

BioSigBrowser, interfaz de procesamiento de señales biomédicas

J. Bolea^{1,2}, R. Almeida^{1,2}, P. Laguna^{2,1}, L. Sörnmo³, J.P. Martínez^{2,1}

¹Centro de Investigación Biomédica en Red CIBER-BBN, Zaragoza, España, {jbolea,rbalmeid,laguna,jpmart}@unizar.es

²Tecnologías de la Comunicación GTC, Instituto de Investigación en Ingeniería de Aragón I3A, Universidad de Zaragoza, Zaragoza, España

³Signal Processing Group, Dept. of Electrical and Information Technology, Lund University, Lund, Sweden, {leif.sornmo@eit.lth.se}

Resumen

En el presente documento se presenta un interfaz de sencillo manejo en Matlab[®] con el objetivo de hacer fácil el uso de algoritmos en el ámbito del procesamiento de señales biomédicas. Incluye métodos relacionados con procesamiento de señales cardiovasculares, así como análisis multimodal. Esta plataforma puede tratar un solo registro o trabajar en lotes dada una base de datos como suele hacerse en investigación. Además, su estructura modular permite fácilmente la incorporación de nuevos métodos.

1. Motivación

El Grupo de Tecnologías de la Comunicación (GTC) es un grupo de investigación que, entre otros estudios, trata el procesamiento de señales biomédicas. Durante los últimos 14 años el GTC ha estado envuelto en el desarrollo de sistemas automáticos para estimar y estudiar parámetros de electrocardiogramas (ECG) con relevancia clínica. Recientes desarrollos incluyen el análisis de registros polisomnográficos dentro del estudio de apneas del sueño en niños y otros proyectos relacionados con señales del tipo electrogramas (EGM), presión arterial (ABP) y respiratorias. Los algoritmos de uso general han sido desarrollados para delinear y caracterizar las ondas del ECG, análisis de índices de riesgo de muerte súbita, caracterización del sistema nervioso autónomo como la variabilidad del ritmo cardíaco, etc.

Este trabajo ha sido desarrollado en colaboración con otros grupos de investigación, los cuales han puesto de manifiesto la necesidad de transferir la tecnología de una forma sencilla. Uno de los problemas que podemos encontrar es que los investigadores normalmente implementan sus programas dependiendo de los datos de que dispongan y de los objetivos específicos del estudio dando menos importancia a su generalización. De esta forma, los métodos no están preparados para ser usados fácilmente por otros, y sólo llegan a ser una herramienta disponible para el usuario en la última fase de la investigación.

La creación de un interfaz, en el que todos estos algoritmos estén disponibles, es el paso siguiente para mantenerlos. De esta forma, los investigadores tendrán unas herra-

mientas de procesamiento de señales biomédicas con un interfaz sencillo y los médicos estarán provistos de una herramienta de diagnóstico auxiliar que puede ser utilizada sin tener un conocimiento técnico específico.

Este interfaz, *BioSigBrowser*, está siendo desarrollado en Matlab[®], lenguaje que es usado para realizar cálculos matemáticos, analizar y visualizar datos y generar programas. Aprovechando si es preciso la potencialidad de las rutinas en C y C++.

La estructura modular de *BioSigBrowser* permite una fácil incorporación de nuevas metodologías o módulos. Es un software multiplataforma que puede ser usado en los sistemas operativos Windows, Linux o Mac y que además presenta una alta compatibilidad con Octave (GNU General Public License) permitiendo una futura migración con el mínimo esfuerzo potenciando su distribución.

Para ser más adaptable al uso en la práctica clínica, *BioSigBrowser* puede ser autoejecutable, sin requerir la instalación de Matlab[®] manteniendo sus funcionalidades y evitando cualquier tipo de licencia.

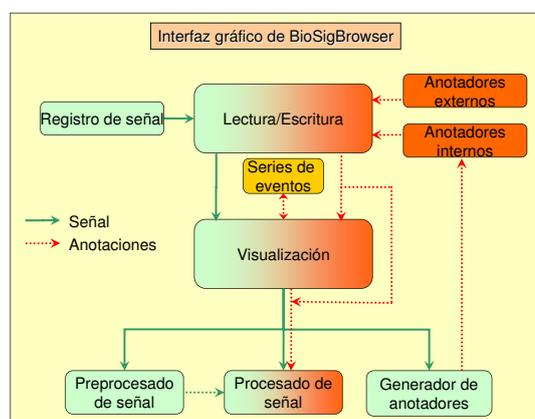


Figura 1. Diagrama de flujo de la estructura de BioSigBrowser.

