

Segmentação de sinais de eletrocardiograma com janelas adaptativas e aprendizado profundo

1st Matheus Felipe Akira de Assis Oliveira

Departamento de Ciência da Computação

UFMG

Belo Horizonte, Minas Gerais

matheusfelipeakira@gmail.com

2nd Wagner Meira Jr.

Departamento de Ciência da Computação

UFMG

Belo Horizonte, Minas Gerais

meira@dcc.ufmg.br

3rd Jermana Lopes Moraes

Departamento de Engenharia Elétrica

Universidade Federal do Ceará

Fortaleza, Ceará

jermanalopes@gmail.com

Abstract—A segmentação automática de sinais de eletrocardiograma (ECG) desempenha um papel fundamental no auxílio à tomada de decisões clínicas, viabilizando a identificação precisa de ondas e intervalos cardíacos de interesse. Este trabalho apresenta o desenvolvimento de uma abordagem baseada em técnicas de processamento de sinais e aprendizado de máquina para a segmentação automatizada de exames provenientes do Sistema Único de Saúde (SUS). A metodologia foi projetada considerando a realidade clínica brasileira e os desafios associados à variabilidade e ao ruído de bases de dados públicas de larga escala. O modelo proposto visa otimizar o fluxo de trabalho em serviços de alta demanda, como a rede de telessaúde do Hospital das Clínicas de Belo Horizonte, contribuindo diretamente para a descentralização de diagnósticos cardiológicos mais rápidos, precisos e robustos.

Index Terms—ECG, Segmentação, Deep Learning, CNN, Sinais Biomédicos, Pré-processamento.

I. INTRODUÇÃO

O eletrocardiograma (ECG) é a ferramenta mais importante e consolidada da prática diária clínica para avaliação cardiológica, sendo a identificação precisa de suas ondas e intervalos fundamental para o suporte à tomada de decisões clínicas. A segmentação desses sinais pode ser realizada de tanto de forma manual por especialistas, quanto automatizada. Para a primeira, temos um processo que, embora preciso, demanda tempo considerável e apresenta limitações de escala para atender às necessidades de grandes redes de saúde. Por outro lado, embora os métodos automatizados tenham apresentado avanços significativos nos últimos anos, sua aplicação em cenários clínicos reais ainda enfrenta limitações importantes. Grande parte dos modelos disponíveis foi desenvolvida e validada utilizando bases de dados que não representam adequadamente a realidade dos sistemas públicos de saúde brasileira. Além disso, a elevada heterogeneidade da população brasileira, aliada à ampla diversidade de alterações cardíacas observadas na prática clínica, dificulta a generalização desses modelos, comprometendo sua robustez e desempenho quando

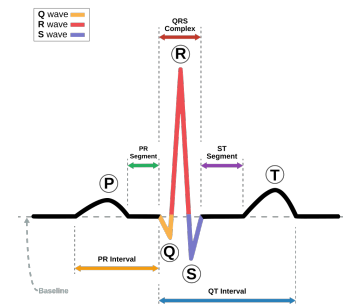


Fig. 1. Example segmentation

aplicados em dados provenientes do Sistema Único de Saúde (SUS).

Logo, a automação desse processo com modelos implementados e validados com dados que representem a realidade clínica do Brasil torna-se uma estratégia eficaz para otimizar o fluxo de trabalho em serviços de larga escala, como os sistemas de telemedicina. Para enfrentar esses desafios, este trabalho apresenta uma abordagem de segmentação automática de sinais de eletrocardiograma utilizando janelas adaptativas e aprendizado profundo. A metodologia proposta emprega uma rede neural profunda para detectar batimentos cardíacos e extrair janelas que isolam os componentes cardíacos, facilitando uma análise direcionada. Posteriormente, essas janelas são processadas por uma arquitetura especializada, responsável pela classificação ponto a ponto das ondas cardíacas.

