proposta a utilização do classificador SVM embarcado no cálculo da função *fitness* para a classificação de cardiopatias do sinal de ECG e no trabalho de (RAMADAN; ABDEL-KADER, 2009), foi proposta a utilização de PSO para seleção de características para a identificação biométrica por reconhecimento de face. Em ambos trabalhos citados o PSO binário foi utilizado. Nas subseções 4.4.2 e 4.4.1 é apresentada a abordagem proposta neste trabalho para a utilização do PSO para a seleção de características.

4.4.1 Codificação da Partícula

Para a codificação da partícula, foi adotada uma abordagem idêntica a abordagem proposta pelo GA na subseção 4.3.2 e as abordagens propostas por (MELGANI; BAZI, 2008; RAMADAN; ABDEL-KADER, 2009; KAYA; PEHLIVAN, 2015), que fizeram uso do PSO binário para seleção de características. Cada partícula é composta por um vetor de bits de tamanho $m + p$ bits, onde os m primeiros bits representam a presença ou não de uma característica extraída, m é a quantidade total de características extraídas, os últimos p bits são utilizados para determinar os parâmetros relacionados com o classificador a ser utilizado na função *fitness*.

4.4.2 Cálculo da Função Fitness, Velocidade e Posição

Para o cálculo da função *fitness* do PSO, foi utilizada a mesma abordagem proposta no GA e MA como é descrito no Algoritmo 6, não há diferenças estruturais, apenas que

o cromossomo C_i utilizado no GA e MA é substituído pela partícula P_i como vetor de características selecionadas. Neste trabalho, o Algoritmo 9 foi desenvolvido para o cálculo das velocidades e posições de todas as partículas. Seja T um conjunto de treinamento fornecido ao PSO, podemos atualizar suas respectivas posições e velocidades como descrito a seguir.

Algoritmo 9 *PSO - Cálculo das Velocidades e Posições*

Ordena as todas as partículas de P_{enx} de forma crescente de acordo com o *fitness*

for all $P_i \in P_{enx}$ **do**

Obtenha a quantidade de características do subconjunto T' em d

$P_{aux} \leftarrow P_i(t)$

Calcule a velocidade $V_i(t) = \lceil \frac{(P_{vmax} - F_{atual}^i)}{P_{vmax} * d} \rceil$

for $j \leftarrow 1, V_i(t)$ **do**

if $rand() > w$ **then**

$pos = \lceil rand() * lenDataParticle \rceil$

if $rand() > r1$ **then**

Atualiza a posição pos de $P_i(t)$ igual a 1

Atualiza a posição pos de $P_i(t)$ igual a 0

$pos = \lceil rand() * lenDataParticle \rceil$

if $rand() > r2$ **then**

Atualiza a posição pos de $P_i(t)$ igual a posição pos de $P_{i+1}(t)$

else

Atualiza a posição pos de $P_i(t)$ igual a posição pos de $P_{|P_{enx}|}$

$Fit_{aux} \leftarrow fitness(P_i)$

if $Fit_{aux} > F_{atual}^i(t)$ **then**

$F_{atual}^i(t) \leftarrow Fit_{aux}$

$P_{aux} \leftarrow P_i(t)$

else

$P_i(t) \leftarrow P_{aux}$

O cálculo das velocidades e das posições, descrito no Algoritmo 9, é executado a cada iteração t até Φ_{maxit} . Inicialmente, as partículas são ordenadas de acordo com o *fitness* e, em seguida, é calculada a velocidade da partícula P_i utilizando o parâmetro P_{vmax} , que define o limite superior máximo para o cálculo da velocidade de cada partícula. O valor obtido no cálculo da velocidade representará a quantidade de mudanças que a partícula P_i sofrerá ao longo das mudanças de posicionamento. Podemos observar que este valor está escalonado de acordo com o parâmetro P_{vmax} . Então, quanto mais distante o *fitness* de uma partícula P_i estiver do parâmetro P_{vmax} , maior será a sua velocidade e, por sua vez, a quantidade de modificações que P_i sofrerá a fim de se aproximar ao parâmetro P_{vmax} .

A cada mudança j aplicada à partícula, dois processos podem ser aplicados para o ajuste da posição da partícula. No primeiro são sorteados 2 valores randômicos (função $rand()$) no intervalo de $0, \dots, 1$, o primeiro valor é aplicado para o trecho de pseudo-código visto na linha 6, caso esse valor seja maior que o parâmetro w o PSO fará uma mudança em uma posição pos randomicamente escolhida entre as posições da partícula P_i , neste cenário, caso o segundo valor escolhido seja maior que o parâmetro $r1$ a posição selecionada será definida igual a zero, do contrário a posição selecionada será definida igual a um. Este processo garante uma maior diversidade das posições das partículas ao longo de sua evolução no espaço global de soluções, no entanto um valor muito alto de w pode levar o PSO a ter um comportamento de busca aleatória neste abordagem proposta. Pensado que o principal objetivo do PSO é gerar um subconjunto de características mínimo, é interessante que o valor escolhido de $r1$ seja maior 0.5, pois desta forma as chances de uma característica ser removida do conjunto de características selecionadas é maior do que as chances do PSO adicionar uma nova característica ao conjunto de características selecionadas. No segundo processo se o valor randômico da função $rand()$ for maior que $r2$, a posição pos randomicamente escolhida é atualizada em P_i com a informação de P_{i+1} como mostra a linha 14, em outras palavras a partícula P_i é atualizada com a informação de seu vizinho mais próximo P_{i+1} , do contrário a posição pos de P_i é atualizada com a informação de $P_{|P_{enx}|}$. Em outras palavras, a informação de P_i é atualizada com a informação da melhor partícula no momento t , visto que as partículas são ordenadas de forma decrescente no início processo de cálculo das velocidades e posições das partículas.

Naturalmente que se estes procedimento levar a uma piora do valor do *fitness* das partículas, estas alterações não serão aplicadas às partículas como podemos observar no trecho iniciado na linha 17. Este tratamento permite que o PSO evolua mais rapidamente ao máximo global ao passo que evita uma busca randômica no espaço de soluções.

5 Classificadores

5.1 Introdução

Neste capítulo, apresentamos os classificadores utilizados neste estudo. A escolha destes classificadores foi tomada a partir da revisão bibliográfica apresentada no capítulo 2.

5.2 Classificador baseado em distância Mínima

O Classificador baseado em distância Mínima (DIST) funciona por comparação de um novo vetor de entrada em relação ao valor médio das classes. A classe que está mais próxima a este novo vetor de entrada é considerado vencedor, e o vetor será classificado como pertencendo a esta classe. Neste trabalho para o cálculo da distância foi utilizada a distância euclidiana quadrática definida na Equação 43.

$$dist(s(i), s(j)) = (x(i) - x(j))^2 + (y(i) - y(j))^2. \quad (43)$$

5.3 k Vizinhos mais Próximos - KNN

O classificador k vizinhos mais próximos (*do inglês - k -Nearest Neighbors - KNN*) foi proposto por (COVER; HART, 2006) e é amplamente utilizado em várias tarefas de classificação e agrupamento de dados. Um novo exemplo x é classificado por voto majoritário de seus vizinhos, com o exemplo sendo atribuído para a classe mais frequente entre seus k vizinhos mais próximos medidos por uma função de distância. Se $k = 1$, então o novo exemplo é atribuído à classe de seu vizinho mais próximo.

5.4 Máquinas de Vetores Suporte

Máquina de Vetores Suporte (do inglês Support Vector Machine - SVM) é uma das principais metodologias para problemas de classificação, sendo empregada em diversos domínios. Geralmente é indicada para o uso em problemas com dados de alta dimensiona-

lidade (LOURENÇO; SILVA; FRED, 2012). Nesta seção, descreve-se o emprego de SVM em problemas de classificação.

Considere um problema de classificação com um conjunto de treinamento $\{(\mathbf{x}_i, y_i)\}_{i=1}^N$, com entrada $\mathbf{x}_i \in \mathfrak{R}^m$ e saída $y_i \in \{\pm 1\}$. Seja um mapeamento não linear $\phi : \mathfrak{R}^m \rightarrow \mathfrak{R}^n$, onde n é muito maior que m de modo que os vetores de entrada são mapeados em um espaço de alta dimensionalidade (SCHÖLKOPF; SMOLA, 2002). Nesse espaço (chamado espaço de característica), a SVM constrói um hiperplano $\mathbf{w}^T \phi(\mathbf{x}) + b$, onde a margem entre as classes é maximizada. Pode-se mostrar que $\mathbf{w}$, para esse hiperplano ótimo, pode ser definido como a combinação linear $\phi(x)$, tal que $\mathbf{w} = \sum_{i=1}^N \alpha_i y_i \phi(\mathbf{x}_i)$ (CRISTIANINI; SHAW-ET-TAYLOR, 2000).

Na formulação das SVMs (VAPNIK, 1998), o hiperplano de separação ótimo $\mathbf{w}$ pode ser determinado minimizando a seguinte função:

$$\min_{w, b, \xi_i} J(w, b, \xi_i) = \frac{1}{2}(\mathbf{w}^T \mathbf{w}) + C \sum_{i=1}^N \xi_i, \quad (44)$$

sujeita às restrições:

$$y_i[\mathbf{w}^T \phi(\mathbf{x}_i) + b] \geq 1 - \xi_i, i = 1, \dots, N. \quad (45)$$

onde C estabelece o compromisso entre a complexidade do modelo e o erro de treinamento e $\xi_i, i = 1, \dots, N$, são variáveis de folga, medindo a diferença (erro) entre a saída desejada y_i e a produzida pela SVM.

Aplicando a técnica de Lagrange ao problema de otimização da equação 44, juntamente com as restrições da expressão 45, resulta um problema quadrático com restrições, cuja solução é o ponto de sela do funcional lagrangeano (VAPNIK, 1998):

$$\max_{\alpha} J(\alpha) = \sum_{i=1}^N \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N \alpha_i \alpha_j y_i y_j \phi(\mathbf{x}_i)^T \phi(\mathbf{x}_j) \quad (46)$$

sujeita à $\sum_{i=1}^N \alpha_i y_i = 0$ e $0 \leq \alpha_i \leq C$, para $i = 1, \dots, N$, onde $\alpha_i (i = 1, \dots, N)$ são os multiplicadores de Lagrange.

Para obter $\phi(\mathbf{x}_i)^T \phi(\mathbf{x}_j)$ na equação 46, não é necessário calcular $\phi(\mathbf{x}_i)$ ou $\phi(\mathbf{x}_j)$ explicitamente. Ao invés disso para algum ϕ , é possível construir uma matriz de *kernel* K tal que $K(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) = \phi(\mathbf{x}_i)^T \phi(\mathbf{x}_j)$ (SCHÖLKOPF; SMOLA, 2002).

Os *kernels* são utilizados para realizar o mapeamento não linear dos dados de entrada para um espaço de características de alta-dimensionalidade de uma maneira

computacionalmente eficiente. Diferentes funções *kernel* dão origem a diferentes espaços de características, influenciando na capacidade de generalização do classificador resultante. Então, podemos definir que um passo importante a ser considerado na construção de SVMs é como escolher a melhor função *kernel* e o valor do seu parâmetro para cada problema.

Entre diversos tipos de *kernel* (SCHÖLKOPF; SMOLA, 2002), têm-se o *kernel* RBF (Função de Base Radial):

$$K_{RBF}(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) = \exp\left(-\frac{\|\mathbf{x}_i - \mathbf{x}_j\|^2}{2\sigma^2}\right).$$

onde σ representa a variância, e o *kernel* Linear:

$$K_{Linear}(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) = x_i^T x_j.$$

Usando uma função *kernel*, a função objetivo 46 pode ser reescrita como:

$$\max_{\alpha} J(\alpha) = \sum_{i=1}^N \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N \alpha_i \alpha_j y_i y_j K(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) \quad (47)$$

Para os exemplos de treinamento que estão localizados na fronteira de decisão, o respectivo α_i de cada exemplo é maior que 0, como mostrado pelo Teorema de Kuhn-Tucker (CRISTIANINI; SHAW-TAYLOR, 2000). Esses exemplos são conhecidos como vetores suporte, sendo que a quantidade de vetores suporte geralmente é muito menor que N e ao erro de generalização do classificador (VAPNIK, 1998). Um vetor de teste $\mathbf{x} \in \mathfrak{R}^m$ é então classificado de acordo com:

$$f(n) = \text{sign}[\mathbf{w}^T \phi(\mathbf{x}) + b] = \text{sign}\left(\sum_{i=1}^N \alpha_i y_i K(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i) + b\right)$$

De acordo com (HSU; CHANG; LIN, 2003) uma estratégia comum para a validação do classificador SVM é aplicar a estratégia de validação cruzada. A validação cruzada consiste em dividir o conjunto de treinamento do classificador em K subconjuntos (*folds*) de tamanhos iguais. Então é realizado um processo de treinamento e teste K vezes, sendo que a cada vez um subconjunto k_i é selecionado para ser testado, enquanto que os outros subconjuntos são usados para o treinamento do classificador. Ao final dessa abordagem obtém-se uma análise mais precisa sobre o desempenho do classificador para todos os elementos do conjunto de dados original.

5.5 Floresta de Caminhos Ótimos

O classificador de Floresta de Caminhos Ótimos (*do inglês Optimum-Path Forest - OPF*) é um classificador supervisionado (embora exista a bordagem não supervisionada do mesmo) proposto por (PAPA; FALCÃO; SUZUKI, 2009). Nos trabalhos de (NUNES et al., 2014) foi demonstrado um estudo comparativo entre o OPF e técnicas tradicionais de classificação como SVMs e Redes Neurais Artificiais para a classificação do diagnóstico de epilepsia por meio do sinal de ECG. Neste trabalho provou-se que para este bio-sinal o OPF apresentou melhores resultados quando comparado a estas técnicas tradicionais.

No processo de treinamento do classificador, todas as amostras são representadas por nós de um grafo completamente conectado, as arestas que conectam essas amostras possuem um peso calculado pela distância do vetor de característica de cada nó. O próximo passo é gerar uma Árvore Geradora de Custo Mínimo (*do inglês Minimum Spanning Tree - MST*). Com a MST gerada, obtêm-se um grafo acíclico de custo mínimo contendo todas as amostras, assim os elementos mais próximos de classes diferentes serão os protótipos escolhidos. O Algoritmo 10 detalha o processo de treinamento do classificador OPF (QUINTA et al., 2012).

Cada protótipo torna-se uma raiz de uma sub-árvore ótima e cada nó é classificado de acordo com o protótipo mais fortemente conectado. Este processo acaba realizando algo muito semelhante às Redes Neurais e SVMs na geração de retas ou hiperplano de separação entre as classes, gerando partições ótimas no espaço das características. A Figura 23 apresenta todo o processo de treinamento do classificador OPF.

Após o processo de treinamento podemos descrever o OPF como uma floresta de caminhos ótimos onde as raízes das árvores desta floresta são os protótipos. Isto significa que uma amostra pertence apenas uma árvore de caminho ótimo e este protótipo é o mais fortemente conectado a esta amostra.

Durante o processo de classificação, uma nova amostra t do conjunto de teste que está sendo classificada inicialmente é conectada a todos os nós da floresta de caminhos ótimos obtida no processo de treinamento supervisionado. Feito isso é analisado o custo da amostra t em relação aos nós da floresta. Após avaliado o custo de todos os nós o menor custo é escolhido e a classe associada ao nó de menor custo será a classe definida para a amostra t que está sendo classificada. A amostra t é removida da floresta mantendo a

Algoritmo 10 Processo de treinamento supervisionado do classificador OPF

Input: Conjunto Z_1 , protótipos $S^* \subset Z_1$ e par de valores (v, d) para extração de características e cálculo das distâncias.

Output: Floresta de caminhos ótimos P , mapa de valores ótimos V , e mapa de rótulos L .

Variáveis: Fila de prioridades Q e variável tmp .

for all $s \in Z/S^*$ **do**

$V(s) \leftarrow +\infty$

for all $s \in S^*$ **do**

$V(s) \leftarrow 0$;

$P(s) \leftarrow nil$;

$L(s) \leftarrow \lambda(s)$;

Insira s em Q

while Q não estiver vazia **do**

Remova de Q uma amostra s tal que $V(s)$ seja mínima.

for all $t \in Z$ tal que $t \neq s$ e $V(t) > V(s)$ **do**

Calcule $tmp \leftarrow \max V(s), d(s, t)$

if $tmp < V(t)$ **then**

if $V(t) \neq +\infty$ **then**

$P(t) \leftarrow s$

$L(t) \leftarrow L(s)$

$V(t) \leftarrow tmp$

Insira t em Q

Return: P, R, V

sua estrutura original e em seguida uma nova amostra do conjunto de teste é submetida a classificação. Este processo pode ser observado na Figura 24.

