

author1hash=EAfamily=Einstein, familyi=E., given=Albert, giveni=A.,

author3hash=GMfamily=Goossens, familyi=G., given=Michel, giveni=M., hash=MFfamily=Mittelbach,
familyi=M., given=Frank, giveni=F., hash=SAfamily=Samarin, familyi=S., given=Alexander,
giveni=A.,

author1hash=KDfamily=Knuth, familyi=K., given=Donald, giveni=D.,

Índice general

Índice de figuras	II
Índice de tablas	III
1. Introducción	1
1.1. Arritmias	1
1.2. Algoritmo de detección	1
1.2.1. Filtrado	2
1.3. Pruebas con pacientes	2
1.4. Utilización de las FPGAs	3
1.5. Objetivos del proyecto y organización	4
1.6. Análisis y optimización del algoritmo	4
1.7. Implementación en la FPGA	5
1.8. Plantilla para usos de la herramienta	5
2. Planteamiento del algoritmo en software	7
2.1. Recopilación de los datos	7
2.2. Filtrado de la señal original	8
2.3. Detección de picos QRS	9
2.4. Detección de arritmias	10
2.5. Pruebas con el algoritmo	12
3. Implementación hardware	17
3.1. Módulo de filtrado	17
3.2. Módulo de detección de picos	17
3.3. Módulo de detección de arritmias	17
3.4. Módulo principal y testbench	17
3.5. Otros módulos	17
4. Implementation	18
5. Results	19
6. Conclusiones y trabajo futuro	20
Bibliography	22

Índice de figuras

1.1. Electrocardiogramas	1
1.2. Complejo QRS	2
1.3. Ejemplo de electrocardiograma original y filtrado de paciente 102	2
1.4. Ejemplo con paciente 102	3
1.5. Basys3 Artix-7 FPGA	4
1.6. Sample figure	5
2.1. Maquina de estados de algoritmo de deteccion de picos de estudio de caracteriza- cion de señales usando polinomios de Hermite	9
2.2. Cuando se detecta una arritmia, a veces, la siguiente distancia es considerable- mente mas grande de lo normal. Para no detectar falsos positivos, se omite esa distancia	11

Índice de tablas

1.1. Sample table	6
-----------------------------	---

Capítulo 1

Introducción

1.1. Arritmias

Las enfermedades cardiovasculares son la primera causa de muerte en el mundo y una de las causas mas comunes de estas enfermedades son las arritmias.

Una arritmia cardiaca es una alteración en el ritmo normal del corazón. Si se produce una arritmia, el corazón puede latir demasiado rápido, demasiado lento o de manera irregular. Esto puede provocar síntomas como palpitaciones, mareos, falta de aire e incluso desmayos y estas pueden llegar a ser mortales.

Los cardiólogos utilizan dispositivos como un Holter para generar tiras de ritmo o electrocardiogramas, que es un diagrama que representa los latidos del corazón y con eso pueden llegar a detectar arritmias.

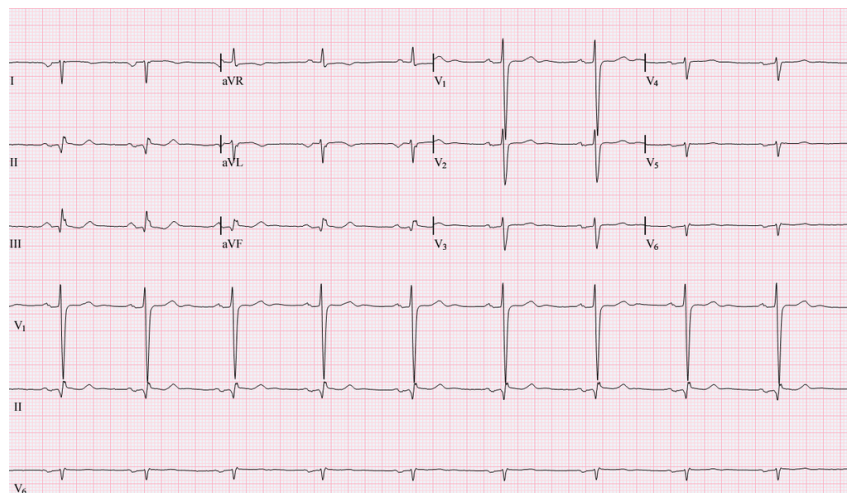


Figura 1.1: Electrocardiogramas

En este proyecto se tratara de solucionar las arritmias en las que se produce una contraccion prematura del corazón como las contracciones prematuras del corazón. Estas arritmias se pueden detectar con un electrocardiograma (ECG) que es un diagrama de los latidos del corazón.