O objetivo deste estudo é contribuir para a agilidade e precisão diagnóstica no cenário clínico nacional, utilizando dados provenientes da realidade do Hospital das Clínicas de Belo Horizonte. Ao validar o modelo contra anotações manuais de especialistas, busca-se demonstrar a robustez do algoritmo e seu potencial para integração em sistemas de telessaúde e diagnóstico cardiovascular, visando a melhoria do atendimento aos pacientes.

II. O PROBLEMA

A segmentação precisa dos componentes do ECG enfrenta diversos desafios práticos, tais como:

- Presença de ruídos e artefatos nos sinais;
- Variabilidade entre pacientes (morfologia, frequência, amplitude);
- Detecção de anomalias sutis que não seguem o padrão normal;
- Requisitos de processamento em tempo real para aplicações clínicas.

Métodos tradicionais, como derivadas e limiares fixos, tendem a falhar quando os sinais estão distorcidos ou apresentam morfologias incomuns. Por isso, abordagens mais robustas, baseadas em aprendizado de máquina, vêm ganhando destaque.

III. TRABALHOS RELACIONADOS

O processamento automático de sinais de eletrocardiograma (ECG) tem sido amplamente investigado para viabilizar o diagnóstico em tempo real e mitigar a sobrecarga de especialistas. A literatura recente divide os esforços principalmente em três etapas críticas do fluxo de análise: a avaliação da qualidade do sinal, a segmentação de batimentos e a delimitação detalhada das ondas cardíacas.

Na primeira etapa do fluxo, a identificação de ruídos é fundamental para evitar diagnósticos incorretos e custos operacionais. Para mitigar esse problema em cenários reais de telemedicina, de Moraes et al. [?] propuseram o algoritmo NACA (*Noise Automatic Classification Algorithm*). Desenvolvido a partir dos dados da Rede de Teleassistência de Minas Gerais (RTMG), o NACA estima a razão sinal-ruído (SNR) para cada uma das 12 derivações utilizando um modelo de batimento cardíaco como referência. Através de regras de decisão de inspiração clínica, o algoritmo classifica o exame como aceitável ou inaceitável. Quando validado em uma base de dados realística (34 310 ECGs), o modelo demonstrou superioridade expressiva em sensibilidade e valor preditivo positivo em comparação com algoritmos tradicionais da literatura, traduzindo-se em uma redução direta de custos de transporte e repetição de exames.

Uma vez garantida a qualidade do sinal, a etapa subsequente consiste no isolamento dos ciclos cardíacos. Niroshana et al. [?] abordaram esse desafio ao propor uma técnica de segmentação batimento a batimento baseada em Redes Neurais Convecionais (CNN) combinada com um algoritmo de janelamento adaptativo. O método proposto ajusta dinamicamente as janelas temporais para reconhecer eventos e limites dos ciclos cardíacos, mostrando-se robusto tanto para ritmos regulares quanto irregulares. Avaliado nas bases de dados MIT-BIH, *European S-T* e *Fantasia*, o modelo alcançou acurácia e métricas de F1-score superiores a 98%, mitigando de forma eficiente a propagação de erros de segmentação para os classificadores de patologias posteriores.

Por fim, a análise morfológica fina exige a identificação exata dos pontos de início e fim das componentes do

sinal. Com esse propósito, Liang et al. [?] desenvolveram o *ECG_SegNet*, um modelo de delimitação baseado em uma estrutura codificador-decodificador (*encoder-decoder*). O modelo integra um Módulo de Convolução Dilatada Padrão (SDCM) e camadas de memória de longo prazo bidirecional (BiLSTM) no codificador para extrair características morfológicas e temporais profundas. O decodificador realiza uma decodificação multiescala para restaurar as informações perdidas em processos de subamostragem. Capaz de classificar o sinal em quatro categorias principais (ondas P, complexos QRS, ondas T e ausência de onda), o *ECG_SegNet* obteve F1-scores de 99,58% na base QT e 97,05% na base LU, superando abordagens clássicas baseadas em processamento digital de sinais que tipicamente falham sob condições de ruído elevado.