Neste trabalho foi utilizada como função de custo a função definida na Equação 48, que é a função padrão utilizada nos trabalhos de (PAPA; FALCÃO; SUZUKI, 2009).

$$V(t) = \min \max V(s), d(s, t) \quad (48)$$

Também foi utilizada a *toolbox* LibOPF 2.0 disponível em <http://www.ic.unicamp.br/~afalcao/LibOPF>.

Figura 23 – Processo de Treinamento do OPF. (a) Grafo Completo, (b) Árvore de custo mínimo, (c) Protótipos seleccionados, (d) Floresta de Caminhos Ótimos Gerado (NUNES et al., 2014).

Figura 24 – Processo de Classificação do OPF. (a) Amostra de teste é submetida e conectada a todos os nós da floresta, (b) A amostra de teste é classificada de acordo com o nó que possui o menor custo (NUNES et al., 2014).

6 Resultados Experimentais

Neste capítulo, os três experimentos realizados e seus respectivos resultados são apresentados. No primeiro experimento foram avaliadas isoladamente todas as 756 características fiduciais e não fiduciais extraídas do sinal de ECG. O segundo experimento foi realizado avaliando isoladamente e par-a-par cada grupo de características fiduciais e não fiduciais. Uma descrição é descrita nas seções a seguir. No terceiro experimento foi empregada a abordagem proposta neste trabalho, que consiste na utilização de GA, MA e PSO como técnicas de seleção de características para gerar um subconjunto mínimo de características com uma alta taxa de acerto sobre os bancos de dados utilizados.

Com o objetivo de facilitar a interpretação das características utilizadas, as características fiduciais foram divididas em 4 grupos, Amplitudes e Distâncias (AD), Ângulos (AN), Áreas (AREA) e Inclinações (INC), as características obtidas a partir da WT foram divididas em 13 grupos de acordo com as funções wavelet: Haar, Symlet, Daubechies e Coiflet de ordem 1 a 4 e Biorthogonal (bior) variando a ordem entre 1.1, 2.2, 3.1 e 3.9 (conforme descrito na sessão 3.3.11). No caso da WT foi fixado 4 níveis de decomposição. As outras características formaram um grupo cada uma. Ao final deste processo foram obtidos 33 grupos de características como descrito na Tabela 3.

Para todos os experimentos foram utilizados duas bases de dados, o *MIT-BIH Arrhythmia Database* e o *PTB ECG Database*. Estas serão descritas na seção 6.1.

6.1 Descrição das Bases de Dados

De forma a avaliar a metodologia proposta, foram utilizadas duas bases de ECG disponíveis publicamente, a saber, a *PTB ECG Database* e a *MIT-BIH Arrhythmia Database*.

A primeira (*PTB ECG Database*) contém o sinal de ECG obtido de 290 pessoas amostrados a 1KHz. Os sinais foram obtidos de 209 homens e 81 mulheres com idades entre 17 e 87 anos. O número de gravações por pessoa varia de 2 (coletados em um único dia) a 20 (coletados periodicamente durante 6 meses) (GOLDBERGER et al., 2000 (June 13)).

A segunda base de dados (*MIT-BIH Arrhythmia Database*) contém o sinal de ECG obtido de 47 pessoas amostrados a $360Hz$, com duração aproximada de 30 minutos. Os registros foram escolhidos em um conjunto contendo mais de 4000 gravações obtidos a partir de (GOLDBERGER et al., 2000 (June 13)) *Holters* do *Beth Israel Hospital Arrhythmia Laboratory*, entre os anos de 1975 e 1979.

6.2 Experimento # 1 - Características Individuais

O primeiro experimento tem como objetivo avaliar o poder de discriminação de cada uma das 756 características individualmente. Logo foram realizadas 756 simulações para cada um dos 4 classificadores utilizados nesse trabalho, nas duas bases de dados. Para o classificador SVM foi definido o conjunto de $2^0, \dots, 2^i$ onde $i = 1 \dots 8$ para o parâmetro σ do *kernel*. Para o valor do parâmetro k do classificador KNN foram definidos o seguinte conjunto de valores $\{20, 40, 60, 80, 100, 120, 140, 160, 180, 200\}$. Ao todo foram geradas 28728 simulações distintas e em todas foi utilizado validação cruzada 5-folds.

As Tabelas 4, 5, 6 e 7 apresentam os 10 melhores resultados obtidos com as características individuais utilizando as bases de dados MIT e PTB. Analisando os resultados obtidos para o classificador DIST apresentados na Tabela 4 pode-se observar que para ambas as bases de dados, a *WT* com funções mãe distintas esteve presente em vários resultados. Para a base de dados MIT, o melhor resultado foi obtido usando o ângulo dos segmentos $\widehat{QRS}$, com a qual foi obtida uma taxa de acerto igual a 29,5833%. Para a base de dados PTB, a melhor característica foi a *WT* com função mãe coif de ordem 2, com a qual foi obtida uma taxa de acerto igual a 10,42%. As características não fiduciais foram predominantes para ambas as bases de dados. Abordagens recentemente propostas, tais como *PLR* e *TD* obtiveram melhores resultados quando comparado com outras abordagens tradicionais utilizadas no processamento de sinal ECG.

Na Tabela 5 são apresentados os resultados obtidos usando o classificador *KNN*. Analisando esta tabela, pode-se observar uma predominância das características fiduciais ao utilizar a base de dados MIT, para diversos valores do parâmetro k . Para a base de dados PTB, existe uma predominância das características não fiduciais, principalmente *WT*. O melhor resultado para a base de dados MIT foi alcançado usando a área do triângulo formado pelos pontos $\{x(S), y(S)\}$, $\{x(T), y(S)\}$, $\{x(T), y(T)\}$, com a qual foi

Tabela 4 – Melhores resultados alcançados usando o classificador *DIST*

% de acerto	Grupo	Característica	std	Banco de Dados
29,5833	AN	Ângulo dos seguimentos $\widehat{QRS}$	6,8148	MIT
29,1667	AC	ACF -1	4,4194	MIT
28,75	AC	ACF -2	7,1261	MIT
27,9167	AC	Diferença entre os limites	6,5219	MIT
27,9167	AR	AR ordem 2 parâmetro - 1	4,0612	MIT
27,9167	WT-coif1	Potência Média CD2	2,3754	MIT
27,5	WT-db2	Potência Média CD1	1,743	MIT
27,5	WT-sym2	Potência Média CD1	1,743	MIT
27,0833	PLR	PLR valores -1	4,6585	MIT
27,0833	PLR	PLR valores -2	4,6585	MIT
10,4138	WT-coif2	Desvio Padrão CA4	1,9106	PTB
10,1379	FFT	COEFF -3	2,6998	PTB
10,1379	WT-coif1	Potência Média CA4	1,5149	PTB
10,069	FFT	FFT COEFF -4	2,7521	PTB
10,069	WT-coif4	Potência Média CA4	1,3663	PTB
10	WT-db3	Potência Média CA4	1,0345	PTB
10	WT-sym3	Potência Média CA4	1,0345	PTB
10	WT-sym4	Potência Média CA4	1,1945	PTB
9,8621	TD	Energia Total	2,216	PTB
9,7931	WT-coif1	Desvio Padrão CA4	1,8981	PTB

obtida uma taxa de acerto igual a 33,75%, enquanto que para a base de dados PTB o melhor resultado foi alcançado utilizando a *WT* com função mãe coif de ordem 4 com uma taxa de acerto igual a 14,55%.

Os resultados obtidos com o classificador *OPF* são apresentados na Tabela 6. Analisando esta tabela, pode-se observar um comportamento similar para os resultados obtidos utilizando o classificador *DIST*, ou seja, houve uma predominância das características não fiduciais, principalmente *WT* para ambas as bases de dados. O melhor resultado para a base de dados MIT foi obtido usando a área do triângulo formado pelos pontos $\{x(S), y(S)\}$, $\{x(T), y(S)\}$, $\{x(T), y(T)\}$. Neste caso, foi alcançada uma taxa de acerto igual a 26,67%. Para a base de dados PTB, o melhor resultado foi obtido usando a energia total calculado no domínio do tempo, com a qual foi alcançada uma taxa de acerto igual a 10%.

Os resultados obtidos com o classificador *SVM* são apresentados na Tabela 7. Novamente, pode-se notar uma predominância da *WT*, característica não fiducial, para ambas as bases de dados. O melhor resultado alcançado para a base de dados MIT foi utilizando média dos valores absolutos dos coeficientes de detalhe com 2 níveis de

Tabela 5 – Melhores resultados alcançados usando o classificador KNN

% de acerto	Grupo	Característica	k	std	Banco de Dados
33,75	AREA	$\{x(S), y(S)\}, \{x(T), y(S)\}, \{x(T), y(T)\}$	60	3,7268	MIT
33,3333	AREA	$\{x(S), y(S)\}, \{x(T), y(S)\}, \{x(T), y(T)\}$	120	3,8976	MIT
32,9167	AREA	$\{x(S), y(S)\}, \{x(T), y(S)\}, \{x(T), y(T)\}$	140	4,2696	MIT
32,5	AD	$T_{amp}(i) - S_{amp}(i)$	60	6,002	MIT
32,5	AD	$T_{amp}(i) - S_{amp}(i)$	120	6,002	MIT
32,5	AREA	$\{x(S), y(S)\}, \{x(T), y(S)\}, \{x(T), y(T)\}$	180	4,7962	MIT
31,6667	AREA	$\{x(S), y(S)\}, \{x(T), y(S)\}, \{x(T), y(T)\}$	100	3,7268	MIT
31,6667	AC	ACF -1	100	11,3537	MIT
31,6667	AD	$T_{amp}(i) - S_{amp}(i)$	140	4,5166	MIT
31,6667	AD	$T_{amp}(i) - S_{amp}(i)$	180	4,5166	MIT
14,5517	WT-coif4	Potência Média CA4	180	1,2044	PTB
14,3448	WT-coif4	Potência Média CA4	140	0,8992	PTB
13,3103	PAT	PAT COEFF -7	180	2,359	PTB
13,1724	WT-sym3	Potência Média CA4	140	0,51146	PTB
13,1034	WT-db3	Potência Média CA4	140	0,54522	PTB
13,1034	WT-sym4	Potência Média CA4	140	0,87914	PTB
13,1034	WT-coif2	Potência Média CA4	140	1,0628	PTB
13,1034	WT-sym4	Potência Média CA4	180	0,91233	PTB
13,0345	PAT	PAT COEFF -7	140	1,9869	PTB
12,8966	TD	Energia Total	140	1,6998	PTB

decomposição. Neste caso, foi obtida uma taxa de acerto igual a 14,58%. Para a base de dados PTB, o melhor resultado foi alcançado usando potência média dos coeficientes de aproximação com 4 níveis de decomposição. Para esta característica foi alcançado uma taxa de acerto igual a 7,24%.

De forma geral, percebe-se que o SVM apresentou a pior taxa de acerto quando comparada aos outros classificadores. Conjectura-se que este desempenho ruim deve estar relacionado ao parâmetro do kernel, parâmetro C , e ao baixo poder de discriminação das características extraídas. Apesar de ter sido utilizado um conjunto de valores para o parâmetro do *kernel*, pode ser que o valor ótimo não esteja dentro da faixa utilizada.

A característica que mais se destacou foi a *WT*, a qual esteve presente em todas as execuções. Algumas características fiduciais também se destacaram, sendo que estas produziram o melhor desempenho para a base de dados MIT, independente do classificador utilizado. Não houve nenhuma execução em que uma única característica fiducial ou não fiducial fosse capaz de atingir uma taxa de acerto superior a 35%. Isto demonstra

Tabela 6 – Melhores resultados alcançados usando o classificador OPF

% de acerto acerto	Grupo	Característica	std	Banco de Dados
26,6667	AN	$\{x(S), y(S)\}, \{x(T), y(S)\}$	5,1875	MIT
25,4167	AREA	$\{x(S), y(S)\}, \{x(T), y(S)\}, \{x(T), y(T)\}$	1,743	MIT
23,3333	WT-coif3	Potência Média CA4	7,7111	MIT
23,3333	WT-coif4	Potência Média CA4	5,1875	MIT
22,5	AC	ACF -1	4,5166	MIT
21,6667	WT-sym4	Média valores Abs CA4	6,002	MIT
21,6667	WT-bior2.2	Média valores Abs CD2	5,8184	MIT
21,25	WT-db1	média CD1	6,8148	MIT
21,25	WT-db2	Mínimo CA4	6,145	MIT
21,25	WT-db3	Média valores Abs CA4	7,8506	MIT
10	TD	Energia Total	1,857	PTB
9,5172	WT-sym4	Potência Média CA4	1,4343	PTB
9,5172	WT-coif2	Potência Média CA4	0,75548	PTB
9,4483	WT-coif1	Potência Média CA4	2,5988	PTB
9,3103	WT-db3	Potência Média CA4	1,4832	PTB
9,3103	WT-sym3	Potência Média CA4	1,4832	PTB
8,8966	WT-db2	Potência Média CA4	1,6963	PTB
8,8966	WT-sym2	Potência Média CA4	1,6963	PTB
8,8276	TD	Desvio Padrão	2,216	PTB
8,7586	WT-db4	Potência Média CA4	1,5149	PTB

a necessidade de combinação e seleção de característica para a obtenção de melhores resultados no processo de reconhecimento.

6.3 Experimento # 2 - Conjuntos de Características

Para a avaliação dos conjuntos de características, uma busca cega foi aplicada sobre a combinação das características extraídas. Neste contexto, as características fiduciais foram divididas em 4 grupos, Amplitudes e Distâncias (AD), Ângulos (AN) e Áreas (AREA), as características obtidas a partir da WT foram divididas em 13 grupos de acordo com as funções wavelet: Haar, Symlet, Daubechies e Coiflet de ordem 1 a 4 e Biorthogonal (bior) variando a ordem entre 1.1, 2.2, 3.1 e 3.9 (como mencionado na sessão 3.3.11). No caso da WT foi fixado 4 níveis de decomposição. As outras características formaram um grupo cada uma. Ao final deste processo foram obtidos 33 grupos de características como descrito na Tabela 3. Os grupos foram avaliados individualmente, em seguida estes grupos foram avaliados dois a dois, totalizando 22440 execuções distintas. Cada simulação

Tabela 7 – Melhores resultados alcançados usando o classificador SVM

% de acerto acerto	Grupo	Característica	Param. σ	std	Banco de Dados
14,5833	WT-coif1	Média valores Abs CD2	4	3,294	MIT
14,5833	WT-coif1	Média valores Abs CD2	8	3,294	MIT
14,5833	WT-coif1	Média valores Abs CD2	16	3,294	MIT
14,5833	WT-coif1	Média valores Abs CD2	32	3,294	MIT
14,5833	WT-coif1	Média valores Abs CD2	64	3,294	MIT
14,5833	WT-coif1	Média valores Abs CD2	128	3,294	MIT
14,1667	WT-bior3.1	Potência Média CD2	2	2,7163	MIT
14,1667	WT-bior3.1	Potência Média CD2	4	2,7163	MIT
14,1667	WT-bior3.1	Potência Média CD2	8	2,7163	MIT
14,1667	WT-bior3.1	Potência Média CD2	16	2,7163	MIT
7,2414	WT-coif4	Potência Média CA4	2	1,6716	PTB
7,2414	WT-coif4	Potência Média CA4	4	1,6716	PTB
7,2414	WT-coif4	Potência Média CA4	8	1,6716	PTB
7,2414	WT-coif4	Potência Média CA4	16	1,6716	PTB
7,2414	WT-coif4	Potência Média CA4	32	1,6716	PTB
7,2414	WT-coif4	Potência Média CA4	64	1,6716	PTB
7,2414	WT-coif4	Potência Média CA4	128	1,6716	PTB
7,1034	TD	TD - Maior Valor	2	1,3266	PTB
7,1034	TD	TD - Maior Valor	4	1,3266	PTB
7,1034	TD	TD - Maior Valor	8	1,3266	PTB

foi avaliada utilizando validação cruzada com 5-folds. Similar ao experimento 1, para o classificador SVM foi definido o conjunto $2^0, \dots, 2^i$ onde $i = 1 \dots 8$ para o parâmetro σ do *kernel* e para o classificador KNN foram utilizados o seguinte conjunto de valores $\{20, 40, 60, 80, 100, 120, 140, 160, 180, 200\}$ para o parâmetro k .

A Tabela 8 apresenta os 5 melhores resultados obtidos utilizando apenas um grupo de características para os 4 classificadores utilizados neste trabalho e para as bases de dados PTB e MIT.

