

Relatório final de Iniciação Científica

Processo 2023/03069-3

De 01/04/2023 a 31/03/2024

Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo

Séries Temporais em Aplicações de mHealth:  
Definição de Tarefas e Coleta de Dados

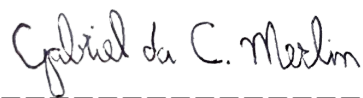
**Orientador:** Diego Furtado Silva

**Candidato:** Gabriel da Costa Merlin

Julho/2024



-----  
Orientador(a)



-----  
Orientando(a)

## Resumo

O monitoramento de sinais fisiológicos, sinais vitais e outros parâmetros que podem ser coletados ao longo do tempo são essenciais em diversas tarefas da área da Saúde, como a estimação de frequência cardíaca e a identificação de batimentos cardíacos anômalos. Essas séries temporais, no entanto, são obtidas por equipamentos muito caros e usualmente não portáteis. Por outro lado, com a melhoria e miniaturização de sensores capazes de transmitir vários tipos de dados, dispositivos móveis e vestíveis têm se mostrado cada vez mais como opções para dar suporte a decisões médicas. *Smartphones* e *smartwatches* possuem sensores cada vez mais precisos e diversos, fazendo com que a Organização Mundial da Saúde considere que a chamada *mobile health* (mHealth) pode representar uma revolução no modo como populações interagem com sistemas públicos de saúde. No entanto, há diversos desafios científicos e tecnológicos que precisam ser superados para que aplicações de mHealth sejam viáveis, na prática. Dentre esses desafios, encontram-se a necessidade de métodos de baixo custo, a heterogeneidade e multimodalidade dos dados, além da dificuldade de se obter dados anotados. Nesse cenário, este projeto propõe a investigação do uso de Aprendizado de Máquina para séries temporais em aplicações de mHealth. Ao final desta pesquisa, pretendemos configurar um novo estado-da-arte para essas aplicações e ainda disponibilizar os modelos gerados para isso, junto a todos os outros recursos que possam ser necessários para o avanço da pesquisa na mesma linha de concentração.

# 1 Introdução

Com o desenvolvimento de novas tecnologias como veículos autônomos, cidades inteligentes e a Internet das Coisas, sensores móveis se tornaram cada vez mais baratos, precisos, pequenos e eficientes em uso de bateria e capacidade de processamento. Além disso, o barateamento de meios de armazenamento e o surgimento de algoritmos capazes de processar grandes volumes de dados permite, cada vez mais, a coleta de dados medidos ao longo do tempo em variados domínios do conhecimento, como saúde, economia e monitoramento ambiental. Como resultado, aplicações que coletam grandes volumes de dados temporais usando sensores surgem em diferentes domínios do conhecimento [1, 2, 3].

Especialmente, a área da Saúde conta com variadas formas de obtenção de dados temporais, bem como diferentes aplicações. Por exemplo, sinais relativos à atividade cardiorrespiratória podem auxiliar na prevenção de ataques cardíacos [4] e sinais de unidades de medida inercial, como acelerômetros, pode auxiliar na identificação de doenças como o mal de Parkinson [5].

Dentre as fontes de dados temporais, é possível citar equipamentos para registro de sinais fisiológicos, como oxímetros e eletrocardiógrafos. Porém, essa categoria de equipamento, além de demandar conhecimento especializado para sua utilização, pode ser muito custoso, restringindo-se apenas a ambientes hospitalares. A Figura 1 ilustra um fotopletismógrafo de dedo e um gráfico da variação de luz coletada por ele ao longo do tempo.

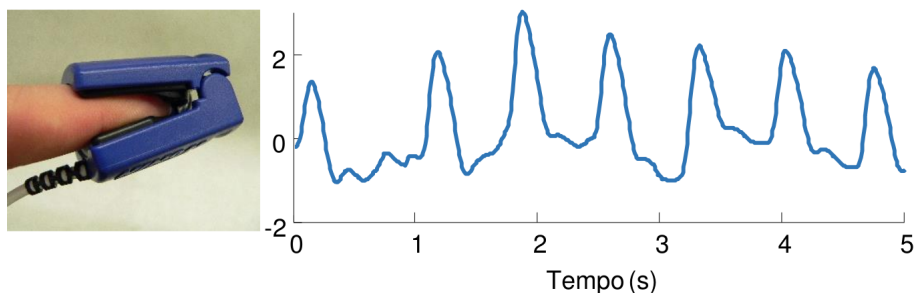


Figura 1: Um oxímetro de dedo (esquerda) e uma série temporal de fotopletismografia de 5 segundos obtida com esse aparelho (direita). Adaptado de [6].