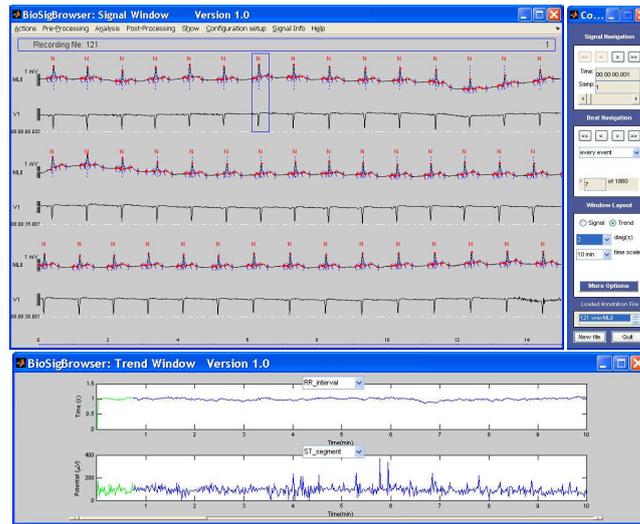


Figura 2. En la Signal Window (izquierda arriba) se muestra la señal con los puntos de interés contenidos en un archivo de anotaciones. La Control Window (derecha arriba) tiene todas las herramientas de navegación y enfoque para la señal y la navegación por eventos. Abajo, se muestran las series de interés derivadas de las anotaciones, en este caso series latido-latido.

2. Estructura

La estructura del software está especialmente adaptada para señales ECG, sin excluir por supuesto otras señales biomédicas. En el análisis de señales biomédicas es muy importante recuperar marcas de eventos durante el registro llamadas anotaciones, las cuales tienen significado fisiológico. Por lo que estarán disponibles dos tipos de datos: la señal biomédica y sus anotaciones.

Estos eventos pueden ser generados manual o automáticamente haciendo uso de las aplicaciones implementadas en el software.

La Figura 1 presenta la estructura del software compuesto de módulos responsables de las tareas específicas. El camino de la señal muestra los flujos de trabajo disponibles y podemos observar que sólo disponiendo de la señal es suficiente para usar todas las aplicaciones. El archivo de anotaciones puede ser creado usando el *módulo generador de archivos de anotaciones* o puede ser generado por otras aplicaciones o manualmente. El camino de las anotaciones es opcional, por el contrario la señal debe estar acompañada por anotaciones para usar el *módulo de procesamiento*. A continuación nos centramos en la descripción de los módulos:

2.1. Lectura/Escritura

El módulo de *lectura/escritura* permite cargar un solo archivo de señal con o sin anotaciones relacionadas o toda una base de datos de una forma secuencial teniendo siempre la posibilidad de salvar cualquier resultado ya sea final o intermedio que pueden ser de interés en los análisis. El formato de datos por defecto es el WFDB (WaveForm DataBase) usado en Physionet (www.physionet.org) [1], y la versión actual presenta compatibilidad con equipos comerciales de adquisición de datos, como *MortaraInstruments*® Digital Holter y *Biopac*® data acquisition MP Systems. La característica modular del software permite la incorporación de otros

tipos de formatos de una forma sencilla.

2.2. Módulo de visualización

Este módulo permite la visualización de datos (ECG multi-derivacionales o registros multimodales, i.e. ABP, polisomnográficas, EGM, etc), anotaciones relacionadas con el registro cargado y series de interés extraídas de estas anotaciones como las series de intervalos RR derivadas de anotaciones de latidos de ECG.

La señal se muestra en la *Signal Window* (Figura 2 arriba izquierda) y las herramientas para la navegación y para el enfoque están disponibles en la *Control Window* (Figura 2 arriba derecha).

Varios archivos de anotaciones pueden ser seleccionados para estar simultáneamente mostrados sobre la señal y/o para realizar la navegación por eventos. La navegación por eventos permite al usuario navegar a lo largo de eventos temporales entre los que distinguimos dos tipos: latidos y episodios. Los latidos están etiquetados de acuerdo con un código estándar de anotaciones (i.e. código MIT-BIH) y los episodios son otro tipo de marcas fisiológicas (i.e. en ECG: nivel ST, inicio y final de un cambio de ritmo...). Las herramientas para esta navegación también están presentes en la *Control Window*.

Las series de eventos pueden ser definidas desde las anotaciones, como la serie de intervalos RR obtenidas del ECG. Tienen una ventana específica para su visualización llamada *Trend Window* (Figura 2 abajo). Durante la navegación por eventos, el evento actual estará marcado con un cuadrado azul. Pulsando el botón derecho del ratón sobre él, un submenú aparecerá mostrando los valores de las series para ese tiempo en concreto y nos dará el acceso a otro interfaz gráfico llamado *Annotation File Manager*. Desde aquí seremos capaces de modificar estas series ya que permite insertar nuevos, eliminar o editar anotaciones existentes. Cualquier cambio será actualizado automáticamente en la *Trend Window* pudiendo ser guardados para su

uso posterior. Pulsando el botón derecho del ratón sobre la *Signal Window* y la *Trend Window* seremos capaces de exportar el segmento mostrado o toda la señal o las series en el workspace de *Matlab*®.