1.2. Algoritmo de deteccion

Dado que para detectar arritmias correctamente se necesitan varios años de cardiología, el algoritmo de detección que se utilizara consistirá en detectar las arritmias unicamente usando los picos QRS del electrocardiograma.

Un pico QRS como se muestra en la Figura 1.2 en un electrocardiograma es causado por la contracción del ventrículo al bombear la sangre por las arterias. Este es el impulso eléctrico mas fuerte que el corazón produce en cada latido. En este proyecto utilizaremos estos picos para comparar la distancia entre ellos y poder ver si se ha producido una arritmia.

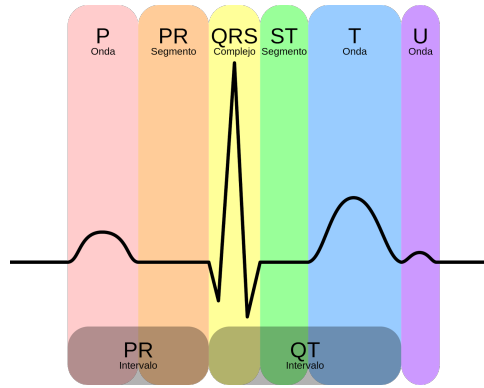


Figura 1.2: Complejo QRS

1.2.1. Filtrado

Como se puede ver en las imágenes es conveniente hacer un filtrado de las tiras de ritmo para poder detectar mejor los picos QRS. Ya que el filtrado centra la onda en el 0 y evita fallos en el algoritmo de detección de picos del que se hablará mas adelante.

En la creación del proyecto se ha intentado no filtrar la onda para comprobar si se obtienen mejores resultados que sin dicho filtrado pero no se ha dado el caso por las irregularidades de la misma.

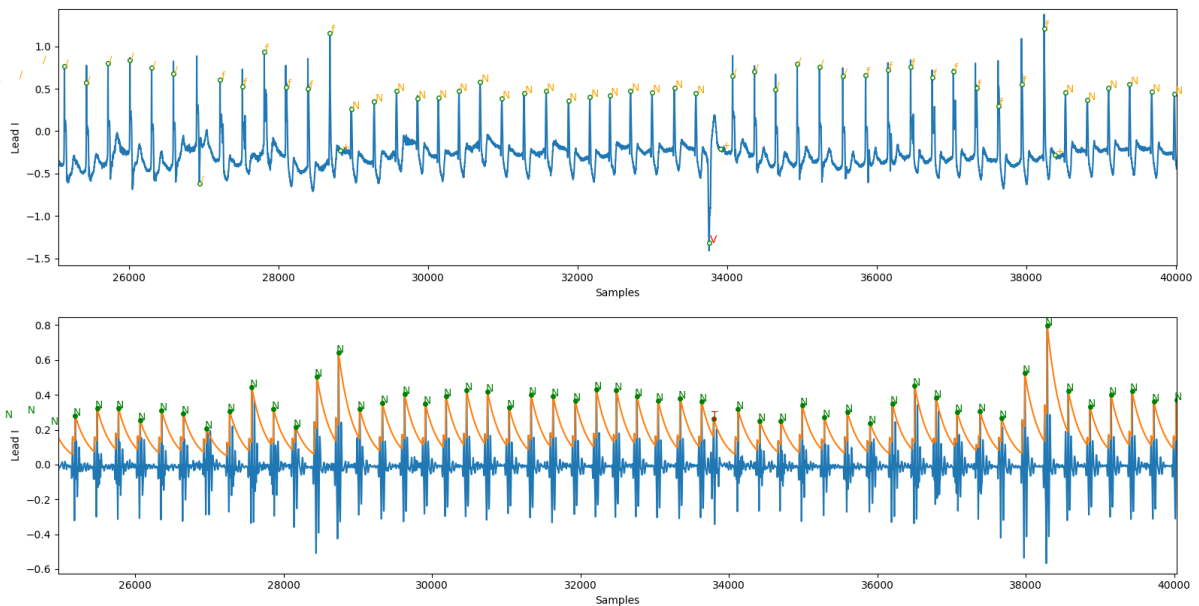


Figura 1.3: Ejemplo de electrocardiograma original y filtrado de paciente 102

1.3. Pruebas con pacientes

Se han realizado las pruebas con unos resultados del Instituto de Tecnología de Massachusetts (MIT) en el que se han recogido tiras de ritmo de media hora de varios pacientes con edades diversas y algunos de ellos llevan un marcapasos que actúa cuando el corazón no bombea la sangre lo suficientemente fuerte, es decir que el pico QRS no es tan prominente y se necesita la ayuda de dicho marcapasos para proporcionar el impulso eléctrico necesario.