Em conjunto, estes trabalhos ilustram a evolução dos sistemas de triagem e análise de ECG: enquanto abordagens como o NACA purificam a entrada dos dados em sistemas de telessaúde, arquiteturas profundas como as de Niroshana et al. e o *ECG_SegNet* garantem a precisão na divisão e identificação detalhada das ondas para fins diagnósticos.

IV. CONTRIBUIÇÃO

Em termos metodológicos, a principal contribuição deste trabalho reside na estruturação e validação de uma abordagem fim a fim (*end-to-end*) aplicada ao sinal eletrocardiográfico. O desenvolvimento do projeto é conduzido por meio de um fluxo sequencial e interdependente, composto pelo seguinte pipeline: coleta de dados, pré-processamento, modelo de janelamento, modelo de segmentação e análise de resultados.

Esta abordagem passo a passo não apenas sistematiza o processo de desenvolvimento, mas também garante que cada etapa contribua diretamente para a robustez final da segmentação em cenários de alta variabilidade clínica.

A. Coleta e Preparação de Dados

Origem e Ética: Os dados foram extraídos do sistema do Sistema Único de Saúde (SUS) por meio de uma parceria com o Hospital das Clínicas da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG). O estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa (CEP) sob o protocolo n.º 68496317.7.0000.5149, garantindo a total conformidade com os aspectos éticos e regulatórios para o uso de dados sensíveis.

Especificações Técnicas: O conjunto de dados (*dataset*) consiste em sinais de eletrocardiograma (ECG) de 4 derivações, com registros de 10 segundos de duração, frequência de amostragem ≤ 300 Hz e resolução ≤ 12 bits.

Composição da Base: A base é composta por 504 registros anotados manualmente por especialistas. O *dataset* abrange 30 classes, incluindo exames normais e 29 anormalidades cardíacas, tais como: Fibrilação Atrial (AF), Bloqueio Atrioventricular de 1.º grau (BAV1), Sobrecarga Atrial Esquerda e Extrassístoles Ventriculares.

Metodologia de Anotação: As marcações foram realizadas em quatro derivações estratégicas: I, aVF, V2 e II. Estas foram escolhidas devido à ortogonalidade das três primeiras e à grande relevância clínica da derivação II.

Divisão do Dataset: O particionamento dos dados foi realizado de forma aleatória e balanceada, adotando-se a proporção de 70% para treinamento, 15% para validação e 15% para teste.

Aplicação Prática: O projeto visa ao desenvolvimento de algoritmos supervisionados para integração à infraestrutura do programa Telessaúde BH. O objetivo principal é oferecer suporte à triagem automática e ao diagnóstico remoto, aumentando a eficiência do atendimento em regiões com acesso limitado a médicos especialistas.

B. Pré-processamento

O módulo de pré-processamento foi desenvolvido para aplicar:

- Filtro passa-baixa para remoção de ruído de alta frequência;
- Filtro de correção de linha de base;
- Normalização de amplitude;

C. Arquiteturas de Modelos

O núcleo computacional da solução proposta é estruturado em dois módulos principais e interdependentes: o modelo de janelamento, baseado em Redes Neurais Convolucionais (CNN), e o modelo de segmentação morfológica, fundamentado na arquitetura SegNet. Cada módulo demanda estratégias específicas de preparação dos sinais biológicos para otimizar as etapas de aprendizado profundo.

1) *Modelo de Janelamento:* Para a detecção de batimentos e extração de janelas adaptativas, empregou-se uma arquitetura de Rede Neural Convolucional simplificada. Este modelo foi projetado com poucas camadas convolucionais seguidas por camadas de agrupamento (*pooling*) e densas, visando uma operação computacional leve e de baixa latência para a localização dos complexos cardíacos.