Os 5 melhores resultados para a base de dados MIT e para a base de dados PTB foram obtidas utilizando o classificador OPF. Em todas as simulações, os melhores resultados foram alcançados usando WT, mas ocorreu uma variação entre as funções mãe e suas respectivas ordens.

As Tabelas 9, 10, 11 e 12 apresentam os 10 melhores resultados obtidos para os grupos de características combinados par-a-par para as bases de dados MIT e PTB.

As execuções que utilizaram o classificador DIST obtiveram bons resultados para ambas as bases de dados. Apesar do classificador DIST ser extremamente simples e não

Tabela 8 – Melhores resultados obtidos por grupo de características

Classificador	Banco de Dados	Taxa de Acerto	Grupo	Parâmetro	Std
KNN	MIT	92,0833	WT-coif4	20	3,7268
		90,8333	WT-bior3,1	20	3,1595
		90,4167	WT-db1	20	2,3754
		90,4167	WT-sym1	20	2,3754
		90,4167	WT-haar	20	2,3754
	PTB	74,8966	WT-bior3.1	160	3,741
		72,2759	WT-bior3.9	20	3,7426
		72,2069	WT-coif2	20	5,3398
		72,2069	WT-coif2	160	5,3398
		71,7931	WT-coif3	20	2,795
DIST	MIT	87,9167	WT-coif4		3,7268
		86,25	WT-db4		4,7962
		85,4167	WT-db2		5,1031
		85,4167	WT-sym2		5,1031
		85,4167	WT-coif1		4,1667
	PTB	73,5172	WT-bior3.1		4,6864
		73,3103	WT-bior3.9		4,598
		70,5517	WT-coif2		4,8251
		70,069	WT-coif3		4,7743
		69,3103	WT-db4		8,1089
SVM	MIT	86,25	MFCC	16	1,1411
		85,4167	WT-coif2	16	2,9463
		85,4167	WT-coif4	16	4,6585
		85,4167	WT-db3	2	7,7951
		85,4167	WT-sym3	2	7,7951
	PTB	41,931	WT-db4	16	3,5636
		41,931	WT-bior3.1	16	1,4548
		40,9655	WT-bior3.9	16	2,7196
		40,2759	WT-coif3	16	2,6419
		37,4483	WT-coif2	16	0,99344
OPF	MIT	92,5	WT-db1		1,1411
		92,5	WT-sym1		1,1411
		92,5	WT-haar		1,1411
		92,5	WT-bior1.1		1,1411
		90,4167	WT-db4		2,3754
	PTB	80,1379	WT-bior3,9		3,3129
		80,069	WT-bior3,1		4,5577
		77,0345	WT-coif1		6,3283
		74,8276	WT-db4		8,6996
		74,4828	WT-coif3		5,2409

possuir nenhum processo de treinamento embutido, este alcançou uma taxa de acerto superior à 90% nas melhores execuções para ambas as bases de dados. O melhor resultado para a base de dados MIT combinou o grupo AD com WT-coif4. Neste caso, foi obtido uma taxa de acerto igual a 94,58%. Para a base de dados PTB o melhor resultado foi obtido usando uma combinação do grupo AD com WT-bior3.1. Neste caso, foi alcançado uma taxa de acerto igual a 90,82%. É importante observar que os melhores resultados em ambas as bases de dados foram alcançados combinando-se características fiduciais e não fiduciais, gerando um conjunto híbrido de características para a classificação do sinal de ECG.

Tabela 9 – *Melhores resultados obtidos com o grupo de características combinados par-a-par usando o classificador DIST*

Taxa de Acerto	Grupo	Std	Banco
94,5833	AD - WT-coif4	1,8634	MIT
94,5833	MFCC - WT-coif4	3,7846	MIT
93,75	AN - WT-coif4	4,1667	MIT
93,75	AREA - WT-coif4	2,0833	MIT
93,3333	MFCC - WT-db1	2,7163	MIT
93,3333	MFCC - WT-sym1	2,7163	MIT
93,3333	MFCC - WT-haar	2,7163	MIT
93,3333	MFCC - WT-bior1.1	2,7163	MIT
92,9167	MFCC - WT-coif1	5,0173	MIT
92,9167	MFCC - WT-bior2.2	2,3754	MIT
90,8276	AD - WT-bior3.1	1,6645	PTB
90	AD - WT-db2	0,42233	PTB
90	AD - WT-sym2	0,42233	PTB
90	AD - WT-coif3	1,5613	PTB
89,931	AD - WT-bior3.9	2,4794	PTB
89,8621	AREA - WT-coif2	2,0342	PTB
89,6552	AD - WT-coif2	1,3576	PTB
89,6552	AD - WT-bior2.2	1,0053	PTB
89,6552	AREA - WT-bior3.9	1,6357	PTB
89,5862	AREA - WT-bior3.1	1,7481	PTB

A Tabela 10 apresenta os 10 melhores resultados para o classificador KNN. Neste caso, foram obtidos bons resultados para ambas as bases de dados, mas para valores distintos do parâmetro k . O classificador KNN alcançou em todas as execuções os melhores resultados para a base de dados MIT usando o grupo MFCC com WT-coif2, ambas as características são não fiduciais. Neste caso, foi obtida uma taxa de acerto igual a 96,67%.

Para a base de dados PTB, o melhor resultado foi alcançado combinando-se o grupo AD com WT-bior3.9, o qual produziu uma taxa de acerto igual a 88,62%.

Tabela 10 – Melhores resultados obtidos com o grupo de características combinados par-a-par usando o classificador KNN

Taxa de Acerto	Grupo	Parâmetro k	std	Banco
96,6667	MFCC - WT-coif2	20	2,3754	MIT
96,6667	MFCC - WT-bior2.2	20	2,3754	MIT
96,6667	MFCC - WT-bior3.1	20	2,3754	MIT
96,6667	MFCC - WT-coif2	40	2,3754	MIT
96,6667	MFCC - WT-bior2.2	40	2,3754	MIT
96,6667	MFCC - WT-bior3.1	40	2,3754	MIT
96,6667	MFCC - WT-coif2	60	2,3754	MIT
96,6667	MFCC - WT-bior2.2	60	2,3754	MIT
96,6667	MFCC - WT-bior3.1	60	2,3754	MIT
96,6667	MFCC - WT-coif2	80	2,3754	MIT
88,6207	AD - WT-bior3.9	20	2,2873	PTB
88,6207	AD - WT-bior3.9	40	2,2873	PTB
88,6207	AD - WT-bior3.9	80	2,2873	PTB
88,6207	AD - WT-bior3.9	160	2,2873	PTB
88,2759	AREA - WT-coif2	20	1,5802	PTB
88,2759	AREA - WT-coif2	40	1,5802	PTB
88,2759	AREA - WT-coif2	80	1,5802	PTB
88,2759	AREA - WT-coif2	160	1,5802	PTB
88,069	AD - WT-bior3.1	20	1,9137	PTB
88,069	AD - WT-bior3.1	40	1,9137	PTB

Os melhores resultados obtidos para classificador OPF são apresentados na Tabela 11. Este obteve para ambas as bases de dados uma taxa de acerto em torno de 90%. Para a base de dados PTB, o melhor resultado foi alcançado combinando o grupo AD e WT-bior3.1. Neste caso, foi obtida uma taxa de acerto igual a 92,96% usando uma combinação de características fiduciais e não fiduciais. Para a base de dados MIT, o melhor resultado foi alcançado combinando o grupo MFCC com WT-bior3.9. Neste caso, foi obtido uma taxa de acerto igual a 95,8333%. Esta combinação é muito semelhante à obtida pelo classificador KNN para o melhor resultado, com exceção da função mãe utilizada na WT.

Na tabela 12 são apresentados os 10 melhores resultados obtidos para o classificador SVM. Este alcançou bons resultados para ambas as bases de dados, com taxa de acerto superior a 88%. Para a base de dados MIT, o melhor resultado foi alcançado usando a combinação do grupo MFCC e WT-db3, ambas as características são não fiduciais. Neste caso, foi alcançado uma taxa de acerto igual 94,58%. Para a base de dados PTB, o melhor

Tabela 11 – Melhores resultados obtidos com o grupo de características combinados par-a-par usando o classificador OPF

Taxa de Acerto	Grupo	Desvio	Banco
95,8333	MFCC - WT-bior3.9	3,8976	MIT
95,4167	AREA - WT-db4	1,743	MIT
95,4167	MFCC - WT-db4	2,2822	MIT
95,0000	AD - WT-bior3.9	3,1595	MIT
95,0000	AREA - WT-bior3.9	3,7846	MIT
94,5833	AD - WT-coif2	2,3754	MIT
94,5833	AN - WT-bior3.9	3,1595	MIT
94,5833	AREA - TD	2,3754	MIT
94,5833	PAT - WT-sym4	1,8634	MIT
94,5833	WT-db4 - WT-sym4	2,3754	MIT
92,9655	AD - WT-bior3.1	1,304	PTB
92,6897	AREA - WT-bior3.9	1,4301	PTB
92,2759	AD - WT-coif2	2,134	PTB
92,1379	AREA - WT-bior3.1	1,2528	PTB
92,0000	AD - WT-bior3.9	1,3663	PTB
92,0000	TD - MFCC	2,5386	PTB
91,7931	AD - WT-bior2.2	1,128	PTB
91,7241	AREA - WT-coif2	2,0254	PTB
91,7241	MFCC - WT-bior3.1	1,6537	PTB
91,3793	PAT - WT-bior3.1	1,2191	PTB

resultado foi obtido usando a combinação do grupo AD com WT-bior3.1, o qual produziu uma taxa de acerto igual a 88,48%.

O Experimento 2 demonstrou que a utilização de mais de um grupo de características pode produzir um resultado muito superior quando comparado com um único grupo de características. O melhor resultado para a base de dados PTB foi obtido com o classificador OPF, usando os grupos AD e WT-bior3.1. Neste caso, foi alcançado uma taxa de acerto igual a 92,96%. Estes dois conjuntos agrupados geraram um vetor com 52 características distintas (veja Tabela 3). Para a base de dados MIT, o melhor resultado foi obtido com o classificador KNN usando os grupos MFCC e WT-coif2. Neste caso, o vetor de características tinha tamanho igual a 54 e foi alcançando uma taxa de acerto de 96,67%.

6.4 Experimento # 3 - Busca Gulosa

Nesta seção são apresentados os resultados obtidos com a busca gulosa utilizando a técnica de seleção *Backward* para as bases de dados PTB e MIT. Neste experimento, cada

Tabela 12 – Melhores resultados obtidos com o grupo de características combinados par-a-par usando o classificador SVM

Taxa de Acerto	Grupo	Parâmetro σ	Desvio	Banco
94,5833	MFCC - WT-db3	16	2,7951	MIT
94,5833	MFCC - WT-db4	16	2,3754	MIT
94,5833	MFCC - WT-sym3	16	2,7951	MIT
94,5833	MFCC - WT-db3	32	2,7951	MIT
94,5833	MFCC - WT-db4	32	2,3754	MIT
94,5833	MFCC - WT-sym3	32	2,7951	MIT
94,5833	MFCC - WT-db3	64	2,7951	MIT
94,5833	MFCC - WT-db4	64	2,3754	MIT
94,5833	MFCC - WT-sym3	64	2,7951	MIT
94,5833	MFCC - WT-db3	128	2,7951	MIT
88,4828	AD - WT-bior3.1	16	2,2691	PTB
88,4828	AD - WT-bior3.1	32	2,2691	PTB
88,4828	AD - WT-bior3.1	64	2,2691	PTB
88,4828	AD - WT-bior3.1	128	2,2691	PTB
88,4828	AD - WT-bior3.1	2	2,2691	PTB
88,4828	AD - WT-bior3.1	4	2,2691	PTB
88,4828	AD - WT-bior3.1	8	2,2691	PTB
88,069	AD - WT-bior3.9	16	2,4212	PTB
88,069	AD - WT-bior3.9	32	2,4212	PTB
88,069	AD - WT-bior3.9	64	2,4212	PTB

base de dados foi dividida em três conjuntos: um conjunto de treinamento composto por 50% dos dados, conjunto de validação composto por 20% dos dados e um conjunto de teste composto por 30% dos dados. Neste experimento foram realizadas $n * (n + 1)/2$ simulações, onde $n = 756$ (tamanho do vetor de características), totalizando 286146 simulações para cada base de dados. O classificador utilizado neste experimento foi o classificador OPF. Dentre os classificadores encontrados na revisão bibliográfica realizada neste trabalho, o classificador OPF foi aquele que apresentou desempenho superior ao classificador DIST e KNN e baixa complexidade computacional quando comparada ao classificador SVM. Portanto, este foi escolhido como classificador a ser utilizado em conjunto com a técnica de seleção *Backward*.

Neste experimento as características selecionadas foram aquelas que produziram o menor erro de classificação usando a menor quantidade de características distintas. As Figuras 25 e 26 apresentam a evolução do erro quadrático médio (EQM) e do erro de classificação (EC) respectivamente usando a técnica de seleção *Backward* para a base de dados MIT.

Figura 25 – Evlução do erro quadrático médio usando a seleção Backward para a base de dados MIT.

1

Figura 26 – Evlução do erro de classificação usando a seleção Backward para a base de dados MIT.

Como pode-se observar nas Figuras 25 e 26, o EC atingiu rapidamente o valor igual a 0. O EC permaneceu neste valor durante várias iterações e sofreu um aumento a partir da iteração 748. Isto demonstra que há vários subconjuntos de características capaz de produzir alto desempenho, baixo EC.

Na Tabela 13 são apresentadas as características que produziram o menor EC utilizando o conjunto de treinamento e validação. À medida que as características foram removidas pelo processo de seleção *Backward* o EC e o EQM foram armazenados. A coluna SEQ apresenta a ultima iteração, na qual a característica foi utilizada no processo de seleção; a coluna ID apresenta a posição da característica no vetor de características, o EC e EQM corresponde ao valor alcançado até o momento em que a característica foi utilizada.

Tabela 13 – Características selecionadas pela seleção *Backward* para a base MIT

SEQ	ID	EQM	EC	Grupo	Característica
748	747	0,0000	0,0000	WT-bior3.9	Potência Média CA4
749	727	1,0000	0,0208	WT-bior3.9	Média CA4
750	751	1,4142	0,0417	WT-bior3.9	Média Abs CD4
751	749	1,4142	0,0417	WT-bior3.9	Média Abs CD2
752	739	2,0000	0,0833	WT-bior3.9	Mínimo CD2
753	741	2,8284	0,2292	WT-bior3.9	Mínimo CD4
754	737	3,4641	0,5000	WT-bior3.9	Máximo CA4
755	752	4,2426	0,8542	WT-bior3.9	Média Abs CA4

Todas as 8 características selecionadas neste conjunto pertencem ao grupo das WT com função mãe *bior3.9*. Este conjunto de características produziu um EC igual a 0 na iteração 748. A partir desta iteração, quando uma característica é removida, o valor de EC aumenta sucessivamente juntamente com o EQM. Embora as características tenham produzido um EC igual a 0 no conjunto de validação, isto é, todos os indivíduos no conjunto de validação foram classificados corretamente, ao utilizar o conjunto de teste foi obtido um EC igual a 0,4791. Neste caso, apenas 52,0833% dos indivíduos presentes no conjunto de teste foram classificados corretamente.

As Figuras 27 e 28 apresentam a evolução do EQM e o EC respectivamente usando a técnica de seleção *Backward* para a base de dados PTB.

Ao utilizar a base de dados PTB pode-se observar que foi necessário um grande de iterações para alcançar o menor EC, o qual ocorreu após a remoção de 740 características pela seleção *Backward*.

Figura 27 – Evolução do erro quadrático médio usando seleção Backward para a base de dados PTB.

Figura 28 – Evolução do erro de classificação usando seleção Backward para a base de dados PTB.

Na Tabela 14 são apresentadas as características que produziram o menor EC utilizando o conjunto de treinamento e validação para a base de dados PTB. À medida que as características foram removidas pelo processo de seleção *Backward* o EC e o EQM foram armazenados.