Estas pruebas han sido analizadas por cardiólogos y se ha indicado donde el paciente padece una arritmia y donde el ritmo es normal y donde se ha producido un error en la lectura de la señal. También muestra información menos relevante como la activación del marcapasos.

Record 102 (V5, V2; female, age 84)

Medications: Digoxin

Beats	Before 5:00	After 5:00	Total
Normal	98	1	99
PVC	1	3	4
Paced	243	1785	2028
Pacemaker fusion	24	32	56
Total	366	1821	2187

Ventricular ectopy

- 4 isolated beats

Rhythm	Rate	Episodes	Duration
Normal sinus rhythm	72-78	2	1:22
Paced rhythm	68-78	3	28:44

Signal quality	Episodes	Duration
Both clean	1	30:06

Notes:

The rhythm is paced with a demand pacemaker. The PVCs are multiform.

Points of interest:

[0:55](#) Paced rhythm
[1:12](#) Transition from paced to normal sinus rhythm
[1:28](#) PVC
[2:30](#) Normal sinus rhythm
[4:51](#) Pacemaker fusion beats
[9:35](#) PVC
[16:12](#) Paced rhythm

Figura 1.4: Ejemplo con paciente 102

1.4. Utilización de las FPGAs

Este proyecto requiere un gran procesamiento de señales, una alta cantidad de cálculos y un eficiente paralelismo entre módulos por ello la mejor forma de optimizar el algoritmo es utilizando una FPGA.

Los motivos son los siguientes:

- Las FPGA pueden procesar datos a velocidades muy altas, lo que lo hace indispensable para esta aplicación que está pensada para ejecutarse en tiempo real.
- Las FPGA son dispositivos de hardware programable que permite diseñar circuitos digitales personalizados, y por ello pueden reconfigurarse para adaptarse a tareas específicas. Además son susceptibles a cambios en el algoritmo para una posible mejora de este.
- El alto paralelismo que ofrecen las FPGA es perfecto para las multitareas que realiza el algoritmo.
- Puesto que las FPGA pueden ser diseñadas para realizar una tarea en concreto, estas son más energéticamente eficientes que otros dispositivos como los portátiles.

Para este proyecto se usara la FPGA Basys3 de Artix-7 para probar el funcionamiento del algoritmo. Aunque se debe considerar, segun la cantidad de datos introducidos, que en este caso seria la longitud de la señal segun el tiempo transcurrido, utilizar una FPGA cuyo hardware pueda soportar dicha cantidad de datos.

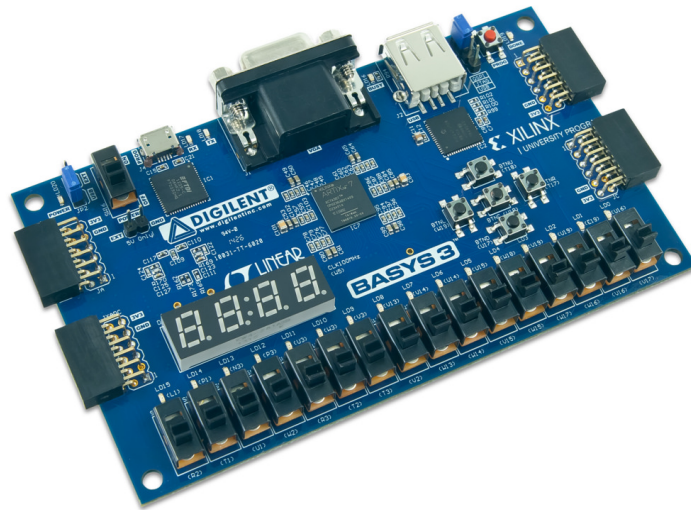


Figura 1.5: Basys3 Artix-7 FPGA

1.5. Objetivos del proyecto y organización

Los objetivos de este proyecto es tener una solución para detectar contracciones prematuras ventriculares a tiempo real en un largo periodo de tiempo y optimizar el algoritmo para que se ejecute de una forma mas eficiente y menos costosa en una FPGA

Para ello la organización de este proyecto comienza con la creación de el prototipado del algoritmo en software para facilitar la manera de probar el algoritmo con la solución proporcionada por la base de datos y poder ver resultados graficos, para mejorar la velocidad de compilación y depuración del algoritmo, para aumentar la claridad del algoritmo que se quiere conseguir en el prototipado y para validar la funcionalidad y eficacia del algoritmo.