El módulo de visualización permite al usuario aplicar los diferentes módulos sobre la señal mostrada usando los menús de la *Signal Window*.

2.3. Generadores de archivos de anotaciones

BioSigBrowser permite la generación de archivos de anotaciones manual a través del *Annotation file manager* o automáticamente por uno de los análisis. Por ejemplo, el *delineador/detector de ECG* genera un archivo incluyendo las anotaciones referidas a los inicios/picos/finales de cada complejo QRS y ondas P y T. Esta tarea esta llevada a cabo por un sistema automático de delineación de ondas de ECG basado en análisis wavelet [2].

Para el análisis de otras señales biomédicas además del ECG, este módulo puede ser extendido para atender nuevas especificaciones, i.e. detectar frentes de onda en EGM o detectar y delinear ondas en señales ABP.

2.4. Módulo de preprocesado

Es muy probable que las señales biomédicas estén contaminadas por artefactos. Éste módulo está definido para limpiar y preparar la señal para el análisis posterior. Han sido incluidos varios métodos, como la eliminación de la línea de base (usando splines cúbicas, filtros variante o invariante en el tiempo o filtros a la carta) y la interferencia de la red eléctrica (usando un filtro no lineal [3],[4],[5],[6]).

Con respecto a las señales de ECG, han sido incluidas herramientas para obtener derivaciones usando relaciones lineales: i) estimar la falta de alguna derivación de las extremidades a partir de las otras dos; ii) estimar las derivaciones de las extremidades aumentadas a partir de las derivaciones de las extremidades; iii) estimar las deriva-

ciones vectocardiográficas (VCG) a partir de la matriz inversa de Dower o por el método de Levkov teniendo 8 o 9 de las derivaciones estándar o de las derivaciones de las extremidades o de las precordiales; iv) estimar las 12 derivaciones estándar a partir de las VCG usando la matriz de Dower.

Por otro lado, se han incluido varias herramientas de exploración en el dominio frecuencial como la transformada de Fourier rápida, la densidad espectral de potencia a partir del método de Welch y la estimación de coherencia.

2.5. Módulo de procesado

Los siguientes métodos de análisis han sido desarrollados y validados por el grupo en anteriores proyectos de investigación. Una vez maduros y estables han sido incorporados para formar parte del software. Actualmente, los métodos de análisis incluidos son:

- Detector de isquemia basado en la raíz cuadrática media [7]. La isquemia es una restricción en el suministro de oxígeno, generalmente debido a factores en los vasos sanguíneos, con daño resultante o una disfunción del tejido. La isquemia cardíaca puede causar dolor torácico, conocido como angina de pecho.
- Detector de alternancias en la onda T (TWA) [8]. La TWA es un fenómeno que aparece en la superficie del ECG como una fluctuación consistente en la morfología de repolarización (segmento ST y onda T). Es un marcador de riesgo tanto para la vulnerabilidad ventricular como para la muerte cardíaca súbita.
- Estimación de la frecuencia respiratoria basada en el ECG [9]. Se explotan los patrones oscilatorios de la rotación de los ángulos de los ejes eléctricos del corazón inducidos por la respiración. Las series de rotación de los ángulos es susceptible al análisis espectral de potencia y por lo tanto da una estimación de la frecuencia respiratoria.

Varios de estos análisis pueden generar archivos de anotaciones relacionados con los resultados obtenidos, como intervalos de alternancias en la onda T o isquémicos. Por lo que estas anotaciones estarán disponibles para ser cargadas y poder navegar sobre ellas 2.3.

Todas estas metodologías requieren una inicialización de parámetros que esta disponible en los menús de la *Signal Window*. Una vez el método es ejecutado, los resultados y la configuración inicial de los mismos será guardada en un archivo asociado al archivo de anotaciones cargado y los resultados serán mostrados para su comprobación visual.

3. Trabajo futuro

En un corto período de tiempo serán incorporados dos nuevos módulos de análisis. Uno esta relacionado con la *caracterización del sistema nervioso autónomo*. Éste dará una estimación de la variabilidad del ritmo cardíaco [10] y turbulencias del mismo [11]. El otro trata sobre la *detección de apneas del sueño* sobre señales cardiovasculares (fotopletimografía (PPG) y/o ECG) [12].