Tabela 14 – Características selecionadas pela seleção *Backward* para a base de PTB

SEQ	ID	EQM	EC	Grupo	Característica
742	740	2,6458	0,0656	WT-bior3.9	Mínimo CD3
743	637	2,6458	0,0783	WT-bior1.1	Mínimo CD2
744	115	3,0000	0,0965	AC	Diferença entre limites
745	351	3,1623	0,0801	WT-sym2	Média CD3
746	452	3,6056	0,1075	WT-coif1	Média CD2
747	140	3,3166	0,1038	PAT	PAT COEFF #6
748	735	4,1231	0,1293	WT-bior3.9	Máximo CD3
749	725	5,7446	0,2769	WT-bior3.9	Média CD3
750	419	6,6332	0,3661	WT-sym4	Média CD3
751	703	4,1231	0,1403	WT-bior3.1	Máximo CA4
752	750	4,7958	0,1913	WT-bior3.9	Média Abs CD3
753	5	5,7446	0,2933	AD	$T_t(i) - R_t(i)$
754	2	7,0000	0,4718	AD	$S_t(i) - R_t(i)$
755	21	8,1854	0,7213	AN	Ângulo dos seguimentos $\widehat{QRS}$

As 13 características descritas na tabela 14 produziram o menor EC ao longo de todas as iterações para a base de dados PTB. Neste caso, foi alcançado um EC igual a 0,0656, isto é, uma taxa de acerto igual a 99,9344% para o conjunto de validação. Ao utilizar o conjunto de teste com base nas características selecionadas, foi alcançado um EC de 0,2003 (taxa de acerto igual a 79,9635%).

Para ambas as base de dados (MIT e PTB), a técnica de seleção *Backward* selecionou predominantemente as características dos grupos WT, variando entre as funções mãe bior1.1, bior3.1, bior3.9, coif1, sym2 e sym4. No entanto, ao utilizar a base de dados PTB, as ultimas características a serem removidas pela seleção *Backward* foram as características fiduciais: $T_t(i) - R_t(i)$, $S_t(i) - R_t(i)$ e Ângulo dos seguimentos $\widehat{QRS}$. Isto reforça o fato de que a combinação de características fiduciais e não fiduciais produzem resultados melhores quando combinadas, conforme mencionado anteriormente no experimento #2. Na próxima, será descrito as técnicas de seleção de características propostas neste trabalho, que visam obter um subconjunto ótimo de características e uma alta taxa de acerto.

6.5 Experimento # 4 - Seleção de Características

Nesta seção são apresentados os resultados obtidos pelo processo de seleção de características utilizando as estratégias evolutivas GA, MA e PSO, para as bases de dados PTB e MIT. O processo de seleção utilizou todas as 756 características extraídas neste trabalho e descritas no capítulo 3. Para critério de avaliação geral, as características selecionadas foram avaliadas em grupos de acordo com a Tabela 3, e a frequência de cada grupo utilizada na avaliação foi obtida verificando se a característica daquele grupo estava presente ou não na população.

Para todas as estratégias de seleção, 70% da base de dados foi utilizada para treinamento e seleção das características e 30% utilizado como conjunto de teste. O parâmetro p utilizado na função *fitness* do GA, MA e PSO foi definido igual a 8. O parâmetro Φ_{pop} que define a população do GA e MA foi definido igual a 500. Os parâmetros Φ_{cross} e P_m que definem a taxa de *crossover* e mutação foram definidos igual a 0.95 e 0.05, respectivamente. O parâmetro P_{enx} que determina o tamanho do enxame de partículas do PSO foi definido igual a 250. O critério de parada do GA, MA e PSO foi definido igual a 500 gerações/iterações. O parâmetro de punição P_p utilizado no cálculo da função *fitness* de todas as estratégias foi definido igual a 30, isto é, a quantidade de características selecionadas pela estratégia evolutiva.

Nas tabelas 15 e 16 são destacadas as 5 características mais frequentes encontradas na população por classificador em todas as execuções envolvendo o GA, MA e OPF. Analisando a distribuição das características por grupo descrita nas Tabelas 15 e 16, pode-se observar que os experimentos que utilizaram o MA e OPF conseguiram encontrar um subconjunto menor de características quando comparado ao GA. Quando avaliamos as 5 características mais frequentes na execuções envolvendo o GA, pode-se observar que pelo fato do GA não ter conseguido selecionar subconjunto pequeno de características, muitas destas aparecem em 100% das execuções para todos os classificadores envolvidos.

Com relação às bases de dados, é possível mencionar que as estratégias de seleção que utilizaram a base de dados PTB conseguiram obter uma melhor separação das características quando comparada com a base de dados MIT. Isto ocorre por que a base de dados PTB possui um conjunto muito maior de indivíduos que dificulta o processo de classificação, ao passo que exige um subconjunto de características com maior poder

discriminatório, visto que a adição de características irrelevantes impacta diretamente na taxa de acerto do classificador.

Analisando as Figuras 29, 30 e 31, pode-se observar que as simulações que utilizaram PSO como estratégia evolutiva, independentemente do classificador, apresentaram uma melhor seleção das características ao longo da população, excluindo características pouco utilizadas e mantendo as características mais importantes. Ao contrário do que ocorreu nas simulações envolvendo o GA como estratégia evolutiva, neste caso, mais de 92% de todos os grupos de características estiverem presentes na população, com uma frequência maior que 50%. As simulações que utilizaram o MA destacaram apenas o grupo AN para todos os classificadores utilizados. Alguns grupos como EMD foram excluídos do vetor de características de toda a população.

Pode-se verificar também que os grupos AN, AREA, LPC, WT-db2, WT-coif4 e WT-bior3.9 estiverem presente em mais que 50% dos indivíduos da população do MA com OPF, ao passo que os grupos de características EMD e DEC foram pouco selecionadas independentemente do classificador utilizado. Podemos destacar que o grupo AN obteve pelo menos uma característica presente nas simulações envolvendo MA para todos os classificadores. Para as simulações utilizando GA, não houve uma boa seleção dos grupos de características. O grupo de características DEC foi menos selecionado pela população do GA e MA e quase que completamente excluído quando é utilizado o classificador OPF.

Figura 29 – Frequência dos grupos de características selecionados pelo GA para a base de dados PTB

Tabela 15 – Frequência dos grupos de características selecionados para base de dados PTB

Grupo	MA				GA				PSO			
	SVM	OPF	KNN	DIST	SVM	OPF	KNN	DIST	SVM	OPF	KNN	DIST
AD	0,31	0,33	0,32	0,62	1,00	1,00	0,84	0,98	0,81	0,81	0,83	0,60
AN	0,69	0,87	0,81	0,92	0,77	0,88	0,95	1,00	0,81	0,00	1,00	0,67
AREA	0,54	0,38	0,24	0,36	0,81	0,88	0,82	0,88	0,84	0,75	0,31	0,79
DEC	0,08	0,01	0,08	0,10	0,73	0,23	0,52	0,57	0,00	0,00	0,03	0,00
TD	0,12	0,28	0,27	0,24	0,85	0,65	0,74	0,45	0,65	0,00	0,05	0,56
DCT	0,23	0,12	0,09	0,12	1,00	0,85	0,63	0,71	0,00	0,00	0,19	0,04
FD	0,46	0,15	0,17	0,40	1,00	0,96	0,68	0,79	0,00	0,00	0,85	0,76
FFT	0,15	0,12	0,15	0,42	0,69	0,96	0,75	0,63	0,00	0,02	0,35	0,70
HP	0,35	0,15	0,11	0,20	0,81	0,96	0,82	0,67	0,00	0,00	0,09	0,00
AC	0,12	0,14	0,09	0,16	0,77	0,85	0,44	0,72	0,00	0,00	0,38	0,00
AR	0,12	0,09	0,05	0,10	0,88	0,73	0,56	0,55	0,00	0,00	0,13	0,00
EMD	0,04	0,03	0,01	0,24	0,77	0,69	0,38	0,77	0,00	0,00	0,00	0,00
LPC	0,12	0,23	0,44	0,52	0,85	1,00	0,49	0,82	0,78	0,85	0,90	0,82
PAT	0,35	0,27	0,15	0,24	0,88	1,00	0,73	0,60	0,79	0,86	0,91	0,71
PLR	0,23	0,10	0,12	0,18	0,77	0,65	0,73	0,59	0,00	0,00	0,04	0,00
MFCC	0,31	0,19	0,19	0,28	0,92	0,96	0,73	0,84	0,00	0,20	0,39	0,00
WT-db1	0,27	0,13	0,13	0,28	0,88	0,96	0,79	0,75	0,00	0,02	0,55	0,00
WT-db2	0,54	0,09	0,13	0,24	0,96	1,00	0,74	0,68	0,76	0,00	0,53	0,00
WT-db3	0,35	0,16	0,10	0,24	1,00	0,85	0,74	0,70	0,00	0,01	0,13	0,00
WT-db4	0,31	0,12	0,13	0,22	0,88	1,00	0,77	0,72	0,00	0,45	0,56	0,77
WT-sym1	0,35	0,21	0,15	0,30	0,92	1,00	0,86	0,68	0,00	0,80	0,33	0,70
WT-sym2	0,23	0,10	0,11	0,24	0,92	1,00	0,76	0,75	0,00	0,68	0,35	0,00
WT-sym3	0,42	0,13	0,17	0,22	0,92	0,92	0,67	0,77	0,78	0,78	0,78	0,34
WT-sym4	0,27	0,13	0,13	0,40	0,92	0,77	0,71	0,76	0,00	0,00	0,82	0,00
WT-coif1	0,27	0,14	0,18	0,28	0,85	0,96	0,62	0,87	0,04	0,02	0,56	0,00
WT-coif2	0,27	0,16	0,15	0,30	0,85	1,00	0,74	0,63	0,00	0,38	0,39	0,10
WT-coif3	0,23	0,18	0,16	0,28	0,77	0,96	0,84	0,80	0,77	0,79	0,68	0,20
WT-coif4	0,58	0,19	0,13	0,20	0,92	0,92	0,76	0,73	0,00	0,80	0,82	0,63
WT-haar	0,42	0,11	0,11	0,34	1,00	1,00	0,66	0,90	0,00	0,00	0,25	0,43
WT-bior1.1	0,31	0,17	0,14	0,20	0,85	0,92	0,78	0,77	0,00	0,72	0,49	0,00
WT-bior2.2	0,31	0,33	0,26	0,32	1,00	1,00	0,76	0,74	0,84	0,15	0,22	0,70
WT-bior3.1	0,35	0,15	0,12	0,30	1,00	0,92	0,66	0,82	0,76	0,00	0,65	0,60
WT-bior3.9	0,62	0,13	0,18	0,36	0,96	1,00	0,90	0,75	0,75	0,00	0,22	0,71

Figura 30 – Frequência dos grupos de características selecionados pelo MA para a base de dados PTB

Figura 31 – Frequência dos grupos de características selecionados pelo PSO para a base de dados PTB

Os grupos de características fiduciais AD e AN foram os que mais estiverem presentes ao longo de todos os experimentos, independentemente do classificador utilizado, da estratégia de seleção de características ou mesmo da base de dados utilizado. Este é um forte indicativo de que tais grupos de características são bons para a identificação de indivíduos utilizando o sinal de ECG. No entanto, outros grupos de características como EMD, AR, PLR, HP, DCT e DEC, foram totalmente excluídas ou pouco selecionadas utilizando MA e PSO. No GA estas foram selecionadas, mas como mencionado anteriormente, o GA não realizou uma boa seleção de características. Alguns grupos de características apresentaram um comportamento interessante no processo de seleção de características, pois foram selecionadas para um tipo de classificador e excluídas para outro. Como por exemplo, o grupo de características WT-bior3.9 que foi selecionado em mais de 60% utilizando o classificador SVM com PSO e MA, porém foi excluído quando o classificador utilizado era o OPF.

Tabela 16 – Frequência dos grupos de características selecionados para a base de dados MIT

Grupo	GA				MA				PSO			
	SVM	OPF	KNN	DIST	SVM	OPF	KNN	DIST	SVM	OPF	KNN	DIST
AD	0,57	0,61	0,94	0,91	0,21	0,28	0,49	0,54	0,81	0,60	0,89	0,77
AN	0,52	0,64	0,59	0,89	0,42	0,59	0,38	0,71	0,81	0,84	0,98	0,74
AREA	0,54	0,66	0,79	0,80	0,15	0,21	0,33	0,32	0,84	0,42	0,14	0,00
DEC	0,52	0,56	0,37	0,80	0,05	0,06	0,10	0,11	0,00	0,50	0,43	0,00
TD	0,62	0,41	0,54	0,42	0,09	0,09	0,09	0,12	0,65	0,29	0,28	0,05
DCT	0,55	0,42	0,80	0,44	0,07	0,12	0,09	0,12	0,00	0,16	0,14	0,00
FD	0,56	0,49	0,49	0,65	0,14	0,20	0,12	0,26	0,00	0,29	0,43	0,02
FFT	0,58	0,36	0,63	0,46	0,10	0,10	0,06	0,09	0,00	0,03	0,27	0,00
HP	0,57	0,46	0,81	0,28	0,03	0,04	0,07	0,09	0,00	0,02	0,03	0,00
AC	0,55	0,39	0,52	0,27	0,10	0,09	0,09	0,02	0,00	0,18	0,21	0,00
AR	0,57	0,42	0,35	0,51	0,05	0,04	0,06	0,06	0,00	0,21	0,10	0,00
EMD	0,55	0,38	0,76	0,89	0,04	0,05	0,01	0,06	0,00	0,04	0,59	0,00
LPC	0,48	0,25	0,75	0,28	0,12	0,05	0,06	0,10	0,78	0,56	0,16	0,00
PAT	0,59	0,57	0,72	0,52	0,11	0,13	0,15	0,09	0,79	0,23	0,46	0,00
PLR	0,54	0,39	0,59	0,62	0,06	0,07	0,09	0,08	0,00	0,07	0,07	0,00
MFCC	0,58	0,55	0,68	0,67	0,30	0,19	0,21	0,39	0,00	0,80	0,41	0,82
WT-db1	0,56	0,47	0,67	0,49	0,14	0,14	0,09	0,17	0,00	0,40	0,10	0,00
WT-db2	0,62	0,60	0,82	0,65	0,09	0,13	0,09	0,13	0,76	0,26	0,22	0,90
WT-db3	0,60	0,43	0,85	0,50	0,07	0,08	0,07	0,13	0,00	0,05	0,31	0,00
WT-db4	0,56	0,48	0,66	0,59	0,08	0,08	0,09	0,12	0,00	0,28	0,33	0,00
WT-sym1	0,58	0,47	0,85	0,54	0,11	0,08	0,11	0,15	0,00	0,20	0,15	0,00
WT-sym2	0,57	0,68	0,63	0,67	0,10	0,24	0,15	0,11	0,00	0,24	0,48	0,71
WT-sym3	0,59	0,48	0,74	0,57	0,09	0,10	0,09	0,13	0,78	0,22	0,23	0,00
WT-sym4	0,63	0,49	0,67	0,63	0,08	0,17	0,11	0,10	0,00	0,21	0,31	0,00
WT-coif1	0,58	0,55	0,54	0,59	0,12	0,10	0,08	0,13	0,04	0,14	0,29	0,00
WT-coif2	0,61	0,47	0,72	0,57	0,11	0,23	0,09	0,09	0,00	0,25	0,14	0,84
WT-coif3	0,58	0,56	0,84	0,55	0,09	0,09	0,11	0,18	0,77	0,23	0,42	0,00
WT-coif4	0,61	0,67	0,62	0,59	0,11	0,17	0,13	0,23	0,00	0,45	0,44	0,84
WT-haar	0,60	0,44	0,61	0,63	0,13	0,09	0,15	0,12	0,00	0,14	0,11	0,00
WT-bior1.1	0,56	0,44	0,75	0,61	0,08	0,11	0,13	0,15	0,00	0,13	0,21	0,75
WT-bior2.2	0,63	0,49	0,70	0,51	0,10	0,09	0,11	0,10	0,84	0,21	0,33	0,00
WT-bior3.1	0,57	0,48	0,48	0,72	0,15	0,11	0,12	0,12	0,76	0,28	0,43	0,76
WT-bior3.9	0,60	0,56	0,68	0,66	0,09	0,11	0,09	0,16	0,75	0,12	0,57	0,00

Figura 32 – Frequência dos grupos de características selecionados pelo GA para a base de dados MIT

Figura 33 – Frequência dos grupos de características selecionados pelo MA para a base de dados MIT

Figura 34 – Frequência dos grupos de características selecionados pelo PSO para a base de dados MIT

Na tabela 17 pode-se verificar a taxa de acerto no conjunto de treinamento, o *fitness* do GA, MA e PSO, a taxa de acerto no conjunto teste, o desvio padrão e a quantidade de características utilizadas para obter as taxas de acerto, baseado na população final obtida com o GA, MA e PSO. O melhor resultado para a base de dados PTB combinou MA com o classificador OPF. Esta simulação conseguiu alcançar a maior taxa de acerto no conjunto de teste (97,9312%), ao passo que utilizou a menor quantidade de características para avaliação do conjunto de teste. O melhor resultado utilizando a base de dados MIT

combinou MA com o classificador SVM alcançando uma taxa de acerto de 100%, outras simulações também alcançaram 100% de taxa de acerto, no entanto esta última foi a que utilizou a menor quantidade de características. Outro resultado interessante combinou PSO com o classificador SVM alcançando uma taxa de acerto de 97,2414% com apenas 13 características, sendo a simulação que possui proporcionalmente a melhor taxa de acerto em relação a quantidade de características utilizadas.