1.6. Analisis y optimización del algoritmo

Para lograr los objetivos del algoritmo se centra en tres funciones.

1. Filtrado de la señal original: Lo que hace que la señal sea mas facil de procesar para encontrar los picos QRS. Esto se realiza multiplicando los valores de la señal original por los valores de filtrado.
2. Detección de picos sobre la señal filtrada: Se analiza cada señal y comparandola con otras señales anteriores se deduce si puede ser un posible pico y si lo es, se comprueba si es un pico QRS.
3. Detección de arritmias comparando la posición de los picos: una vez se tienen los picos QRS se calcula la distancia de el pico actual con el pico anterior y dependiendo de las otras distancias se calcula si hay una arritmia.

1.7. Implementacion en la FPGA

Para implementar el codigo en la FPGA se implementara varios modulos para tratar de imitar el proyecto creado en software los modulos mas importantes son.

1. Modulo de filtrado: Lo que hace que la señal sea mas facil de procesar para encontrar los picos QRS. Esto se realiza multiplicando los valores de la señal original por los valores de filtrado.
2. Deteccion de picos sobre la señal filtrada: Se analiza cada señal y comparandola con otras señales anteriores se deduce si puede ser un posible pico y si lo es, se comprueba si es un pico QRS.
3. Deteccion de arritmias comparando la posicion de los picos: una vez se tienen los picos QRS se calcula la distancia de el pico actual con el pico anterior y dependiendo de las otras distancias se calcula si hay una arritmia.

Estos modulos tratan de replicar las funcionalidades que realiza el algoritmo de software y se convertiran en la parte esencial de dicho programa.

Ademas de estos modulos se debe de crear un modulo que acompase a estos tres y un testbench para probar el funcionamiento del programa en la simulación.

1.8. Plantilla para usos de la herramienta

The document is divided into `chapters`, `sections`, and `subsections`.

Some important references are [`einstein`, `latexcompanion`, `knuthwebsite`].

To add paragraphs in the document, one line break is not enough,
two line breaks are needed.

An itemized list:

- An item.
- Another item.
- Final item.

An enumerated list:

1. First item.
2. Second item.
3. Third item.

A figure with an image is presented in Figura 1.6. Note that it floats away and latex places it where convenient.



Figura 1.6: Sample figure

Tables work in the same way, as seen in Tabla 1.1

Row	English	Español
1	One	Uno
2	Two	Dos

Tabla 1.1: Sample table

Capítulo 2

Planteamiento del algoritmo en software

2.1. Recopilacion de los datos

Para la recopilacion de los datos se utilizara la libreria wfdb que se encarga de proporcionar funciones para leer y escribir archivos de diferentes formatos que contienen señales biomédicas, como archivos de registro de señales (por ejemplo, formato .dat), archivos de anotaciones (por ejemplo, formato .atr) y archivos de cabecera (por ejemplo, formato .hea).

Los pacientes vienen identificados por un id (por ejemplo, 101) y hay 3 ficheros por paciente, con extensiones .dat, .atr y .hea

Se descarga la base de datos con la funcion de la libreria de wfdb, dldatabase que recoge la señal del paciente y las anotaciones de los cardiologos sobre cada pico QRS.

```
#download the database if not available
if os.path.isdir("mitdb"):
    print('You already have the data.')
else:
    wfdb.dl_database('mitdb', 'mitdb')
```

Los pacientes de la base de datos se han hecho una prueba de 30 mins lo que en la señal equivale a 650000 samples.

```
sampfrom = 0
sampto = 650000
record = wfdb.rdscamp('mitdb/102', sampfrom=sampfrom, sampto=sampto)
annotation = wfdb.rdann('mitdb/102', 'atr', sampfrom=sampfrom, sampto=sampto)
```

Por ultimo, para visualizar esta señal con las anotaciones de los cardiologos y poder comparar con las anotaciones que realiza el algoritmo se usara la libreria matplotlib.pyplot.