2) *Modelo de Janelamento:* Para a detecção de batimentos e extração de janelas adaptativas, empregou-se uma Rede Neural Convolucional (CNN) unidimensional desenvolvida especificamente para classificação binária entre segmentos contendo e não contendo um batimento cardíaco. A arquitetura foi projetada priorizando baixa complexidade computacional, reduzido tempo de inferência e boa capacidade de generalização.

A arquitetura é composta por três blocos convolucionais sequenciais. Cada bloco contém uma camada Conv1D seguida por uma função de ativação ReLU e uma camada MaxPooling1D. As camadas convolucionais utilizam, respectivamente, 32, 64 e 128 filtros, todos com tamanho de kernel igual a 5 e stride igual a 1. O MaxPooling utiliza janela de tamanho 2, reduzindo progressivamente a dimensionalidade dos mapas de características.

Após a etapa convolucional, os mapas de ativação são achatados (*Flatten*) e encaminhados para duas camadas totalmente conectadas (*Fully Connected*), contendo 128 e 64 neurônios, respectivamente. Entre as camadas densas foi aplicada regularização do tipo Dropout com taxa de 0,5, visando reduzir o risco de sobreajuste durante o treinamento.

A camada de saída possui um único neurônio com função de ativação Sigmoid, produzindo uma probabilidade associada à presença de um batimento cardíaco na janela analisada.

O treinamento foi realizado utilizando o otimizador Adam, com taxa de aprendizado inicial de 10^{-3} , função de perda Binary Cross-Entropy (BCE), tamanho de lote (batch size) de 32 amostras e 100 épocas. O modelo foi implementado utilizando a biblioteca TensorFlow/Keras em linguagem Python.

O pré-processamento dos dados e a lógica operacional deste módulo baseiam-se em uma estratégia de dimensionamento dinâmico e varredura iterativa, estruturada em duas fases distintas:

- 1) **Fase de Treinamento e Definição do Alvo:** Durante a preparação dos dados para o treinamento, definiu-se um tamanho padrão de janela capaz de abranger todas as ondas fundamentais do complexo eletrocardiográfico (P, QRS e T). A presença desse segmento ideal foi utilizada como a anotação de verdade fundamental (*ground truth*) para determinar se uma janela extraída consistia em uma classe positiva (segmento válido) ou negativa (segmento inválido) perante o modelo.
- 2) **Fase de Inferência e Varredura Decrescente:** No momento da inferência sobre o sinal contínuo, o algoritmo inicia a busca a partir do maior tamanho de janela clinicamente admissível. A partir deste ponto inicial, o tamanho da janela é reduzido de forma iterativa e decrescente até que o modelo classifique o segmento atual como um batimento válido. Assim que o batimento é detectado e devidamente isolado por esse refinamento, o algoritmo realiza um deslocamento (*shift*) para a direita ao longo do eixo temporal do sinal. Nesse novo ponto, o tamanho da janela é redefinido para o valor máximo e o processo de redução iterativa é reiniciado sequencialmente para a identificação do próximo complexo cardíaco.

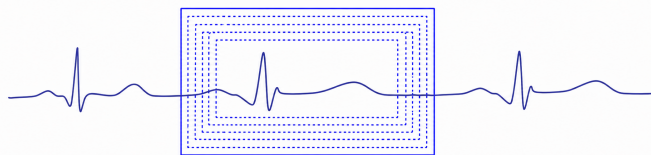


Fig. 2. Ilustração da diminuição da janela

Esta lógica de processamento permite que o algoritmo mitigue a ocorrência de falsos positivos induzidos por ruídos e flutuações da linha de base, garantindo que o isolamento de cada batimento seja feito de forma adaptativa e precisa antes do envio dos dados para a etapa de segmentação profunda.

A segmentação morfológica detalhada das ondas cardíacas (P, QRS e T) foi realizada por meio de uma adaptação da arquitetura SegNet. Originalmente desenvolvida para a segmentação semântica em visão computacional, a SegNet foi

transposta neste trabalho para o domínio unidimensional (1D) dos sinais de ECG.