Todas as simulações envolvendo GA também alcançaram taxas de acerto altas no conjunto de teste, apesar de utilizar um conjunto de características muito grande.

Tabela 17 – Taxa de acerto de cada simulação envolvendo GA, MA e PSO

Banco de Dados	Classificador	Estratégia Evolutiva	Trein.	Std	Fitness	Teste	# Carac. Trein.	# Carac. Teste
PTB	DIST	MA	96,0000	1,6609	92,8180	95,6517	62	76
		GA	96,3440	1,0795	85,1953	96,8966	283	286
		PSO	96,1379	0,7863	95,4207	96,2069	18	15
	KNN	MA	96,3440	1,2191	94,0820	96,8966	31	42
		GA	97,1034	0,8992	85,7047	97,5862	275	290
		PSO	98,4828	0,9934	96,9252	97,9312	34	46
	OPF	MA	97,1034	1,6357	94,1808	97,9312	31	33
		GA	96,9655	0,5114	84,7229	96,5517	309	327
		PSO	97,3793	0,8992	96,8057	96,5517	14	14
	SVM	MA	97,0345	3,1941	93,7429	96,2517	65	77
		GA	94,0000	2,1890	81,3489	93,1034	379	347
		PSO	97,2414	0,7710	96,5541	97,2414	16	13
MIT	DIST	MA	95,8333	3,2940	93,3497	100,0000	66	47
		GA	95,8333	2,9463	85,3384	95,8330	203	134
		PSO	99,1667	1,1411	98,5436	95,8333	15	9
	KNN	MA	99,1667	1,1411	86,1591	100,0000	51	11
		GA	98,7500	1,1411	89,6376	100,0000	234	233
		PSO	100,0000	0,0000	97,8010	100,0000	55	42
	OPF	MA	99,1667	2,2822	96,7632	97,9167	30	44
		GA	99,1667	1,1411	89,5485	97,9167	245	245
		PSO	99,5833	1,8634	98,3879	100,0000	20	35
	SVM	MA	97,9167	3,0344	96,3590	100,0000	18	28
		GA	93,7500	1,6230	73,3125	97,9167	379	369
		PSO	99,5833	0,9316	98,0192	100,0000	39	56

A Tabela 18 apresenta todas as características selecionadas, a frequência individual de cada característica para o melhor resultado alcançado utilizando a base de dados MIT, com MA como estratégia de seleção de características e o KNN como classificador. Esta simulação apresentou 7 grupos distintos de características, sendo que a maioria é composta por WT com diferentes funções mãe. Das características fiduciais, apenas duas estão relacionadas a medidas extraídas do complexo QRS. A técnica PAT também esteve presente com um dos coeficientes.

De forma a analisar o impacto da utilização de um limiar de semelhança sobre o desempenho final do sistema biométrico, foi calculado as taxas de falsa aceitação e falsa rejeição. De forma a calcular a semelhança de um dado de teste para a classe predita pelo classificador foi utilizado a Equação 49, onde $P(X, C_p)$ é a distância euclidiana entre o

Tabela 18 – Melhores resultados obtidos com o MA usando o classificador KNN para a base de dados MIT

Grupo	Característica	Frequência
AD	$P_{amp}(i) - S_{amp}(i)$	0,1
AD	$R_{amp}(i) - T_{amp}(i)$	0,12
TD	Maior Valor	0,06
PAT	Coeficiente #8	0,09
WT-db1	Desvio Padrão CD1	0,03
WT-db1	Máximo CA4	0,07
WT-db1	Mínimo CD1	0,04
WT-coif2	Média CA4	0,06
WT-coif2	Média de Todos os coeficientes	0,03
WT-haar	Média valores Abs CD3	0,1
WT-bior3.9	Média CD3	0,07

dado de teste X e o dado de treinamento da classe C mais próximo (C_p) e $D(X, C_d)$ é a distância euclidiana entre o dado de teste X e o dado da de treinamento da classe C mais distante (C_d).

$$Sem(X, C) = \frac{P(X, C_p)}{D(X, C_d)} \quad (49)$$

Na Figura 35 é apresentado o comportamento que essas taxas apresentaram para conjunto de teste. Pode-se verificar que o ponto de encontro dessas curvas se dá quando o limiar de semelhança apresenta valor igual a 0,561. Nesse ponto temos que uma taxa de acerto igual a 60,42%, ou seja, temos uma queda de desempenho em relação ao uso da saída predita pelo classificador de quase 40%. Isso acontece, pois o classificador busca localizar a classe do dado sem levar em consideração a sua semelhança. Quando temos que verificar a chance daquele dado pertencer a classe de saída predita pelo classificador, pode-se incorrer no risco de não obter uma semelhança alta o suficiente para confirmar, ou rejeitar, o resultado retornado pelo classificador causando uma degradação no desempenho.

Figura 35 – Taxa de Falsa Aceitação e Falsa Rejeição obtida usando Algoritmo Memético com classificador K-NN para a Base de Dados MIT.

A Tabela 19 apresenta todas as características selecionadas, assim como a frequência individual de cada característica para o melhor resultado usando a base de dados PTB, tendo MA como estratégia de seleção de características e OPF como classificador. Esta simulação apresentou 20 grupos distintos de características, sendo que sua maior parte, semelhante aos resultados mencionados anteriormente, obtida pela WT variando sua respectiva função mãe. Apenas 3 características fiduciais foram selecionadas. A primeira foi o Ângulo dos seguimentos $\widehat{QRS}$ e a segunda e terceira foram obtidas pela técnica TD, que inclusive foram características que se destacaram no experimento #1 que avaliou as características individuais. A técnica PAT também esteve presente com um dos coeficientes, assim como LPC e MFCC. Duas características de FD foram extraídas, Katz Mod e DBC.

Com base nas características selecionadas, foi investigado o impacto do limiar de semelhança sobre o desempenho final do sistema biométrico usando a base de dados PTB. O cálculo do limiar semelhança foi realizado usando a Equação 49. A Figura 36 apresenta o comportamento das curvas de FAR e FRR ao variar o limiar de semelhança. Para o limiar de semelhança igual a 0,888, ocorre o cruzamento das curvas FAR e FRR. Este valor indica que a saída do classificador será aceita se para o dado de teste o limiar de semelhança for superior ou igual a 0,888. Observe que este limiar é superior ao obtido usando a base de dados MIT.

Ao adotarmos este limiar de semelhança como critério aceitação ou rejeição da classe predita pelo classificador foi obtida uma taxa de classificação correta igual a 33%. Observe que, se este limiar não for adotado temos uma taxa de classificação correta igual 97,32%. Isto demonstrar que o classificador OPF conseguiu gerar um modelo capaz de capturar as não linearidades envolvidas na tarefa de classificação. Essa variação pode ser descrita justificada principalmente pelo fato de que a semelhança é calculada no espaço de entrada, já o OPF realiza a definição da classe através da construção de uma árvore.

Figura 36 – Taxa de Falsa Aceitação e Falsa Rejeição obtida usando Algoritmo Memético com classificador OPF para a Base de Dados PTB.

Tabela 19 – Melhores resultados obtidos com MA usando o classificador OPF para a base de dados PTB

Grupo	Característica	Frequência
AN	Ângulo dos seguimentos $\widehat{QRS}$	0,87
TD	Kurtosis	0,28
PAT	Coeficiente #6	0,26
LPC	Média Coeficientes Ordem-2	0,23
WT-sym1	Máximo CD2	0,21
MFCC	Média MFCCs #4	0,19
FD	Katz Mod #2	0,15
WT-sym4	Máximo CA4	0,13
WT-sym1	Máximo CD3	0,11
WT-sym1	Média CD1	0,1
FD	DBC	0,09
WT-coif2	Mínimo CD2	0,09
WT-bior1.1	Média CD3	0,09
WT-coif3	Máximo CD4	0,08
WT-db2	Potência Média CD3	0,07
WT-db4	Desvio Padrão CD4	0,07
WT-sym1	Máximo CD4	0,07
WT-coif1	Máximo CD3	0,07
HP	Coeficientes DCT #1	0,06
PAT	Média dos Coeficientes	0,06
WT-db2	Média de Todos os coeficientes	0,06
WT-sym3	Média CA4	0,06
WT-coif2	Máximo CD2	0,06
WT-haar	Média valores Abs CD3	0,06
WT-db3	Potência Média CD4	0,05
WT-sym2	Média valores Abs CA4	0,05
WT-sym3	Potência Média CD1	0,05
WT-db4	Mínimo CD4	0,03
HP	Coeficientes DCT #14	0,02
WT-sym2	Máximo CD3	0,02
WT-coif2	Potência Média CD1	0,02
WT-coif4	Média valores Abs CA4	0,02
WT-sym3	Média CD1	0,01

A Tabela 20 apresenta os resultados obtidos em termos de taxa de acerto com a menor quantidade de características, utilizando o classificador SVM e PSO como estratégia de seleção de característica. Similar aos resultados obtidos com a base de dados MIT, as características fiduciais e não fiduciais estavam presentes, principalmente aquelas obtidas a partir da WT.

Tabela 20 – Melhores resultados obtidos usando PSO com classificador SVM para a base de dados PTB

Grupo	Característica	Frequência
AD	$R_{amp}(i) - P_{amp}(i)$	0,81
AN	Ângulo dos seguimentos $\widehat{QRS}$	0,81
AREA	$x(S), y(S), x(T), y(S), x(R), y(R)$	0,76
TD	Diferença Maior-Menor Valor	0,65
LPC	Média Coeff Ordem-3	0,78
PAT	Coefficiente #6	0,79
WT-db2	Máximo CD1	0,76
WT-coif3	Máximo CA4	0,77
WT-coif3	Média valores Abs CD4	0,76
WT-bior2.2	Média CD3	0,84
WT-bior2.2	Média valores Abs CA4	0,57
WT-bior3.1	Média valores Abs CD1	0,76
WT-bior3.9	Média CA4	0,75

Ao utilizar a estratégia de seleção PSO com classificador SVM para a base de dados PTB, considerando o menor conjunto de características, foi uma taxa de acerto igual a 97,24%. No entanto, ao utilizar o limiar de semelhança igual a 0,651, ponto de encontro das curvas de FAR e FRR (Figura 37), foi obtida uma taxa de acerto perto de 50%. Este desempenho superior da SVM quando comparada com o limiar de semelhança, deve-se ao mapeamento realizado pela função kernel. Enquanto o limiar de semelhança é calculado no espaço original, a SVM realiza a construção de um hiperplano para a separação dos dados em um outro espaço, no caso o espaço de características, onde os dados estão mais separados devido ao uso da função kernel.

Figura 37 – Taxa de Falsa Aceitação e Falsa Rejeição usando PSO com classificador SVM para base de dados PTB.

Alguns grupos de características como INC, AR, FTT , AC, EMD e DCT não foram selecionados nessas simulações. Diversas características extraídas da WT foram selecionadas, com exceção dos coeficientes extraídos a partir da função mãe haar, os quais foram muito pouco selecionados. Isto demonstra que as características extraídas pela WT possuem um alto poder de separação inter-classe importante para identificação de indivíduos baseado em sinal de ECG.

Avaliando mais detalhadamente as simulações que apresentaram os melhores resultados, pode-se verificar que estas conseguiram selecionar características fiduciais e não fiduciais, indicando que para estas duas bases, a abordagem híbrida deve ser utilizada no processo de reconhecimento. Além disso, quando realizamos a análise em relação aos valores das taxas de semelhança, se for necessário que o sistema busque um alto grau de semelhança para que a identidade de um usuário seja confirmada, o sistema acabará apresentando um desempenho menor, sendo que isso aconteceu para todos os classificadores aqui analisados. Esse comportamento acontece pelo fato de que o padrão armazenado no momento do registro do usuário, é diferente do padrão capturado no momento do reconhecimento do usuário.

6.6 Comparação de Resultados

Ao compararmos estudos publicados com a mesmo base de dados e com as características selecionadas pelo MA e PSO, observa-se que a taxa de acerto obtida foi satisfatória, visto que, por exemplo, no trabalho de (PLATANOTIS; HATZINAKOS; LEE, 2006) foi alcançada uma taxa de acerto de 100% utilizando apenas 14 indivíduos da base de dados PTB e características dos grupos DCT e AC. Neste trabalho foi alcançada uma taxa de acerto um pouco inferior como mencionado anteriormente, mas utilizando 290

indivíduos desta mesma base dados. Dentre outros estudos que utilizaram mais indivíduos, tem-se o trabalho de (AGHAKABI; ZOKAEE, 2011) utilizou todos os indivíduos da base de dados PTB e alcançou uma taxa de acerto de 94,7%. Mesmo neste caso, os resultados obtidos neste trabalho foram superiores. No trabalho de (ZHAO et al., 2013) foi alcançada uma taxa de acerto de 96,00% utilizando 25 indivíduos com características extraídas via EMD, com uma metodologia semelhante a utilizada neste trabalho. Ao compararmos resultados de estudos que utilizaram uma base de dados privado, como por exemplo, o trabalho (HAMDI; SLIMANE; KHALIFA, 2014) alcançou uma taxa de acerto de 96.44% com 100% indivíduos e utilizou características de AI. Novamente, resultado um pouco inferior ao alcançado nesta dissertação.

Nas Tabelas 21 e 22 são apresentados os resultados consolidados para as base de dados MIT e PTB respectivamente. Podemos observar que os resultados obtidos nos experimentos #4 foi superior em relação aos trabalhos pesquisados nesta dissertação.

Tabela 21 – Comparativo dos resultados para a base de dados MIT

Autores	Ano Publicaç	Qtd. amostras	Abordagem	Extração	Classificador	Taxa de Acerto
Can Ye	2010	47	Não Fiducial	WT/ICA	SVM	99,60
Islam, M.S.	2012	47	Fiducial	HBS	Match-Score	98,00
Rabhi, E.	2013	18	Não Fiducial	HP	Modelos Escondidos de Markov	95,08
Sidek, K.	2010	36	Fiducial	Complexo QRS	PRD	95,54
Sidek, K.	2012	30	Fiducial	Complexo QRS	RNA	99,40
Sidek, K. A.	2012	47	Não Fiducial	Wavelets	Match-Score	94,00
Vuksanovic, B.	2013	47	Não Fiducial	Modelos AR	kNN	71,00
Zeng F.	2012	47	Fiducial	Índices Estatísticos	Match-Score	96,00

Tabela 22 – Comparativo de resultados para a base de dados PTB

Autores	Ano Publicação	Qtd. Amostras	Abordagem	Extração	Classificador	Taxa de Acerto
Aghakabi, A.	2011	294	Não Fiducial	MFCC	kNN	94,70
Bashar, M. K.	2015	60	Não Fiducial	Índice Estatístico	Distância Euclidiana	91,67
Fatemian, S.Z.	2009	32	Não Fiducial	Template	Match-Score	99,60
Gurkan, H.	2013	30	Não Fiducial	AC/DCT/MFCC/QRS	kNN	97,31
Rogers, E. S.	2006	14	Fiducial	AC	Dist. Euclidiana	99,41
Safie, S.I.	2011	112	Fiducial	Complexo QRS	Match-Score	91,01
Safie, S.I.	2014	112	Não Fiducial	PAT	Dist. Euclidiana	94,70
Shen, J.	2011	13	Não Fiducial	PLR	Dynamic Time Warping	100
Tantawi, M.	2012	38	Fiducial	Complexo QRS	RNA	97,37
Tantawi, M. M.	2011	51	Fiducial	Complexo QRS	SVM	98,00

7 Conclusão

Este trabalho analisou o impacto de algumas estratégias de seleção de característica como GA, MA e PSO, sobre o desempenho dos Sistemas Biométricos baseados em ECG ao empregar KNN, SVM, OPF e DIST como classificadores. Visando investigar estas técnicas de seleção e gerar um subconjunto de características com alto poder discriminatório, foram usadas duas bases de dados pública PTB e MIT.

Os resultados obtidos nos experimentos #1 e #2 demonstraram que as características extraídas do sinal de ECG são capazes de produzir bons resultados para a tarefa de identificação de indivíduos. No experimento #1, uma única característica foi capaz de produzir uma taxa de acerto de 33,75% usando abordagem fiducial área do triângulo e utilizando o classificador KNN sobre a base de dados MIT. Para a base de dados PTB, foram obtidos resultados importante. Mesmo contendo 6 vezes mais indivíduos que a base de dados MIT, foi obtida uma taxa de acerto de 14,5517% usando como medida não fiducial, a potência média sobre os coeficientes de aproximação da wavelet do nível 4 e usando função mãe coiflet.