Em contrapartida, percebe-se em novos produtos e na literatura relacionada haver um crescente interesse no desenvolvimento de novas tecnologias e aprimoramento da comunicação na medicina. Além da comunidade estar mais atenta ao fato que muitas pessoas moram em áreas vulneráveis ou remotas, tendo dificuldade de acesso a diversos

serviços de saúde, a pandemia de COVID-19 estimulou o crescimento do uso da telemedicina e de ferramentas para monitoramento de sinais vitais não invasivas de acesso facilitado. Nesse contexto, encontram-se as ferramentas de *mobile health* (mHealth). A Organização Mundial da Saúde (OMS) definiu mHealth como “prática médica e de saúde pública suportada por dispositivos móveis, como telefones celulares, dispositivos de monitoramento de pacientes, assistentes digitais pessoais e outros dispositivos sem fio” (tradução nossa) [7].

Por outro lado, a OMS também aponta diversos desafios para que essa revolução possa acontecer. Além de desafios de política pública, como propostas de padronização de tecnologias de mHealth e acesso à informação, o relatório aponta lacunas de cunho técnico. Por exemplo, cita a falta de ferramentas para avaliar e comparar soluções, a multiplicidade de projetos pilotos sem plano de utilização prática e a falta de conexão entre as soluções.

Esse balanço entre potencial e dificuldades técnicas de tecnologias mHealth é compartilhado por recentes revisões da literatura [8, 9, 10]. Ao mesmo tempo que os trabalhos destacam que mHealth pode colaborar no processo de tomada de decisão clínica, ser utilizada para automonitoramento de saúde, detecção de determinados sintomas, entre outros, a tecnologia ainda se encontra em estado pouco avançado. Como conclusão, esses trabalhos apontam que há pouquíssimos cenários clínicos em que a literatura demonstrou que mHealth já poderia ser utilizada na prática.

Neste contexto, o objetivo deste trabalho é ampliar o potencial de aplicações de mHealth por meio de Aprendizado de Máquina para séries temporais. Especificamente, este trabalho visa a coleta de dados utilizando dispositivos móveis, além de verificar a robustez de técnicas de Aprendizado de Máquinas para lidar com essas séries temporais com o objetivo de aproximar aplicações de mHealth da aplicação na prática. As tarefas principais abordadas foram as de, possuindo resultados de exames clínicos de uma pessoa e suas séries temporais de fotopletismografia coletada com dispositivos móveis, regressão, para estimar o valor de alguns exames, como glicemia, ou classificação, como classificar o paciente como dentro ou fora da normalidade nesses mesmos testes.

Este relatório está organizado da seguinte maneira: na Seção 2 são apresentadas todas as atividades desenvolvidas no período a que se refere este relatório, apresentando os estudos realizados, métodos e resultados; e na Seção 2.6 informamos sobre os dados que foram coletados.

## 2 Realizações do período

Durante o período de vigência do projeto, as realizações se concentram na coleta de dados, pré-processamento desses para a aplicação de modelos de aprendizado de máquina, além da automatização de todo esse processo. Desta forma, esta Seção está dividida de modo que a Subseção 2.1 discorre sobre a programação do aplicativo móvel feito para facilitar a coleta; a Subseção 2.2 apresenta a atividade de coleta desenvolvida; a Subseção 2.3 aborda como todo o processo de coleta e processamento dos dados foi automatizado; a Subseção 2.4 detalha a etapa de pré-processamento desses dados; e a Subseção 2.5 pontua as diferenças de desempenho entre os métodos de aprendizado de máquina utilizados nas tarefas de regressão.