A rede opera sob uma estrutura do tipo codificador-decodificador (*encoder-decoder*). O bloco codificador é responsável por extrair mapas de características de alta abstração através de camadas convolucionais e de subamostragem (*max-pooling*). Em contrapartida, o decodificador utiliza os índices de mapeamento armazenados pelo codificador para restaurar a resolução original do sinal, realizando uma classificação densa ponto a ponto para delimitar precisamente cada componente morfológico da onda.

Visto que a *SegNet* exige a preservação rigorosa da amplitude e da sincronia temporal para mapear os limites exatos das deflexões cardíacas, o pré-processamento associado a este modelo foi estruturado nas seguintes etapas sequenciais:

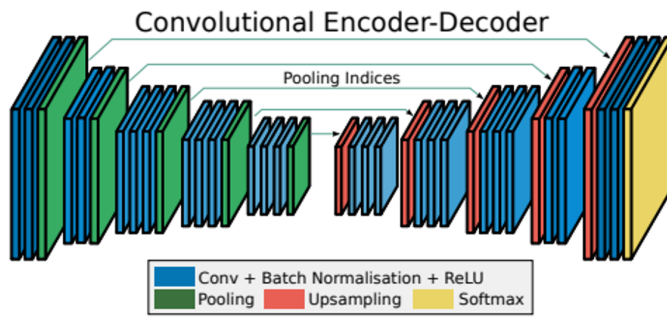


Fig. 3. Arquitetura Segnet

- 1) **Janelamento e Alinhamento Dinâmico:** Utilizando a janela ideal e os marcadores de validação gerados estritamente pela etapa anterior (CNN de Janelamento), o sinal contínuo de ECG foi segmentado em blocos isolados, garantindo que cada batimento cardíaco válido fosse perfeitamente centralizado e isolado de artefatos adjacentes.
- 2) **Interpolação Temporal e Ajuste de Vetores:** Visando atender ao requisito técnico mandatório de tamanho fixo na camada de entrada da *SegNet*, as janelas extraídas na etapa anterior foram submetidas a processos de redimensionamento por interpolação linear ou preenchimento com zeros (*zero-padding*). Esse procedimento padroniza o comprimento de todas as amostras em um vetor de dimensão constante, sem distorcer a morfologia do sinal original.

V. RESULTADOS

Nesta seção, são apresentados os resultados quantitativos obtidos na validação das duas etapas fundamentais do pipeline proposto: o janelamento adaptativo e a segmentação morfológica das ondas do ECG.

1) *Avaliação do Modelo de Janelamento:* O desempenho da Rede Neural Convolucional (CNN) simplificada no isolamento e validação dos complexos cardíacos foi aferido a partir da matriz de confusão obtida no conjunto de teste. O modelo demonstrou alta capacidade discriminativa na identificação

de batimentos válidos e na rejeição de segmentos espúrios, conforme sintetizado na Tabela I.

TABLE I
MATRIZ DE CONFUSÃO PARA A CLASSIFICAÇÃO E VALIDAÇÃO DO MODELO DE JANELAMENTO.

	Predição: <i>Invalid Beat</i>	Predição: <i>Valid Beat</i>
Real: <i>Invalid Beat</i>	16.774	18
Real: <i>Valid Beat</i>	231	2.445

A partir dos dados obtidos, observa-se que o modelo obteve uma taxa extremamente baixa de falsos positivos (apenas 18 ocorrências), o que é crítico para evitar que trechos puramente ruidosos sejam enviados erroneamente ao módulo de segmentação. O número reduzido de falsos negativos (231 casos) frente ao volume total de dados corrobora a robustez do algoritmo de varredura decrescente em manter a sensibilidade diagnóstica do pipeline.