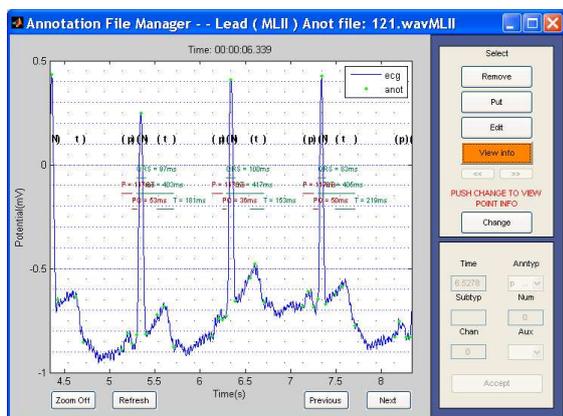


Figura 3. *Annotation file manager* permite al usuario insertar nuevas y eliminar o editar anotaciones existentes. El interfaz muestra las anotaciones '*/'. Si el archivo de anotaciones contiene puntos fiduciales, el principio '(' y el final ')' de las ondas características del ECG y los picos correspondientes son mostrados está considerada la medición de los segmentos de interés dentro de un latido.

Agradecimientos

Quiero dar las gracias (en orden alfabético) a Raquel Bailón, Eduardo Gil, Sonia Gouveia, Mariano Llamedo, Ana Mincholé, Violeta Monasterio, Maikel Noriega, Michele Orini, Esther Pueyo, Daniel Romero, Carlos Sánchez y Fernando Simón por su contribución tanto en las discusiones como en el software aportado para la realización de este trabajo y por supuesto a los co-autores. Y también dar las gracias al CIBER en Bioingeniería, Biomateriales y Nanomedicina que es una iniciativa del Instituto de Salud Carlos III (ISCIII).

Referencias

- [1] Goldberger A. L., Amaral A. N., Hausdorff J. M., Ivanov P. C., Mark R. G., Mietus J. E., Moody G. B., Peng C.-K and Stanley H. E. PhysioBank, PhysioToolkit, and PhysioNet: Components of a new research resource for complex physiologic signals. *Circulation*, vol. 101, no. 23, pp. e215-e220, 2000.
- [2] Martínez J. P., Almeida R., Olmos S., Rocha A. P., and Laguna P. A wavelet-based ECG delineator: evaluation on standard databases. *IEEE Trans. Biomed. Eng.*, vol. 51, no. 4, pp. 570-581, 2004.
- [3] Hamilton P. S. A comparison of adaptive and nonadaptive filters for the reduction of powerline interference in the ECG. *IEEE Trans. Biomed. Eng.*, vol. 43, pp. 105-109, 1996.
- [4] Mortara D. Digital filters for ECG signals. in *Proc. Computers in Cardiology*, pp. 511-514, 1977.
- [5] Ahlstrom M. L. and Tompkins W. J. Digital filters for real-time ECG signal processing using microprocessors. *IEEE Trans. Biomed. Eng.*, vol. 32, pp. 708-713, 1985.
- [6] Pei S.-C. and Tseng C.-C. Elimination of AC interference in electrocardiogram using IIR notch filter with transient suppression. *IEEE Trans. Biomed. Eng.*, vol. 42, pp. 1128-1132, 1995.
- [7] Mincholé A., Skarp B., Jager F. and Laguna P. Evaluation of a root mean squared based ischemia detector on the Long-Term ST Database with body position change cancellation. in *Computers in Cardiology*, 2005, pp. 853-856.
- [8] Martínez J. P., Olmos S., Wagner G. and Laguna P. Characterization of repolarization alternans during ischemia: time-course and spatial analysis. *IEEE Trans. Biomed. Eng.*, vol. 53, no. 4, pp. 701-711, 2006.
- [9] Bailón R., Sörnmo L. and Laguna P. A robust method for ECG-based estimation of the respiratory frequency during stress testing. *IEEE Trans. Biomed. Eng.*, vol. 53, no. 7, pp. 1273-1285, 2006.
- [10] Mateo J. and Laguna P. Analysis of heart rate variability in the presence of ectopic beats using the heart timing signal. *IEEE Trans. Biomed. Eng.*, vol. 50, no. 3, pp. 334-343, 2003.
- [11] Solem K., Laguna P., Martínez J. P. and Sörnmo L. Model-based detection of heart rate turbulence. *IEEE Trans. Biomed. Eng.*, vol. 55, no. 12, pp. 2712-2722, 2008.
- [12] Gil E., Mendez M., Vergara J. M., Cerutti S., Bianchi A. M. and Laguna P. Discrimination of sleep-apnea-related decreases in the amplitude fluctuations of PPG signal in children by HRV analysis. *IEEE Trans. Biomed. Eng.*, vol. 56, no. 4, pp. 1005-1014, 2009.