### 2.1 Construção do aplicativo móvel

Como o objetivo do projeto é o de utilizar a *mHealth*, decidiu-se usar *smartphones* para a coleta de dados. O processo resume-se a obter um vídeo da ponta do dedo do paciente, uma foto de sua conjuntiva palpebral e uma foto da guia do exame (onde há o acesso aos resultados dos testes feitos), algo muito simples, mas que durante testes iniciais apresentou dificuldade para se padronizar os dados finais. Devido a isso, um aplicativo móvel para sistemas *Android* foi construído utilizando-se o *framework Flutter*<sup>1</sup>, o qual auxiliou na coleta de dados ao padronizar algumas características dos dados.

A primeira e mais importante foi a organização dos arquivos, que, antes tinham nomes aleatórios, e passaram a seguir uma norma. Todas as informações obtidas ficam dentro da mesma pasta "mHealth\_ic\_app", a qual possui uma pasta para cada pessoa, que contém sua conjuntiva (exibida na Figura 2), a guia (apresentada na Figura 3) e o vídeo gravado. O nome da pasta do paciente segue a regra de ser no formato "CB-D-S". Sendo C a inicial da cor do paciente (branco, negro ou pardo), B a inicial do sexo biológico (masculino ou feminino), D a data da coleta (ano, mês e dia) e S os segundos e milissegundos do salvamento dos dados. Um exemplo real de uma paciente mulher branca é BF-2023\_07\_07-07\_51\_36.

Além disso, o aplicativo auxilia na padronização dos vídeos, já que a captura é feita apenas por 30 segundos, o que facilita ao coletor, pois esse não precisa se preocupar com a duração vídeo, e também a quem fará o pré-processamento, que não terá que arrumar o tamanho das séries temporais, já que são todas de comprimentos iguais.

---

<sup>1</sup><https://flutter.dev/> - Acessada em 09/06/2024

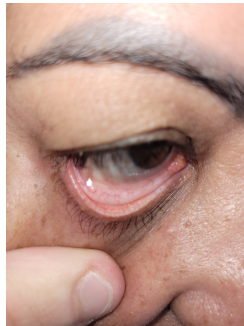


Figura 2: Exemplo de foto do olho de um paciente, exibindo a conjuntiva palpebral

**maricondi**  
excelência em diagnóstico

telefone: 16 2107-0123 - Whatsapp: 16 2107-0123  
CNPJ: 45.352.324/0001-08 - CREMESP: 05.087  
CEVS: 354899922-864-000001-1-6 - CNES: 2057236

**PROTOCOLO PARA RETIRADA DE RESULTADOS**

Cliente:  Pedido: 10643764 Clínica: SUS  
Idade: 73a Sexo: M Data: 02/06/2023 Origem: SUS CEMF  
Convênio: SUS Cadastrado por:   
Médico:

**Acesse seus resultados:**

<https://pacientes.labmaricondi.com.br>  
USUÁRIO: 1192  
SENHA: 88  
PREVISÃO RETIRADA:  
05/06/2023  
A partir das 13h

**Pesquisa de satisfação:**

Avalie nosso processo!  
Sua opinião é muito importante!

**Horário de Funcionamento:**

Segunda à sexta: - Atendimento: das 6:30 às 11 horas e das 13 às 15 horas  
- Coleta: das 6:30 às 10:30 horas e das 13 às 14:30 horas  
- Entrega de resultado: das 13 às 15 horas

Sábado: - Atendimento: das 6:30 às 10:30 horas  
- Coleta: das 6:30 às 10 horas

**RESULTADOS PARCIAIS PODERÃO ESTAR DISPONÍVEIS NO SITE A PARTIR DA DATA DA COLETA**  
Alguns exames podem ser realizados em laboratórios parceiros.  
Para validação do exame em inglês, CORONAVIRUS (2019-NCOV) PCR-RT, guarde esse protocolo para consulta do usuário e senha.  
Para validação do exame em inglês, CORONAVIRUS (2019-NCOV) PCR-RT, guarde esse protocolo para consulta do usuário e senha.

Figura 3: Protocolo (anonimizado) de retirada de exames de sangue obtido na UBS Vila Isabel

O aplicativo, cuja captura de tela é mostrada na Figura 4, possui uma interface simples e é manipulado pela equipe desta pesquisa.