2) *Avaliação do Modelo de Segmentação (SegNet):* O modelo adaptado SegNet alcançou uma performance consistente ao classificar ponto a ponto as estruturas do sinal eletrocardiográfico. A avaliação global obteve uma Acurácia Global de 98,87%, indicando alta precisão macroscópica na delimitação temporal. As métricas ponderadas agregadas (*weighted*) registraram precisão de 0,9890, sensibilidade (*recall*) de 0,9887 e F1-Score de 0,9888.

A análise detalhada por classe morfológica (Tabela II) evidencia que a rede manteve métricas balanceadas mesmo para as estruturas mais desafiadoras, como as ondas P e T, que frequentemente apresentam menor amplitude e maior suscetibilidade a ruídos em relação ao complexo QRS.

TABLE II
MÉTRICAS DE DESEMPENHO DETALHADAS POR CLASSE MORFOLÓGICA OBTIDAS NA SEGMENTAÇÃO.

Classe	Precisão (<i>Precision</i>)	Sensibilidade (<i>Recall</i>)	F1-Score
<i>Background</i>	0,9966	0,9905	0,9935
QRS	0,9175	0,9692	0,9426
T	0,9485	0,9826	0,9652
P	0,9506	0,9770	0,9636

Para validar clinicamente o erro de medição do modelo automático em relação às anotações dos especialistas médicos, foram computadas as correlações de Pearson e conduzidas as análises de concordância de Bland-Altman para a mediana da duração das ondas:

- **Onda T:** Registrou-se uma forte correlação linear positiva de Pearson de $r = 0,954$. O gráfico de Bland-Altman indicou uma diferença média (*bias*) de apenas 4,9 ms, com limites de concordância ($\pm 1,96$ DP) situados entre -8,6 ms e 18,5 ms.
- **Onda P:** Apresentou coeficiente de Pearson de $r = 0,936$. A análise de Bland-Altman revelou um erro sistemático mínimo, com média das diferenças igual a 1,4 ms e limites de concordância estabelecidos entre -7,9 ms e 10,6 ms.

- **Complexo QRS:** Demonstrou alta estabilidade posicional com uma diferença média de 5,7 ms dentro dos limites de concordância de $-4,4$ ms e $15,9$ ms.

A distribuição concêntrica e homogênea dos pontos em torno das médias das diferenças confirma que o modelo SegNet não possui vieses de superestimação ou subestimação sistemática baseados na escala temporal do exame. O erro médio residual restringe-se a poucos milissegundos, patamar perfeitamente aceitável dentro dos limiares de tolerância clínica para sistemas de triagem remota e diagnóstico automático.

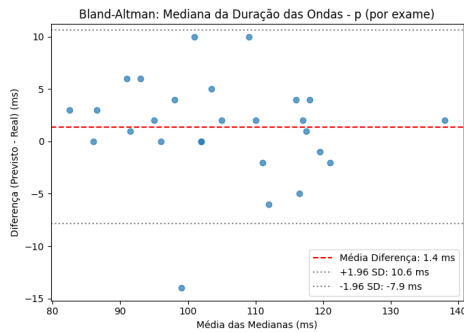


Fig. 4. Bland Altman onda P

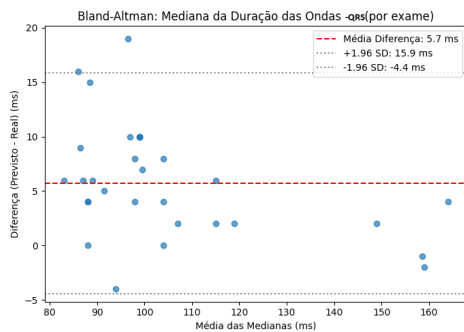


Fig. 5. Bland Altman complexo QRS

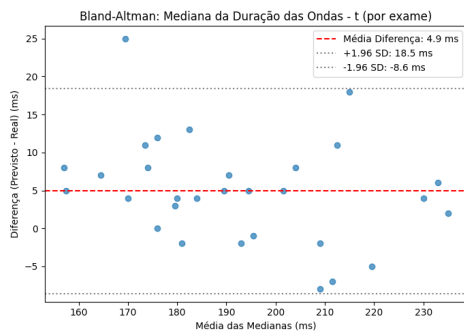


Fig. 6. Bland Altman onda T

VI. CONCLUSÃO

Este trabalho apresentou um pipeline completo e automatizado para o processamento, localização e segmentação