Os resultados gerados pela busca par-a-par realizada no experimento #2 foram bastante promissores. Por exemplo, ao combinar o grupo MFCC com WT-coif2 e usar o classificador KNN sobre a base de dados MIT, foi possível obter resultados superiores aos alcançados no trabalho de (SIDEK et al., 2010).

No experimento #3, para ambas as bases de dados, MIT e PTB, a seleção *Backward* conseguiu produzir um conjunto de características reduzido, com altas taxas de acerto durante o processo de treinamento, no entanto para ambos os casos quando foi apresentado o conjunto de teste, foi observada uma redução significativa na taxa de acerto obtida. O experimento que utilizou base de dados MIT evidenciou que como seu conjunto de dados é reduzido a dificuldade de classificação é menor quando comparada com o PTB, isso compromete o processo de seleção de características, pois o processo de seleção acaba por otimizar apenas o conjunto de treinamento, selecionando características que não necessariamente poderiam ser utilizadas em uma aplicação do mundo real, visto o resultado obtido no conjunto de teste. Utilizando a base de dados PTB observou-se resultados mais interessantes, foram obtidos um conjunto de características fiduciais e não fiduciais que

atingiram uma taxa de acerto próxima de 100% no conjunto de treinamento e 79,96% no conjunto de teste.

Nas simulações realizadas no experimento #4, foi obtida uma taxa de reconhecimento superior a 93%. Os melhores resultados foram obtidos usando MA como estratégia de seleção de características. Neste caso, foi alcançada uma taxa de 97.93% de reconhecimento no conjunto de teste utilizando a base de dados PTB. Resultado bastante interessante tratando-se de um experimento utilizando todos os indivíduos desta base de dados. Além disso, é possível notar que algumas funções mães, tais como coiflet, bior e daubechies, apresentaram resultados importantes pois não foram encontrados trabalhos utilizando essas funções mães no processo de identificação de indivíduos. Também foi possível observar que abordagens recentes como a PAT estiveram presentes nos melhores resultados. Para a base de dados MIT, diversas simulações alcançaram 100 de taxa de acerto, resultado até então não alcançado em nenhum dos trabalhos anteriores reportados na literatura. Para todos os cenários a combinação de características fiduciais e não fiducias produziu melhores resultados. Foi descoberto que a característica fiducial 'Ângulo dos pontos QRS' é extremamente importante para a identificação do sinal de ECG, estando presente nos melhores resultados alcançados neste trabalho. Com a seleção de características foi possível gerar um subconjunto de 13 características a partir de um conjunto com 756 característica.

7.1 Principais contribuições deste trabalho

Entre os principais as principais contribuições desta dissertação, podemos destacar o pré-processamento descrito na sessão 3.1, que contribuiu para a melhoria do processo de extração de características.

Neste trabalho foram empregadas diversas técnicas de extração de características tradicionais que nunca haviam sido utilizadas para extração do sinal de ECG como WT com funções mãe coiflet e bior, técnicas distintas de DF e EMD. O emprego de algumas técnicas projetadas exclusivamente para o sinal de ECG, como PAT, também provaram-se efetivas no processo de identificação

A utilização do classificador OPF no reconhecimento baseado no sinal de ECG também produziu excelentes resultados visto que não foram encontrados trabalhos que

utilizaram este classificador no emprego da identificação biométrica baseada no sinal de ECG.

Por fim os resultados obtidos foram superiores aos resultados estudados no referencial bibliográfico desta dissertação, demonstrando também a importância do processo de extração e seleção de características independentemente do classificador utilizado.

8 Trabalhos Futuros

Em termos de trabalhos futuros, pretende-se utilizar outras técnicas de otimização para seleção de características como colônia de formigas (do inglês *Ant Colony Optimization* - *ACO*) e Recozimento Simulado (*Simulated Annealing* - *SA*), assim como a utilização de outros classificadores como Árvores de Decisão (*Decision tree*), classificador Bayesiano, redes neurais de aprendizado profundo e maquinas de aprendizado extremo.

O processo de escolha do parâmetro p na codificação do GA, MA e PSO poderia ser expandido para selecionar não apenas o valor do parâmetro mas também outras parametrizações dos classificadores, como por exemplo, a distância utilizada no classificador KNN e o tipo de *kernel* utilizado no classificador SVM. O classificador OPF também poderia ser expandido para utilizar outras distâncias no processo de treinamento. Outras simulações também poderiam ser realizadas variando o parâmetro de punição

Visto que um classificador simples baseado em distância obteve uma alta taxa de acerto no processo de seleção de características, outros classificadores do tipo escore de correspondência, muito utilizado em impressão digital, poderia ser adicionado ao conjunto de classificadores.

Outros tipos de operadores de cruzamento também poderiam ser utilizados nas simulações GA e MA, visto que, é conhecido o poder de classificação de cada característica. Essa informação poderia ser utilizada como conhecimento *a priori* para o operador de cruzamento direcionado proposto por (TEODORO et al., 2013).

A metodologia proposta por este trabalho pode ser utilizada em outras bases de dados públicas de sinais biomédicos como o ECG-ID Database que possui 90 indivíduos e o QT Database que possui 105 indivíduos compostos de diversos bancos de dados (GOLDBERGER et al., 2000 (June 13))

Por fim, embora muitas das técnicas de extração de características utilizadas neste trabalho tenham sido projetadas para o sinal de ECG, todas as técnicas aqui presentes assim como a abordagem de seleção de características proposta poderiam ser utilizadas para a seleção e classificação de outros bio-sinais para a identificação biométrica como EMG e EEG.

Referências¹

- AGHAKABI, A.; ZOKAEE, S. Fusing dorsal hand vein and ecg for personal identification. In: *Electrical and Control Engineering (ICECE), 2011 International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2011. p. 5933–5936. Citado na página 117.
- AGRAFIOTI, F.; HATZINAKOS, D. Signal validation for cardiac biometrics. In: *2010 IEEE International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing*. [S.l.: s.n.], 2010. p. 1734–1737. ISSN 1520-6149. Citado na página 49.
- AGUILAR, G. et al. Fingerprint recognition. In: IEEE. *Internet Monitoring and Protection, 2007. ICIMP 2007. Second International Conference on*. [S.l.], 2007. p. 32–32. Citado na página 20.
- AHMED, N.; NATARAJAN, T.; RAO, K. R. Discrete cosine transform. *IEEE Transactions on Computers*, C-23, n. 1, p. 90–93, Jan 1974. ISSN 0018-9340. Citado na página 48.
- AL-ANI, M. S.; AL-ALOOSI, W. M. Biometrics fingerprint recognition using discrete cosine transform (dct). *International Journal of Computer Applications*, v. 69, n. 6, p. 44–48, May 2013. Citado na página 48.
- ALLEN, P. *Calais migrants mutilate fingerprints to hide true identity, Daily Mail*. 2009. Disponível em: <<http://www.dailymail.co.uk/news/worldnews/article-1201126-/Calais-migrantsmutilate-fingertips-hide-true-identity.html>>. Citado na página 21.
- ARAFAT, M. A.; HASAN, M. K. Automatic detection of ecg wave boundaries using empirical mode decomposition. In: *2009 IEEE International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing*. [S.l.: s.n.], 2009. p. 461–464. ISSN 1520-6149. Citado na página 33.
- BAO, X.; WANG, J.; HU, J. Method of individual identification based on electroencephalogram analysis. In: *New Trends in Information and Service Science, 2009. NISS '09. International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2009. p. 390–393. Citado na página 22.
- BARNESLEY, M. *Fractals Everywhere*. San Diego, CA, USA: Academic Press Professional, Inc., 1988. ISBN 0-12-079062-9. Citado 3 vezes nas páginas 57, 58 e 59.
- BASHAR, M. K.; OHTA, Y.; YOSHIDA, H. Ecg-based biometric authentication using multiscale descriptors: Ecg-based biometric authentication. In: *2015 International Conference on Intelligent Informatics and Biomedical Sciences (ICIIBMS)*. [S.l.: s.n.], 2015. p. 1–4. Citado na página 42.
- BATOOL, A.; TARIQ, A. Computerized system for fingerprint identification for biometric security. In: IEEE. *Multitopic Conference (INMIC), 2011 IEEE 14th International*. [S.l.], 2011. p. 102–106. Citado na página 20.
- BEHRAD, A.; FAEZ, K. New method for qrs-wave recognition in ecg using mart neural network. In: *Intelligent Information Systems Conference, The Seventh Australian and New Zealand 2001*. [S.l.: s.n.], 2001. p. 291–296. Citado na página 33.

¹ De acordo com a Associação Brasileira de Normas Técnicas. NBR 6023.

BIEL, L. et al. Ecg analysis: a new approach in human identification. *IEEE Transactions on Instrumentation and Measurement*, v. 50, n. 3, p. 808–812, 2001. Citado 2 vezes nas páginas 34 e 42.

BOLLE, R. M. et al. *Guide to Biometrics*. [S.l.]: Springer, 2004. Citado na página 27.

BRADLEY, P. S.; MANGASARIAN, O. L. Feature selection via concave minimization and support vector machines. In: *Proceedings of the Fifteenth International Conference on Machine Learning*. San Francisco, CA, USA: Morgan Kaufmann Publishers Inc., 1998. (ICML '98), p. 82–90. ISBN 1-55860-556-8. Disponível em: <<http://dl.acm.org/citation.cfm?id=645527.657467>>. Citado na página 72.

BUGDOL, M. D.; MITAS, A. W. Multimodal biometric system combining {ECG} and sound signals. *Pattern Recognition Letters*, v. 38, p. 107 – 112, 2014. ISSN 0167-8655. Disponível em: <<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0167865513004583>>. Citado na página 42.

CANENTO, F. et al. Review and Comparison of Real Time Electrocardiogram Segmentation Algorithms for Biometric Applications. In: *Proceedings of the 6th Int'l Conference on Health Informatics (HEALTHINF)*. [S.l.: s.n.], 2013. Citado na página 34.

CANTÚ-PAZ, E. A survey of parallel genetic algorithms. *Calculateurs paralleles, reseaux et systems repartis*, v. 10, n. 2, p. 141–171, 1998. Citado na página 78.

CAO, K. et al. A novel ant colony optimization algorithm for large-distorted fingerprint matching. *Pattern Recognition*, v. 45, n. 1, p. 151 – 161, 2012. ISSN 0031-3203. Disponível em: <<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0031320311001750>>. Citado na página 20.

CASTIGLIONI, P. What is wrong in katz's method? comments on: ?a note on fractal dimensions of biomedical waveforms? *Computers in Biology and Medicine*, v. 40, n. 11?12, p. 950 – 952, 2010. ISSN 0010-4825. Disponível em: <<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S001048251000140X>>. Citado 2 vezes nas páginas 62 e 63.

CHAKRABORTY, M.; DAS, T.; GHOSH, D. Comparative analysis of different fractal methods in studying post-ictal ecg signals of epilepsy patient. In: *2016 IEEE First International Conference on Control, Measurement and Instrumentation (CMI)*. [S.l.: s.n.], 2016. p. 219–223. Citado na página 66.

CHEN, W.-S.; YUAN, S.-Y. Some fractal dimension estimate algorithms and their applications to one-dimensional biomedical signals. *Biomedical Engineering: Applications, Basis and Communications*, v. 14, n. 03, p. 100–108, 2002. Disponível em: <<http://www.worldscientific.com/doi/abs/10.4015/S1016237202000152>>. Citado na página 60.

CHOI, H. S.; LEE, B.; YOON, S. Biometric authentication using noisy electrocardiograms acquired by mobile sensors. *IEEE Access*, v. 4, p. 1266–1273, 2016. ISSN 2169-3536. Citado 5 vezes nas páginas 9, 39, 40, 41 e 42.

CLARKE, R. Human identification in information systems: Management challenges and public policy issues. *Information Technology & People*, MCB UP Ltd, v. 7, n. 4, p. 6–37, 1994. Citado na página 30.

COELHO, A. L.; LIMA, C. A. Assessing fractal dimension methods as feature extractors for {EMG} signal classification. *Engineering Applications of Artificial Intelligence*, v. 36, n. 0, p. 81 – 98, 2014. ISSN 0952-1976. Citado na página 60.

COHEN, K. P. et al. Qrs detection using a fuzzy neural network. In: *Engineering in Medicine and Biology Society, 1995., IEEE 17th Annual Conference*. [S.l.: s.n.], 1995. v. 1, p. 189–190 vol.1. Citado na página 33.

CONSORTIUM, I. H. G. S. Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature*, v. 409, p. 860–921, 2001. Citado na página 31.

COSTA, R. R. O. e. J. S. F. L. R. Introdução à biometria. In: *Livro-texto dos Minicursos, VI Simpósio Brasileiro em Segurança da Informação e de Sistemas Computacionais (SBSeg'2006)*. Santos, SP: [s.n.], 2004. p. 103–151. Citado 2 vezes nas páginas 26 e 28.

COVER, T.; HART, P. Nearest neighbor pattern classification. *IEEE Trans. Inf. Theor.*, IEEE Press, Piscataway, NJ, USA, v. 13, n. 1, p. 21–27, set. 2006. ISSN 0018-9448. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1109/TIT.1967.1053964>>. Citado na página 84.

CRISTIANINI, N.; SHAW-TAYLOR, J. *An Introduction to Support Vector Machines and Other Kernel-based Learning Methods*. 1. ed. [S.l.]: Cambridge University Press, 2000. ISBN 0521780195. Citado 2 vezes nas páginas 85 e 86.

DAUGMAN, J. How iris recognition works. *IEEE Transactions on Circuits and Systems for Video Technology*, v. 14, n. 1, p. 21–30, Jan 2004. ISSN 1051-8215. Citado na página 20.

DAVIS, L. (Ed.). *Handbook of Genetic Algorithms*. [S.l.]: Van Nostrand Reinhold, 1991. Citado na página 73.

DHARAVATH, K.; TALUKDAR, F. A.; LASKAR, R. H. Study on biometric authentication systems, challenges and future trends: A review. In: *Computational Intelligence and Computing Research (ICCIC), 2013 IEEE International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2013. p. 1–7. Citado na página 20.

DINH, H. A. N. et al. Wavelets for qrs detection. In: *Engineering in Medicine and Biology Society, 2001. Proceedings of the 23rd Annual International Conference of the IEEE*. [S.l.: s.n.], 2001. v. 2, p. 1883–1887 vol.2. ISSN 1094-687X. Citado na página 33.

DUDA, R. O.; HART, P. E.; STORK, D. G. *Pattern Classification (2Nd Edition)*. [S.l.]: Wiley-Interscience, 2000. ISBN 0471056693. Citado na página 26.

ELLIS, D. P. W. *PLP and RASTA (and MFCC, and inversion) in Matlab*. 2005. Online web resource. Disponível em: <<http://www.ee.columbia.edu/~dpwe/resources/matlab-rastamat/>>. Citado na página 55.

ERGIN, S. et al. Ecg based biometric authentication using ensemble of features. In: *Information Systems and Technologies (CISTI), 2014 9th Iberian Conference on*. [S.l.: s.n.], 2014. p. 1–6. Citado na página 47.

FANG, S.-C.; CHAN, H.-L. Qrs detection-free electrocardiogram biometrics in the reconstructed phase space. *Pattern Recognition Letters*, v. 34, n. 5, p. 595 – 602, 2013. ISSN 0167-8655. Disponível em: <<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0167865512003728>>. Citado na página 48.

FATEMIAN, S.; HATZINAKOS, D. A new ecg feature extractor for biometric recognition. In: *Digital Signal Processing, 2009 16th International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2009. p. 1–6. Citado na página 37.

GHAHREMANI, A.; NABAVI, S.; NATEGHI, H. Fast and noise-tolerant method of ecg beats classification using wavelet features and fractal dimension. In: *Research and Development (SCORED), 2010 IEEE Student Conference on*. [S.l.: s.n.], 2010. p. 310–313. Citado na página 61.

GHOFRANI, N.; BOSTANI, R. Reliable features for an ecg-based biometric system. In: *Biomedical Engineering (ICBME), 2010 17th Iranian Conference of*. [S.l.: s.n.], 2010. p. 1–5. Citado na página 60.

GOLDBERGER, A. L. et al. Physiobank, physiotoolkit, and physionet: Components of a new research resource for complex physiologic signals. *Circulation*, v. 101, n. 23, p. e215–e220, 2000 (June 13). Circulation Electronic Pages: <http://circ.ahajournals.org/cgi/content/full/101/23/e215> PMID:1085218; doi: 10.1161/01.CIR.101.23.e215. Citado 4 vezes nas páginas 36, 90, 91 e 121.