## 2.2 Coleta de dados

A partir do momento em que um aplicativo que facilita a organização dos dados foi construído, a coleta de dados começou efetivamente. Ela só foi possível devido ao auxílio do laboratório Maricondi<sup>2</sup>, o qual presta serviços laboratoriais para o Sistema Único de Saúde (SUS) em São Carlos. Todas as coletas foram feitas na Unidade Básica de Saúde (UBS) Vila Isabel, na mesma cidade. Nessa UBS, o laboratório Maricondi possui um espaço com sala de espera, duas cadeiras para coleta, sala separada para coleta em casos especiais (como crianças e pessoas com deficiência), além de espaços administrativos. Com o auxílio do laboratório Maricondi, realizamos a coleta de 58 pacientes e tivemos acesso aos resultados de seus exames laboratoriais, tais como nível de hemoglobina e glicose no sangue de cada um.

<sup>2</sup><https://www.labmaricondi.com.br/> - Acessada em 09/06/2024

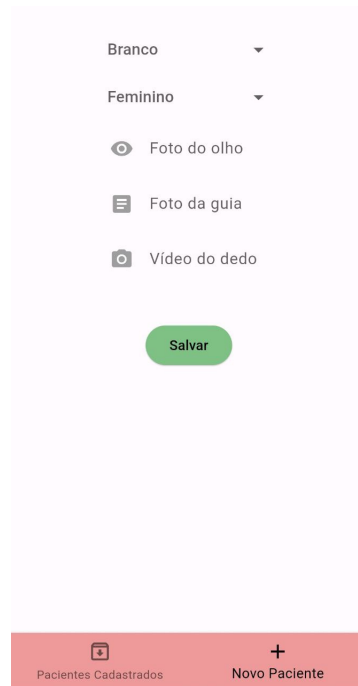


Figura 4: Captura de tela do aplicativo feito para o projeto.

Apesar disso, o atual desenvolvimento desta tarefa está em ritmo desacelerado. Em agosto de 2023, nossa equipe foi surpreendida com a notícia de que a UBS Vila Isabel seria fechada para reformas<sup>3</sup>. Isso atrasou o processo e foi necessário encontrar outra UBS e nos familiarizarmos com os procedimentos. O novo local escolhido foi a UBS Dr. Viriato Fernandes Nunes (UBS Fagá), que possui procedimentos muito diferentes dos que a equipe já estava acostumada na UBS Vila Isabel, por isso foi necessário um tempo de adaptação. Nesse período, a UBS Vila Isabel teve suas reformas concluídas<sup>4</sup>. No entanto, diferentemente do que sabíamos, a UBS Vila Isabel voltou, mas sem a parceria com o laboratório Maricondi, o que afetou a possibilidade de coleta pela nossa equipe no local. No momento, após termos entrado em contato com diversas UBS da cidade de São Carlos, estamos aguardando a resposta afirmativa de alguma para retomarmos a coleta com novos procedimentos de obtenção dos exames.

## 2.3 Automatização do processo

Após a realização da primeira coleta, percebeu-se que diversas ações deveriam ser tomadas a fim de se alcançar o objetivo planejado. Desejava-se obter, ao final de cada

<sup>3</sup><https://saocarlosemrede.com.br/ubs-vila-isabel/> - Acessada em 09/06/2024

<sup>4</sup><https://saocarlosemrede.com.br/ubs-5/> - Acessada em 09/06/2024

dia de coleta, um arquivo CSV contendo as três séries temporais (obtidas dos canais vermelho, verde e azul do vídeo gravado) de cada paciente, além dos resultados dos exames feitos por cada um. No entanto, cada seção de coleta gerava apenas fotos da conjuntiva palpebral, da guia de acesso aos resultados dos exames e o vídeo gravado do dedo do paciente, conforme citado no Seção 2.1. Ou seja, para transformar os dados obtidos naqueles que eram desejados, algumas ações deveriam ser tomadas, tais como: obtenção das séries temporais a partir do vídeo, acesso remoto aos exames e a organização de todos esses dados num único arquivo CSV. Todas essas ações, por tomarem muito tempo caso fossem feitas manualmente, foram automatizadas por meio de *scripts*.