morfológica de sinais de eletrocardiograma (ECG) de 12 derivações, utilizando uma abordagem baseada em aprendizado profundo. A metodologia proposta mostrou-se altamente eficaz ao lidar com os desafios inerentes aos dados biológicos, como a alta variabilidade anatômica e a presença frequente de artefatos de ruído em exames reais obtidos do Sistema Único de Saúde (SUS).

A estratégia de varredura decrescente e dinâmica adotada no módulo de janelamento (CNN simplificada) provou ser um elemento crucial de robustez. Ao atingir um índice marginal de apenas 18 falsos positivos frente a mais de 16.000 segmentos avaliados, o modelo garantiu que apenas complexos cardíacos legítimos e limpos fossem submetidos à etapa subsequente. No módulo de segmentação, a transposição da arquitetura SegNet para o domínio unidimensional (1D) alcançou uma acurácia global de 98,87%, delimitando com precisão milimétrica as ondas P, QRS e T.

A validação estatística por meio dos coeficientes de Pearson ($r > 0,93$ para todas as ondas) e a estreita concordância nas análises de Bland-Altman confirmaram que o sistema automático preserva a fidelidade clínica das medições temporais em milissegundos, equiparando-se ao padrão-ouro das anotações manuais dos especialistas médicos. Diante disso, conclui-se que a solução proposta é viável e cumpre os requisitos necessários para integração a plataformas de saúde digital, como a infraestrutura do Telessaúde BH, atuando como uma ferramenta confiável de triagem remota e diagnóstico assistido.

AGRADECIMENTOS

Agradeço ao meu orientador Wagner Meira Jr. e à coorientadora Jermana Lopes, pela orientação e suporte técnico durante o desenvolvimento deste projeto.

REFERENCES

- [1] J. L. de Moraes et al., "A novel algorithm to assess the quality of 12-lead ECG recordings: validation in a real telecardiology application," *Physiological Measurement*, vol. 44, no. 3, p. 035006, 2023.
- [2] S. M. I. Niroshana, S. Kuroda, K. Tanaka, and W. Chen, "Beat-wise segmentation of electrocardiogram using adaptive windowing and deep neural network," *Scientific Reports*, vol. 13, no. 11039, 2023.
- [3] X. Liang et al., "ECG_SegNet: An ECG delineation model based on the encoder-decoder structure," *Computers in Biology and Medicine*, vol. 145, p. 105445, 2022.
- [4] C. Joung et al., "Deep Learning Based ECG Segmentation for Delineation of Diverse Arrhythmias," *arXiv preprint arXiv:2304.06237*, 2023.
- [5] A. N. Londhe and M. Atulkar, "Semantic segmentation of ECG waves using hybrid channel-mix convolutional and bidirectional LSTM," *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 63, 2021.
- [6] S. M. I. Niroshana, S. Kuroda, K. Tanaka, and W. Chen, "Beat-wise segmentation of electrocardiogram using adaptive windowing and deep neural network," *Scientific Reports*, vol. 13, no. 11039, 2023.
- [7] S. Gharghabi et al., "Matrix Profile VIII: Domain Agnostic Online Semantic Segmentation at Superhuman Performance Levels," in *Proc. IEEE Int. Conf. on Data Mining (ICDM)*, 2018.
- [8] D. Melo et al., "A Semantic Segmentation-based Digitization of ECG Papers," in *Computing in Cardiology*, vol. 50, 2023, pp. 1–4. DOI: 10.22489/CinC.2023.319.