GONZALEZ, R. C.; WOODS, R. E. *Digital Image Processing*. 2nd. ed. Boston, MA, USA: Addison-Wesley Longman Publishing Co., Inc., 2001. ISBN 0201180758. Citado na página 49.

GRASSBERGER, P.; PROCACCIA, I. Measuring the strangeness of strange attractors. *Physica D: Nonlinear Phenomena*, v. 9, n. 1?2, p. 189 – 208, 1983. ISSN 0167-2789. Disponível em: <<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/0167278983902981>>. Citado na página 65.

GÜRKAN, H.; GUZ, U.; YARMAN, B. S. A novel biometric authentication approach using electrocardiogram signals. In: *Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC), 2013 35th Annual International Conference of the IEEE*. [S.l.: s.n.], 2013. p. 4259–4262. ISSN 1557-170X. Citado na página 55.

GUYON, I.; ELISSEEFF, A. An introduction to variable and feature selection. *J. Mach. Learn. Res.*, JMLR.org, v. 3, p. 1157–1182, mar. 2003. ISSN 1532-4435. Disponível em: <<http://dl.acm.org/citation.cfm?id=944919.944968>>. Citado 3 vezes nas páginas 23, 71 e 72.

HAMDI, T.; SLIMANE, A. B.; KHALIFA, A. B. A novel feature extraction method in ecg biometrics. In: *Image Processing, Applications and Systems Conference (IPAS), 2014 First International*. [S.l.: s.n.], 2014. p. 1–5. Citado 3 vezes nas páginas 9, 46 e 117.

HAMILTON, P. S.; TOMPKINS, W. J. Quantitative investigation of qrs detection rules using the mit/bih arrhythmia database. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, BME-33, n. 12, p. 1157–1165, Dec 1986. ISSN 0018-9294. Citado na página 33.

HAMPTON, J. *The ECG Made Easy*. Churchill Livingstone/Elsevier, 2013. ISBN 9780702046414. Disponível em: <<https://books.google.com.br/books?id=MXSSAAAQBAJ>>. Citado na página 34.

HARROUNI, S. New method for estimating the fractal dimension of discrete temporal signals. In: *Industrial Electronics, 2008. ISIE 2008. IEEE International Symposium on*. [S.l.: s.n.], 2008. p. 2497–2502. Citado na página 67.

- HAUSDORFF, F. Dimension und äußeres maß. *Mathematische Annalen*, Springer, v. 79, n. 1, p. 157–179, 1918. Disponível em: <<http://www.springerlink.com/content-/j3x1t373233w4713>>. Citado na página 59.
- HEGDE, C. et al. Heartbeat biometrics for human authentication. *Signal, Image and Video Processing*, Springer-Verlag, v. 5, n. 4, p. 485–493, 2011. ISSN 1863-1703. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1007/s11760-011-0252-6>>. Citado na página 37.
- HIGUCHI, T. Approach to an irregular time series on the basis of the fractal theory. *Phys. D*, Elsevier Science Publishers B. V., Amsterdam, The Netherlands, The Netherlands, v. 31, n. 2, p. 277–283, jun. 1988. ISSN 0167-2789. Disponível em: <[http://dx.doi.org/10.1016/0167-2789\(88\)90081-4](http://dx.doi.org/10.1016/0167-2789(88)90081-4)>. Citado 2 vezes nas páginas 60 e 61.
- HSU, C.-W.; CHANG, C.-C.; LIN, C.-J. A practical guide to support vector classification. In: . [S.l.: s.n.], 2003. Citado na página 86.
- HUANG, N. E. et al. The empirical mode decomposition and the hilbert spectrum for nonlinear and non-stationary time series analysis. *Proceedings of the Royal Society of London A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences*, The Royal Society, v. 454, n. 1971, p. 903–995, 1998. ISSN 1364-5021. Citado na página 68.
- HURST, H. E. Long-term storage capacity of reservoirs. *Trans. Amer. Soc. Civil Eng.*, v. 116, p. 770–808, 1951. Citado na página 64.
- IMRAN, M.; HASHIM, R.; KHALID, N. E. A. An overview of particle swarm optimization variants. *Procedia Engineering*, Elsevier, v. 53, p. 491–496, 2013. Citado na página 80.
- IQBAL, F. t. Z.; SIDEK, K. A. Cardioid graph based ecg biometric using compressed qrs complex. In: *BioSignal Analysis, Processing and Systems (ICBAPS), 2015 International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2015. p. 11–15. Citado na página 56.
- IRVINE, J. M.; ISRAEL, S. A. A sequential procedure for individual identity verification using ecg. *EURASIP J. Adv. Signal Process*, Hindawi Publishing Corp., New York, NY, United States, v. 2009, p. 3:1–3:13, jan. 2009. ISSN 1110-8657. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1155/2009/243215>>. Citado na página 42.
- IRVINE, J. M. et al. eigenPulse: Robust human identification from cardiovascular function. *Pattern Recognition*, v. 41, p. 3427–3435, 2008. Citado na página 42.
- ISA, M. R. M.; ALJAREH, S. Biometric image protection based on discrete cosine transform watermarking technique. In: *Engineering and Technology (ICET), 2012 International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2012. p. 1–5. Citado na página 48.
- ISRAEL, S. A. et al. {ECG} to identify individuals. *Pattern Recognition*, v. 38, n. 1, p. 133 – 142, 2005. ISSN 0031-3203. Disponível em: <<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0031320304002419>>. Citado na página 21.
- ISRAEL, S. A. et al. {ECG} to identify individuals. *Pattern Recognition*, v. 38, n. 1, p. 133 – 142, 2005. ISSN 0031-3203. Disponível em: <<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0031320304002419>>. Citado na página 42.
- JAIN, A.; ROSS, A.; PRABHAKAR, S. An introduction to biometric recognition. *Circuits and Systems for Video Technology, IEEE Transactions on*, v. 14, n. 1, p. 4–20, Jan 2004. ISSN 1051-8215. Citado 3 vezes nas páginas 26, 28 e 31.

JAIN, A. K.; MALTONI, D. *Handbook of Fingerprint Recognition*. Secaucus, NJ, USA: Springer-Verlag New York, Inc., 2003. ISBN 0387954317. Citado 4 vezes nas páginas 9, 20, 28 e 29.

JULIÁN, M.; ALCARAZ, R.; RIETA, J. Generalized hurst exponents as a tool to estimate atrial fibrillation organization from the surface ecg. In: *Computing in Cardiology Conference (CinC), 2013*. [S.l.: s.n.], 2013. p. 1199–1202. ISSN 2325-8861. Citado na página 64.

JULIÁN, M.; ALCARAZ, R.; RIETA, J. J. Comparative study of nonlinear metrics to discriminate atrial fibrillation events from the surface ecg. In: *Computing in Cardiology Conference (CinC), 2012*. [S.l.: s.n.], 2012. p. 197–200. ISSN 2325-8861. Citado na página 64.

KATZ, M. J. Fractals and the analysis of waveforms. *Computers in Biology and Medicine*, v. 18, n. 3, p. 145 – 156, 1988. ISSN 0010-4825. Disponível em: <<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/0010482588900418>>. Citado 2 vezes nas páginas 61 e 62.

KAYA, Y.; PEHLIVAN, H. Feature selection using genetic algorithms for premature ventricular contraction classification. In: *2015 9th International Conference on Electrical and Electronics Engineering (ELECO)*. [S.l.: s.n.], 2015. p. 1229–1232. Citado 2 vezes nas páginas 74 e 81.

KEKRE, H. B.; KULKARNI, V. *Speaker Identification using Frequency Distribution in the Transform Domain*. 2012. Citado na página 49.

KENNEDY, J.; EBERHART, R. Particle swarm optimization. In: *Neural Networks, 1995. Proceedings., IEEE International Conference on*. [S.l.: s.n.], 1995. v. 4, p. 1942–1948 vol.4. Citado 2 vezes nas páginas 79 e 80.

KENNEDY, J.; EBERHART, R. C. A discrete binary version of the particle swarm algorithm. In: *Systems, Man, and Cybernetics, 1997. Computational Cybernetics and Simulation., 1997 IEEE International Conference on*. [S.l.: s.n.], 1997. v. 5, p. 4104–4108 vol.5. ISSN 1062-922X. Citado na página 80.

KOHAVI, R.; JOHN, G. H. Wrappers for feature subset selection. *Artif. Intell.*, Elsevier Science Publishers Ltd., Essex, UK, v. 97, n. 1-2, p. 273–324, dez. 1997. ISSN 0004-3702. Disponível em: <[http://dx.doi.org/10.1016/S0004-3702\(97\)00043-X](http://dx.doi.org/10.1016/S0004-3702(97)00043-X)>. Citado 2 vezes nas páginas 72 e 73.

KOHLER, B. U.; HENNIG, C.; ORGLMEISTER, R. The principles of software qrs detection. *IEEE Engineering in Medicine and Biology Magazine*, v. 21, n. 1, p. 42–57, Jan 2002. ISSN 0739-5175. Citado na página 33.

KOLLER, D.; SAHAMI, M. Toward optimal feature selection. In: SAITTA, L. (Ed.). *Proceedings of the Thirteenth International Conference on Machine Learning (ICML)*. [S.l.]: Morgan Kaufmann Publishers, 1996. p. 284–292. Citado na página 23.

LAKSHMIPRABHA, N.; BHATTACHARYA, J.; MAJUMDER, S. Face recognition using multimodal biometric features. In: *IEEE. Image Information Processing (ICIIP), 2011 International Conference on*. [S.l.], 2011. p. 1–6. Citado na página 20.

- LI, M.; NARAYANAN, S. Robust ecg biometrics by fusing temporal and cepstral information. In: *Pattern Recognition (ICPR), 2010 20th International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2010. p. 1326–1329. ISSN 1051-4651. Citado 2 vezes nas páginas 55 e 56.
- LIMA, C. A.; COELHO, A. L. Kernel machines for epilepsy diagnosis via {EEG} signal classification: A comparative study. *Artificial Intelligence in Medicine*, v. 53, n. 2, p. 83 – 95, 2011. ISSN 0933-3657. Citado na página 63.
- LIMA, C. A.; COELHO, A. L.; EISENCRAFT, M. Tackling eeg signal classification with least squares support vector machines: a sensitivity analysis study. *Computers in Biology and Medicine*, Elsevier, v. 40, p. 705–714, ago. 2010. Citado 2 vezes nas páginas 61 e 62.
- LIN, S. L. et al. Individual identification based on chaotic electrocardiogram signals during muscular exercise. *IET Biometrics*, v. 3, n. 4, p. 257–266, 2014. ISSN 2047-4938. Citado na página 65.
- LINDEN, R. *Algoritmos Genéticos (3a edição)*. [S.l.]: CIÊNCIA MODERNA, 2012. ISBN 9788539901951. Citado 4 vezes nas páginas 74, 75, 76 e 78.
- LONE, M. A.; ZAKARIYA, S.; ALI, R. Automatic face recognition system by combining four individual algorithms. In: IEEE. *Computational Intelligence and Communication Networks (CICN), 2011 International Conference on*. [S.l.], 2011. p. 222–226. Citado na página 20.
- LOONG, J. et al. Effects of diseased ecg on the robustness of ecg biometric systems. In: *Biomedical Engineering and Sciences (IECBES), 2010 IEEE EMBS Conference on*. [S.l.: s.n.], 2010. p. 307–310. Citado na página 51.
- LOONG, J. L. C. et al. A new approach to ecg biometric systems- a comparative study between lpc and wpd systems. *International Journal of Medical, Health, Biomedical, Bioengineering and Pharmaceutical Engineering*, World Academy of Science, Engineering and Technology, v. 4, n. 8, p. 340 – 345, 2010. ISSN 1307-6892. Citado na página 51.
- LOURENÇO, A.; SILVA, H.; FRED, A. ECG-Based Biometrics: A Real Time Classification Approach. In: *Proceedings of the 22nd IEEE International Workshop on Machine Learning for Signal Processing*. [S.l.: s.n.], 2012. Citado 2 vezes nas páginas 20 e 85.
- LYNCH, S. *Dynamical Systems With Applications Using Matlab*. Birkhäuser, 2004. ISBN 9780817643218. Disponível em: <<https://books.google.pt/books?id=h0UZAQAIAAJ>>. Citado 2 vezes nas páginas 9 e 58.
- MAAFI, A.; HARROUNI, S. Preliminary results of the fractal classification of daily solar irradiances. *Solar Energy*, v. 75, n. 1, p. 53 – 61, 2003. ISSN 0038-092X. Disponível em: <<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0038092X03001920>>. Citado na página 67.
- MAGRANS, R. et al. Higuchi's fractal complexity of rr and qt interval series during transient myocardial ischemia. In: *Computing in Cardiology Conference (CinC), 2013*. [S.l.: s.n.], 2013. p. 421–424. ISSN 2325-8861. Citado na página 60.
- MANDELBROT, B.; NESS, J. W. V. Fractional Brownian Motions, Fractional Noises and Applications. *SIAM Review*, Society for Industrial and Applied Mathematics, v. 10, n. 4, p. 422–437, 1968. ISSN 00361445. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.2307/2027184>>. Citado na página 64.

- MARCEL, S.; MILLAN, J. Person authentication using brainwaves (eeg) and maximum a posteriori model adaptation. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, v. 29, n. 4, p. 743–752, April 2007. ISSN 0162-8828. Citado na página 21.
- MARCEL, S.; MILLAN, J. Person authentication using brainwaves (eeg) and maximum a posteriori model adaptation. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, v. 29, n. 4, p. 743–752, April 2007. ISSN 0162-8828. Citado na página 22.
- MARKEL, J. E.; GRAY, A. H. *Linear Prediction of Speech*. Secaucus, NJ, USA: Springer-Verlag New York, Inc., 1982. ISBN 0387075631. Citado na página 51.
- MELGANI, F.; BAZI, Y. Classification of electrocardiogram signals with support vector machines and particle swarm optimization. *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine*, v. 12, n. 5, p. 667–677, Sept 2008. ISSN 1089-7771. Citado na página 81.
- MINGJING, Y. Correlation dimensions and entropy of series in electrocardiogram. In: *Engineering in Medicine and Biology Society, 2005. IEEE-EMBS 2005. 27th Annual International Conference of the*. [S.l.: s.n.], 2005. p. 4630–4633. Citado na página 65.
- MOGHADDAM, R. F.; CHERIET, M. Modified hausdorff fractal dimension (MHFD). *CoRR*, abs/1505.03493, 2015. Disponível em: <<http://arxiv.org/abs/1505.03493>>. Citado 2 vezes nas páginas 59 e 63.
- MOSCATO, P. *On Evolution, Search, Optimization, Genetic Algorithms and Martial Arts: Towards Memetic Algorithms*. Pasadena, CA, 1989. Citado 2 vezes nas páginas 77 e 78.
- NAPOLITANO, A.; UNGANIA, S.; CANNATA, V. *Fractal Dimension Estimation Methods for Biomedical Images*. INTECH Open Access Publisher, 2012. ISBN 9789535107521. Disponível em: <<https://books.google.com.br/books?id=xUPboAEACAAJ>>. Citado na página 59.
- NASIR, C. R. A. et al. Embedded system for biometric identification based on iris detection. Institute of Electrical and Electronics Engineering (IEEE), 2008. Citado na página 20.
- National Science and Technology Council's (NSTC) Subcommittee on Biometrics. *Biometrics Glossary*. <http://biometrics.gov/Documents/Glossary.pdf>, 2006. Citado na página 29.
- NEGIN, M. et al. An iris biometric system for public and personal use. *Computer, IEEE*, v. 33, n. 2, p. 70–75, 2000. Citado na página 20.
- NUNES, T. M. et al. Eeg signal classification for epilepsy diagnosis via optimum path forest : A systematic assessment. *Neurocomputing*, v. 136, n. 0, p. 103 – 123, 2014. ISSN 0925-2312. Disponível em: <<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S092523121400174X>>. Citado 3 vezes nas páginas 10, 87 e 89.
- ODINAKA, I. et al. Ecg biometrics: A robust short-time frequency analysis. In: *2010 IEEE International Workshop on Information Forensics and Security*. [S.l.: s.n.], 2010. p. 1–6. ISSN 2157-4766. Citado na página 49.
- ODINAKA, I. et al. Ecg biometric recognition: A comparative analysis. *IEEE Transactions on Information Forensics and Security*, v. 7, n. 6, p. 1812–1824, 2012. Citado 3 vezes nas páginas 22, 30 e 42.

PALANIAPPAN, R.; MANDIC, D. Biometrics from brain electrical activity: A machine learning approach. *Pattern Analysis and Machine Intelligence, IEEE Transactions on*, v. 29, n. 4, p. 738–742, April 2007. ISSN 0162-8828. Citado na página 21.