Nesse cenário, foi usado um sistema de OCR (do inglês, *optical character recognition*) capaz de identificar sexo, idade, usuário e senha de cada paciente a partir de fotos das fichas de protocolo de retirada de exames, como a mostrada na Figura 3, com dados oclusos por questões de anonimização. Com essas informações, foi construído um *script* capaz de resgatar os resultados dos exames realizados (arquivo PDF) da plataforma do laboratório Maricondi e armazená-los num serviço de nuvem a fim de ser acessado posteriormente e associado ao dado coletado.

Agora, possuindo os resultados dos exames, um outro *script* poderá ser executado. Este lê o arquivo PDF com os resultados dos exames do paciente e atualiza um arquivo CSV contendo os resultados coletados anteriormente de outras pessoas, sendo possível adicionar novos tipos de exames ou até deixar alguns sem valor para a nova pessoa, tudo dependendo de quais exames foram realizados por ela.

Por fim, o último código de automatização poderá ser executado. Ele acessa o serviço em nuvem nos quais os vídeos dos dedos dos pacientes estão armazenados, os baixam e, para cada um, extrai a média dos valores dos *pixels* de cada frame, gerando uma série temporal de três dimensões, já que para cada canal do vídeo (vermelho, verde e azul) obtemos uma série, com 900 observações cada, pois o vídeo foi gravado à 30 *frames* por segundo (FPS) e possui 30 segundos. Além disso, esse *script* junta esses dados temporais de cada paciente com os resultados dos exames correspondentes, criando assim um único arquivo CSV.

## 2.4 Pré-processamento dos dados

Como dito anteriormente, os dados coletados, após passarem por todos os *scripts*, ficam armazenados num único arquivo CSV. Nele, todas as informações (séries temporais e resultados dos exames clínicos) são guardados crus (como mostrado na figura 5), ou



seja, sem nenhum tipo de pré-processamento. Dessa forma, a fim de se obter resultados melhores, é necessário realizar algumas mudanças nos dados antes de colocá-los em algum tipo de modelo. Por isso, foi feito um código que possui diversos tipos de pré-processamentos, como normalização das séries e retirada de suas tendências.

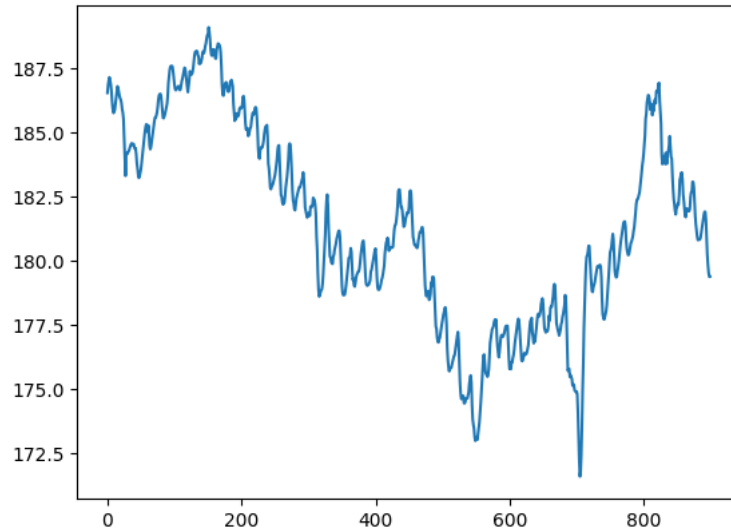


Figura 5: Série temporal crua

Para todos os experimentos realizados, o único pré-processamento realizado nas séries temporais foram as suas normalizações, gerando dados melhores e com menos interferência dos ruídos, assim como mostrado na figura 6

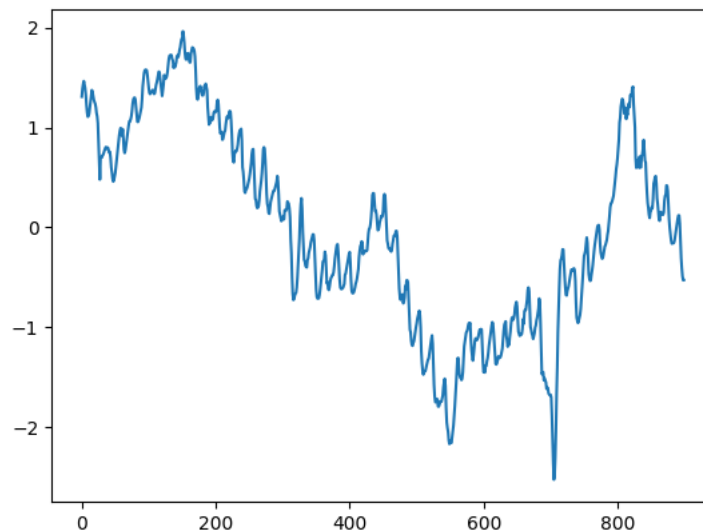


Figura 6: Série temporal z-normalizada.

## 2.5 Comparação de modelos de aprendizado de máquina

Tanto para os modelos tradicionais de regressão quanto para os de rede neural, foi utilizado a técnica de *K-Fold Cross Validation* com 10 *folds*, atentando-se para que ambas as abordagens utilizassem os mesmos dados em cada um dos *folds*, a fim de evitar que os resultados de uma delas fossem beneficiados em virtude de uma divisão mais fácil ou difícil.

Para a utilização do aprendizado de máquina tradicional, primeiro foi usado o *catch22* [11], um método capaz de inferir propriedades interpretáveis e com alto valor classificatório das séries temporais, para extrair *features* das séries temporais, e assim aplicarmos 4 modelos nessas *features*, sendo eles o *K-Nearest Neighbours* devido à sua simplicidade, o *Random Forest*, o *XGBoost* e o *CatBoost* por serem modelos de ensemble e assim possivelmente trazerem melhores resultados.

Já para as redes neurais não há mais nenhum pré-processamento, pois as séries já se encontram z-normalizadas no *dataset*, e também foram utilizados 4 modelos, *FCN* [12], um modelo que inspirado no processamento de imagem, aplica convoluções nas séries temporais para tentar manter as relações temporais entre os dados, *Mini-ROCKET* [13], um modelo que aplica várias convoluções fixas, aplicando um *ridge classifier* no final, *InceptionTime* [14], um ensemble do mesmo modelo executado 5 vezes, esse modelo apresenta blocos de Inception (várias convoluções de tamanhos diferentes), mas também conexão residual para evitar o *residual gradient* e assim conseguir ter mais camadas, e o *ResNet* [12] que também consiste em camadas de convoluções com conexão residual, mas as convoluções não são em blocos como no Inception.

Ademais, é importante falar que nas redes neurais, além de já dividir com o *K-Fold* os dados em treino e teste, também usamos uma parte deles para validação. Portanto, os 53 pacientes dos quais possuímos os resultados dos exames escolhidos para análise (hemoglobina, leucócitos, plaquetas e eritrócitos) ficam divididos em 10% para treino, 10% para validação e 80% para teste. Por fim, destaca-se que cada experimento foi repetido 5 vezes a fim de diminuir o efeito da aleatoriedade dos pesos de cada neurônio.

Abaixo estão tabelas contendo os valores dos resultados obtidos a partir do treinamento de cada um dos modelos, levando em conta cada *target*. Escolheu-se expor os valores do Erro Médio Absoluto (MAE - *Mean Absolute Error*) e do Erro Médio Quadrado (MSE - *Mean Squared Error*), pois, enquanto o MSE penaliza mais os modelos que não foram bem, o que facilita a observação dos resultados, o MAE é uma métrica que traz muito mais valor semântico ao estudo, já que, apenas comparando

com o valor normal dos exames clínicos, pode-se saber se o modelo treinado está com um erro muito grande ou baixo em relação ao valor esperado.