PAN, J.; TOMPKINS, W. J. A real-time qrs detection algorithm. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, BME-32, n. 3, p. 230–236, 1985. ISSN 0018-9294. Citado 2 vezes nas páginas 33 e 43.

PAPA, J. P.; FALCÃO, A. X.; SUZUKI, C. T. N. Supervised pattern classification based on optimum-path forest. *International Journal of Imaging Systems and Technology*, Wiley-Interscience, v. 19, p. 120–131, 2009. Citado 2 vezes nas páginas 87 e 88.

PARANJAPE, R. et al. The electroencephalogram as a biometric. In: *Electrical and Computer Engineering, 2001. Canadian Conference on*. [S.l.: s.n.], 2001. v. 2, p. 1363–1366 vol.2. ISSN 0840-7789. Citado na página 20.

PENG, C.-K. et al. Mosaic organization of dna nucleotides. *Phys. Rev. E*, American Physical Society, v. 49, p. 1685–1689, Feb 1994. Disponível em: <<http://link.aps.org/doi/10.1103/PhysRevE.49.1685>>. Citado na página 66.

PLATANIOTIS, K.; HATZINAKOS, D.; LEE, J. Ecg biometric recognition without fiducial detection. In: *Biometric Consortium Conference, 2006 Biometrics Symposium: Special Session on Research at the*. [S.l.: s.n.], 2006. p. 1–6. Citado 3 vezes nas páginas 49, 50 e 116.

POLEMI, D. Biometric techniques: review and evaluation of biometric techniques for identification and authentication, including an appraisal of the areas where they are most applicable. *Reported prepared for the European Commision DG XIII*, v. 4, 1997. Citado na página 30.

PRATT, K. B.; FINK, E. Search for patterns in compressed time series. *Int. J. Image Graphics*, v. 2, n. 1, p. 89–106, 2002. Citado na página 52.

QUINTA, L. et al. Floresta de caminhos Ótimos na classificação de pólen. In: *WVC 2012 - Workshop de Visão Computacional*. [S.l.: s.n.], 2012. Citado na página 87.

RABHI, E.; LACHIRI, Z. Biometric personal identification system using the ecg signal. In: *Computing in Cardiology Conference (CinC), 2013*. [S.l.: s.n.], 2013. p. 507–510. ISSN 2325-8861. Citado 2 vezes nas páginas 55 e 56.

RAGHAVENDRA, B. S.; DUTT, D. N. A note on fractal dimensions of biomedical waveforms. *Comput. Biol. Med.*, Pergamon Press, Inc., Elmsford, NY, USA, v. 39, n. 11, p. 1006–1012, nov. 2009. ISSN 0010-4825. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.compbiomed.2009.08.001>>. Citado na página 57.

RAMADAN, R. M.; ABDEL-KADER, R. F. Particle swarm optimization for human face recognition. In: *2009 IEEE International Symposium on Signal Processing and Information Technology (ISSPIT)*. [S.l.: s.n.], 2009. p. 579–584. ISSN 2162-7843. Citado na página 81.

RANKIN, D. M. et al. Iris recognition failure over time: The effects of texture. *Pattern Recogn.*, Elsevier Science Inc., New York, NY, USA, v. 45, n. 1, p. 145–150, jan. 2012. ISSN 0031-3203. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.patcog.2011.07.019>>. Citado na página 20.

REAZ, M. B. I.; WEI, L. S. Detection of the r wave peak of qrs complex using neural network. In: *Information and Communication Technologies: From Theory to Applications, 2004. Proceedings. 2004 International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2004. p. 381–. Citado na página 33.

REUNANEN, J. Overfitting in making comparisons between variable selection methods. *Journal of Machine Learning Research*, JMLR, v. 3, p. 1371–1382, 2003. Citado na página 23.

REVETT, K.; DERAVID, F.; SIRLANTZIS, K. Biosignals for user authentication - towards cognitive biometrics? In: *Emerging Security Technologies (EST), 2010 International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2010. p. 71–76. Citado 3 vezes nas páginas 22, 23 e 39.

RILLING, G.; FLANDRIN, P.; GON, P. On empirical mode decomposition and its algorithms. In: . [S.l.: s.n.], 2003. Citado 3 vezes nas páginas 9, 68 e 69.

SADEGHIAN, E. B.; MORADI, M. H. Fractal dimension for detection of erd/ers patterns in asynchronous brain computer interface. In: *Bioinformatics and Biomedical Engineering, 2008. ICBBE 2008. The 2nd International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2008. p. 560–563. Citado na página 61.

SAECHIA, S.; KOSEYAPORN, J.; WARDKEIN, P. Human identification system based ecg signal. In: *TENCON 2005 2005 IEEE Region 10*. [S.l.: s.n.], 2005. p. 1–4. Citado na página 49.

SAFIE, S. et al. Pulse active transform (pat): A non-invertible transformation with application to ecg biometric authentication. In: *Region 10 Symposium, 2014 IEEE*. [S.l.: s.n.], 2014. p. 667–671. Citado 2 vezes nas páginas 51 e 52.

SAHOO, J. P.; BEHERA, S.; ARI, S. A novel technique for qrs complex detection in ecg signal based on hilbert transform and autocorrelation. In: *International Conference on Electronics Systems (ICES-2011)*. [S.l.: s.n.], 2011. p. 1–5. Citado na página 32.

SARKAR, N.; CHAUDHURI, B. B. An efficient differential box-counting approach to compute fractal dimension of image. *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, v. 24, n. 1, p. 115–120, Jan 1994. ISSN 0018-9472. Citado na página 59.

SCHÖLKOPF, B.; SMOLA, A. J. *Learning with kernels : support vector machines, regularization, optimization, and beyond*. [S.l.]: MIT Press, 2002. Citado 2 vezes nas páginas 85 e 86.

SEVCIK, C. A procedure to Estimate the Fractal Dimension of Waveforms. *Complexity*, 1998. Citado 2 vezes nas páginas 63 e 64.

SHEN, J. et al. The plr-dtw method for ecg based biometric identification. In: *Engineering in Medicine and Biology Society, EMBC, 2011 Annual International Conference of the IEEE*. [S.l.: s.n.], 2011. p. 5248–5251. ISSN 1557-170X. Citado na página 52.

SHEN, T. W.; TOMPKINS, W. J.; HU, Y. H. One-lead ecg for identity verification. In: *Engineering in Medicine and Biology, 2002. 24th Annual Conference and the Annual Fall Meeting of the Biomedical Engineering Society EMBS/BMES Conference, 2002. Proceedings of the Second Joint*. [S.l.: s.n.], 2002. v. 1, p. 62–63 vol.1. ISSN 1094-687X. Citado na página 42.

SIDEK, K. et al. An efficient method of biometric matching using interpolated ecg data. In: *Biomedical Engineering and Sciences (IECBES), 2010 IEEE EMBS Conference on*. [S.l.: s.n.], 2010. p. 330–335. Citado na página 118.

SILVA, H. et al. Ecg biometrics: Principles and applications. In: *Proc. of the 6th BIOSIGNALS Conf.* [S.l.: s.n.], 2013. Citado na página 20.

SILVA, H. P. da et al. Finger ecg signal for user authentication: Usability and performance. In: *Biometrics: Theory, Applications and Systems (BTAS), 2013 IEEE Sixth International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2013. p. 1–8. Citado 3 vezes nas páginas 9, 39 e 40.

SIMON, B. P.; ESWARAN, C. An {ECG} classifier designed using modified decision based neural networks. *Computers and Biomedical Research*, v. 30, n. 4, p. 257 – 272, 1997. ISSN 0010-4809. Disponível em: <<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0010480997914464>>. Citado na página 31.

SINGH, Y.; SINGH, S. Evaluation of electrocardiogram for biometric authentication. *Journal of Information Security*, v. 3, 2012. Citado na página 35.

SINGH, Y. N.; GUPTA, P. Ecg to individual identification. In: *Biometrics: Theory, Applications and Systems, 2008. BTAS 2008. 2nd IEEE International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2008. p. 1–8. Citado na página 42.

SINGH, Y. N.; GUPTA, P. Advances in biometrics: Third international conference, icb 2009, alghero, italy, june 2-5, 2009. proceedings. In: _____. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2009. cap. Biometrics Method for Human Identification Using Electrocardiogram, p. 1270–1279. ISBN 978-3-642-01793-3. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1007/978-3-642-01793-3_128>. Citado na página 42.

SINGH, Y. N.; GUPTA, P. Correlation-based classification of heartbeats for individual identification. *Soft Computing*, v. 15, n. 3, p. 449–460, 2009. ISSN 1433-7479. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1007/s00500-009-0525-y>>. Citado na página 42.

SINGH, Y. N.; SINGH, S. K.; GUPTA, P. Fusion of electrocardiogram with unobtrusive biometrics: An efficient individual authentication system. *Pattern Recognition Letters*, v. 33, n. 14, p. 1932 – 1941, 2012. ISSN 0167-8655. Novel Pattern Recognition-Based Methods for Re-identification in Biometric Context. Disponível em: <<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S016786551200092X>>. Citado na página 35.

SKORDALAKIS, E. Syntactic ecg processing: A review. *Pattern Recognition*, v. 19, n. 4, p. 305 – 313, 1986. ISSN 0031-3203. Disponível em: <<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/0031320386900567>>. Citado na página 33.

SORNMO, L. et al. A method for evaluation of qrs shape features using a mathematical model for the ecg. *Biomedical Engineering, IEEE Transactions on*, BME-28, n. 10, p. 713–717, Oct 1981. ISSN 0018-9294. Citado na página 55.

SUN, S. Multitask learning for eeg-based biometrics. In: *Pattern Recognition, 2008. ICPR 2008. 19th International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2008. p. 1–4. ISSN 1051-4651. Citado na página 21.

SZATHMÁRY, E. The origin of the genetic code: amino acids as cofactors in an rna world. *Trends in Genetics*, v. 15, p. 223–229, 1999. Citado na página 31.

SZILAGYI, L. et al. On-line qrs complex detection using wavelet filtering. In: *Engineering in Medicine and Biology Society, 2001. Proceedings of the 23rd Annual International Conference of the IEEE*. [S.l.: s.n.], 2001. v. 2, p. 1872–1874 vol.2. ISSN 1094-687X. Citado na página 33.

TAWFIK, M.; SELIM, H.; KAMAL, T. Human identification using time normalized QT signal and the QRS complex of the ECG. In: *Int'l Symp. on Communication Systems Networks and Digital Signal Processing (CSNDSP)*. [S.l.: s.n.], 2010. p. 755–759. Citado na página 48.

TEODORO, F. G. S. et al. Supply chain management and genetic algorithm: Introducing a new hybrid genetic crossover operator. In: *X Encontro Nacional de Inteligência Artificial e Computacional (ENIAC)*. [s.n.], 2013. p. 1–6. Disponível em: <<http://www.lbd.dcc.ufmg.br/colecoes/eniac/2013/0023.pdf>>. Citado 2 vezes nas páginas 77 e 121.

TEODORO, F. G. S. et al. Supply chain management and metaheuristic algorithms: Analysing a new hybrid genetic crossover operator. In: *2015 Latin America Congress on Computational Intelligence (LA-CCI)*. [S.l.: s.n.], 2015. p. 1–6. Citado na página 77.

TRICOT, C. *Curves and Fractal Dimension*. [S.l.]: Springer, 1995. ISBN 978-0-387-94095-3. Citado na página 60.

VANTHANA, P. S.; MUTHUKUMAR, A. Iris authentication using gray level co-occurrence matrix and hausdorff dimension. In: *Computer Communication and Informatics (ICCCI), 2015 International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2015. p. 1–5. Citado na página 59.

VAPNIK, V. N. *Statistical Learning Theory*. [S.l.]: Wiley-Interscience, 1998. Citado 2 vezes nas páginas 85 e 86.

VUKSANOVIC, B.; ALHAMDI, M. Ecg based system for arrhythmia detection and patient identification. In: *Information Technology Interfaces (ITI), Proceedings of the ITI 2013 35th International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2013. p. 315–320. ISSN 1334-2762. Citado na página 50.

VUKSANOVIC, B.; ALHAMDI, M. Analysis of human electrocardiogram for biometric recognition using analytic and ar modeling extracted parameters. In: . [S.l.: s.n.], 2014. p. 428–433. Citado na página 50.

WAHABI, S. et al. On evaluating ecg biometric systems: Session-dependence and body posture. *IEEE Transactions on Information Forensics and Security*, v. 9, n. 11, p. 2002–2013, Nov 2014. ISSN 1556-6013. Citado 3 vezes nas páginas 9, 39 e 40.

WANG, Y. et al. Analysis of human electrocardiogram for biometric recognition. *EURASIP J. Adv. Signal Process*, Hindawi Publishing Corp., New York, NY, United States, v. 2008, jan. 2008. ISSN 1110-8657. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1155/2008/148658>>. Citado 2 vezes nas páginas 42 e 43.

- WÜBBELER, G. et al. Verification of humans using the electrocardiogram. *Pattern Recognition Letters*, v. 28, n. 10, p. 1172–1175, 2007. Citado na página 20.
- WESTON, J. et al. Feature selection for svms. In: MAX-PLANCK-GESELLSCHAFT. *Advances in Neural Information Processing Systems 13*. Cambridge, MA, USA: MIT Press, 2001. ISBN 0-262-12241-3. Citado na página 72.
- XUE, Q.; HU, Y. H.; TOMPKINS, W. J. Neural-network-based adaptive matched filtering for qrs detection. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, v. 39, n. 4, p. 317–329, April 1992. ISSN 0018-9294. Citado na página 33.
- Y., G.; Y., C. The study of electrocardiograph based on radial basis function neural network. In: *Intelligent Information Technology and Security Informatics (IITSI), 2010 Third International Symposium on*. [S.l.: s.n.], 2010. p. 143–145. Citado na página 56.
- YE, C.; COIMBRA, M.; KUMAR, B. Investigation of human identification using two-lead electrocardiogram (ecg) signals. In: *Biometrics: Theory Applications and Systems (BTAS), 2010 Fourth IEEE International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2010. p. 1–8. Citado 2 vezes nas páginas 37 e 56.
- YE, C.; KUMAR, B. V. K. V.; COIMBRA, M. T. Human identification based on ecg signals from wearable health monitoring devices. In: *Proceedings of the 4th International Symposium on Applied Sciences in Biomedical and Communication Technologies*. New York, NY, USA: ACM, 2011. (ISABEL '11), p. 25:1–25:5. ISBN 978-1-4503-0913-4. Citado na página 23.
- YEH, Y.-C.; WANG, W.-J. Qrs complexes detection for ecg signal: The difference operation method. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, v. 91, n. 3, p. 245 – 254, 2008. ISSN 0169-2607. Disponível em: <<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0169260708001004>>. Citado na página 33.
- YEOM, S.-K.; SUK, H.-I.; LEE, S.-W. Person authentication from neural activity of face-specific visual self-representation. *Pattern Recognition*, v. 46, n. 4, p. 1159 – 1169, 2013. ISSN 0031-3203. Disponível em: <<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0031320312004578>>. Citado na página 20.
- ZARRINI, M.; SADR, A. A real-time algorithm to detect inverted and symmetrical t-wave. In: *Computer and Electrical Engineering, 2009. ICCEE '09. Second International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2009. v. 1, p. 318–322. Citado na página 33.
- ZENG, F. et al. A new statistical-based algorithm for ecg identification. In: *Intelligent Information Hiding and Multimedia Signal Processing (IIH-MSP), 2012 Eighth International Conference on*. [S.l.: s.n.], 2012. p. 301–304. Citado na página 42.
- ZHANG, H. et al. Joint dynamic sparse representation for multi-view face recognition. *Pattern Recogn.*, Elsevier Science Inc., New York, NY, USA, v. 45, n. 4, p. 1290–1298, abr. 2012. ISSN 0031-3203. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.patcog.2011.09.009>>. Citado na página 20.
- ZHAO, Q. et al. Improving individual identification in security check with an eeg based biometric solution. In: *Proceedings of the 2010 International Conference on Brain Informatics*. Berlin, Heidelberg: Springer-Verlag, 2010. (BI'10), p. 145–155.

ISBN 3-642-15313-5, 978-3-642-15313-6. Disponível em: <<http://dl.acm.org/citation.cfm?id=1886142.1886159>>. Citado na página 22.

ZHAO, Z. et al. A human ecg identification system based on ensemble empirical mode decomposition. *Sensors*, v. 13, n. 5, p. 6832–6864, 2013. ISSN 1424-8220. Disponível em: <<http://www.mdpi.com/1424-8220/13/5/6832>>. Citado na página 117.