|                | Hemoglobina  | Leucócitos      | Plaquetas        | Eritrócitos  |
|----------------|--------------|-----------------|------------------|--------------|
| Inception Time | 1.492        | 1728.582        | 68861.910        | 0.468        |
| ResNet         | 1.372        | 2008.336        | 64853.948        | 0.476        |
| FCN            | 1.230        | 1753.066        | 60304.246        | 0.442        |
| MINIROCKET     | 2.852        | 3919.352        | 122201.118       | 1.170        |
| KNN            | 1.400        | 1596.533        | <b>55563.127</b> | 0.455        |
| Random Forest  | 1.243        | 1817.673        | 60359.716        | 0.460        |
| XGBoost        | 1.346        | 1572.274        | 57369.721        | <b>0.436</b> |
| CatBoost       | <b>1.189</b> | <b>1532.012</b> | 56149.463        | 0.450        |

Tabela 1: Tabela de Erro Absoluto dos modelos em cada target.

|                | Hemoglobina  | Leucócitos         | Plaquetas | Eritrócitos  |
|----------------|--------------|--------------------|-----------|--------------|
| Inception Time | 3.356        | 4819498.590        | 6.87e9    | 0.379        |
| ResNet         | 2.986        | 6181861.670        | 6.78e9    | 0.397        |
| FCN            | <b>2.376</b> | 5325496.837        | 5.93e9    | 0.360        |
| MINIROCKET     | 10.772       | 20256720.637       | 2.11e10   | 1.871        |
| KNN            | 2.915        | 4942359.088        | 4.87e9    | 0.314        |
| Random Forest  | 2.386        | 5954431.630        | 5.60e9    | 0.310        |
| XGBoost        | 2.813        | 4423277.638        | 5.46e9    | <b>0.298</b> |
| CatBoost       | 2.428        | <b>4272569.927</b> | 5.09e9    | 0.326        |

Tabela 2: Tabela de Erro Quadrado dos modelos em cada target.

Pode ser visto, a partir das Tabelas 1 e 2, que os resultados obtidos a partir da extração de *features* possuem resultados um pouco menores, portanto melhores, para todos os *targets* analisados. Sendo que, entre cada um desses modelos não houve uma diferença expressiva. Por outro lado, entre as redes neurais houve somente diferença significativa entre os erros do MiniROCKET e das demais redes, algo que pode ter sido causado pela pequena quantidade de dados, que tornou difícil para os *kernels* fixos do MiniRocket a tarefa de Regressão. O aumento marginal dos erros das redes neurais, quando comparados com os outros modelos, também pode ser devido aos poucos dados, já que, diferente dos modelos de aprendizado de máquina clássicos, as redes neurais dependem de uma quantidade muito maior de dados para que sejam treinadas com um resultado satisfatório.

Por fim, precisa-se fazer uma análise semântica dos erros, ou seja, ponderar se os resultados obtidos são adequados para a tarefa proposta. Como se pode ver nas equa-

ções abaixo, os valores normais para o exames de hemoglobina, leucócitos, plaquetas e eritrócitos são, respectivamente, na casa de (em unidades padrão de cada medida): 14, 7000, 300000 e 4.40; enquanto que os valores médios de erro absoluto obtidos pelos modelos, tanto de redes neurais (exceto MiniROCKET), quanto de extração de *features*, são: 1.32, 1715.50, 60494.60 e 0.46. Como se pode concluir, os erros obtidos estão entre 10% e 20%, um erro percentual que não pode ser admitido numa pesquisa sobre a saúde de pessoas, já que um desvio desse tamanho pode, facilmente, classificar uma pessoa sadia como doente e vice-versa.

$$12,0 \leq \text{Hemoglobina}[g/dL] \leq 16,0 \quad (1)$$

$$4.000 \leq \text{Leucocitos}[n^\circ/mm^3] \leq 10.000 \quad (2)$$

$$150.000 \leq \text{Plaquetas}[n^\circ/mm^3] \leq 450.000 \quad (3)$$

$$3,80 \leq \text{Eritrocitos}[x10^6/\mu L] \leq 5,00 \quad (4)$$

## 2.6 Gestão dos dados

No atual momento, devido às complicações com a coleta de dados nos postos de saúde citadas na Subseção 2.2, os dados obtidos estão em baixa quantidade, por isso não estão públicos ainda, mas, no futuro, quando o volume de dados coletados for satisfatória, criaremos um *dataset* contendo-os e os disponibilizaremos no repositório<sup>5</sup> do projeto. Além disso, todos os códigos criados durante todo esse processo já estão disponíveis nesse mesmo repositório.

## Referências

- [1] L.-M. Ang and K. P. Seng, “Big sensor data applications in urban environments,” *Big Data Research*, vol. 4, pp. 1–12, 2016.
- [2] C.-C. M. Yeh, Y. Zhu, L. Ulanova, N. Begum, Y. Ding, H. A. Dau, Z. Zimmerman, D. F. Silva, A. Mueen, and E. Keogh, “Time series joins, motifs, discords and shapelets: a unifying view that exploits the matrix profile,” *Data Mining and Knowledge Discovery*, vol. 32, pp. 83–123, Jan 2018.

---

<sup>5</sup><https://github.com/gabrielcmerlin/mHealthApplications>

- [3] Y. Hu, C. Ji, Q. Zhang, L. Chen, P. Zhan, and X. Li, “A novel multi-resolution representation for time series sensor data analysis,” *Soft Computing*, vol. 24, pp. 10535–10560, Jul 2020.
- [4] T. Alsuliman, D. Humaidan, and L. Sliman, “Machine learning and artificial intelligence in the service of medicine: Necessity or potentiality?,” *Current Research in Translational Medicine*, vol. 68, no. 4, pp. 245–251, 2020.
- [5] I. El Maachi, G.-A. Bilodeau, and W. Bouachir, “Deep 1d-convnet for accurate parkinson disease detection and severity prediction from gait,” *Expert Systems with Applications*, vol. 143, p. 113075, 2020.
- [6] D. F. Silva, R. Giusti, E. Keogh, and G. E. A. P. A. Batista, “Speeding up similarity search under dynamic time warping by pruning unpromising alignments,” *Data Mining and Knowledge Discovery*, vol. 32, pp. 988–1016, Jul 2018.
- [7] W. H. Organization *et al.*, “mhealth: new horizons for health through mobile technologies.,” *mHealth: new horizons for health through mobile technologies.*, 2011.
- [8] M. S. Marcolino, J. A. Q. Oliveira, M. D’Agostino, A. L. Ribeiro, M. B. M. Alkmim, and D. Novillo-Ortiz, “The impact of mhealth interventions: systematic review of systematic reviews,” *JMIR mHealth and uHealth*, vol. 6, no. 1, p. e8873, 2018.
- [9] S. P. Rowland, J. E. Fitzgerald, T. Holme, J. Powell, and A. McGregor, “What is the clinical value of mhealth for patients?,” *NPJ digital medicine*, vol. 3, no. 1, p. 4, 2020.
- [10] T. Mazzu-Nascimento, D. N. Evangelista, O. Abubakar, B. G. A. Souto, L. V. Domingues, D. F. Silva, and C. A. Nogueira-de Almeida, “Remote and non-invasive monitoring of patients with covid-19 by smartphone,” *Scientia Medica*, vol. 31, no. 1, pp. e39340–e39340, 2021.
- [11] C. H. Lubba, S. S. Sethi, P. Knaute, S. R. Schultz, B. D. Fulcher, and N. S. Jones, “catch22: Canonical time-series characteristics: Selected through highly comparative time-series analysis,” *Data Mining and Knowledge Discovery*, vol. 33, no. 6, pp. 1821–1852, 2019.

- [12] Z. Wang, W. Yan, and T. Oates, “Time series classification from scratch with deep neural networks: A strong baseline,” in *2017 International joint conference on neural networks (IJCNN)*, pp. 1578–1585, IEEE, 2017.
- [13] A. Dempster, D. F. Schmidt, and G. I. Webb, “Minirocket: A very fast (almost) deterministic transform for time series classification,” in *Proceedings of the 27th ACM SIGKDD conference on knowledge discovery & data mining*, pp. 248–257, 2021.
- [14] H. Ismail Fawaz, B. Lucas, G. Forestier, C. Pelletier, D. F. Schmidt, J. Weber, G. I. Webb, L. Idoumghar, P.-A. Muller, and F. Petitjean, “Inceptiontime: Finding alexnet for time series classification,” *Data Mining and Knowledge Discovery*, vol. 34, no. 6, pp. 1936–1962, 2020.