Con esto se mostrara la señal original con las anotaciones y la señal filtrada con las anotaciones del algoritmo como en Figura 1.3

```
#plot the signal
#add markers to the original signal
ax[0].plot(original_signal)
ax[1].plot(filtered_signal)
ax[0].set_xlabel('Samples')
ax[0].set_ylabel('Lead-I')
ax[1].set_xlabel('Samples')
ax[1].set_ylabel('Lead-I')

#Making the upper signal
for pos, sym in zip(annotation.sample, annotation.symbol):
    pos -= sampfrom
    ax[0].plot(pos, original_signal[pos], 'go', markersize=4, markerfacecolor='white')
    if(sym == "A" or sym == "V" or sym == "a"):
        ax[0].text(pos+10, original_signal[pos], sym, color='red')
    else:
        ax[0].text(pos+10, original_signal[pos], sym, color='orange')
```

2.2. Filtrado de la señal original

Este filtrado es llevado a cabo por el filtrado IIR.

El filtrado IIR, que significa "Infinite Impulse Response" (respuesta infinita al impulso), es un tipo de filtro utilizado en el procesamiento de señales digitales y analógicas.

La formula que se utilizara para el filtrado es

$$Y[i] = \sum_{k=0}^{N_x-1} b_k \cdot x[i - k]$$

Con lo que b son los coeficientes y x la señal a filtrar

Los coeficientes son

```
filter_taps_99_6_28 = [ -0.022064516719960285, -0.01248143191787449,
-0.014272402451704691, -0.01482693239340742, -0.013830723879265979,
-0.011121793043893711, -0.006713818327951467, -0.0008089345809688635,
0.006216127611731759, 0.013857892265470411, 0.02152515460626638,
0.028576965837020497, 0.034398765027779624, 0.03844530602431575,
0.04025284446627053, 0.039530808378156514, 0.0361389960690063,
0.030158595190338606, 0.021892977443216645, 0.01187877085962161,
0.0008679402497379659, -0.010209492943778627, -0.020330840764461847,
-0.02848685236456877, -0.03381377331912697, -0.03574615252534521,
-0.03413529962465352, -0.02933049408837693, -0.022191934029519987,
-0.014013910197915145, -0.006355535107839268, -0.0008277532244847638,
0.0011959567983135999, -0.0011634462076121899, -0.008076950035987168,
-0.018875074584752207, -0.0320701386231862, -0.04551445963999694,
-0.05668375253673195, -0.0630716859149452, -0.06260700837237966,
-0.05404472876437898, -0.037193610758084875, -0.013167513231520076,
0.01590495809018272, 0.04685141764647888, 0.07609319762164894,
0.10009947011806296, 0.11585338656670081, 0.12133902448458535,
0.11585338656670081, 0.10009947011806296, 0.07609319762164894,
0.04685141764647888, 0.01590495809018272, -0.013167513231520076,
-0.037193610758084875, -0.05404472876437898, -0.06260700837237966,
-0.0630716859149452, -0.05668375253673195, -0.04551445963999694,
-0.0320701386231862, -0.018875074584752207, -0.008076950035987168,
-0.0011634462076121899, 0.0011959567983135999, -0.0008277532244847638,
-0.006355535107839268, -0.014013910197915145, -0.022191934029519987,
-0.02933049408837693, -0.03413529962465352, -0.03574615252534521,
-0.03381377331912697, -0.02848685236456877, -0.020330840764461847,
-0.010209492943778627, 0.0008679402497379659, 0.01187877085962161,
0.021892977443216645, 0.030158595190338606, 0.0361389960690063,
0.039530808378156514, 0.04025284446627053, 0.03844530602431575,
0.034398765027779624, 0.028576965837020497, 0.02152515460626638,
0.013857892265470411, 0.006216127611731759, -0.0008089345809688635,
-0.006713818327951467, -0.011121793043893711, -0.013830723879265979,
-0.01482693239340742, -0.014272402451704691, -0.01248143191787449,
-0.022064516719960285]
```

Para el filtrado se usa la funcion lfilter de la libreria scipy.signal

```
filtered_signal = lfilter(filter_taps_99_6_28 , 1.0 , original_signal)
```

TODO a y formula completa ademas de una mejor explicacion

2.3. Detección de picos QRS

El algoritmo de detección de picos está representado en esta función que recibe la señal filtrada e intenta detectar los picos QRS.

Este algoritmo está basado en el que se usa en el documento <https://www.mdpi.com/2079-9292/10/19/2324> donde en el 4.1.2 muestran una máquina de estados del proceso que realizan.

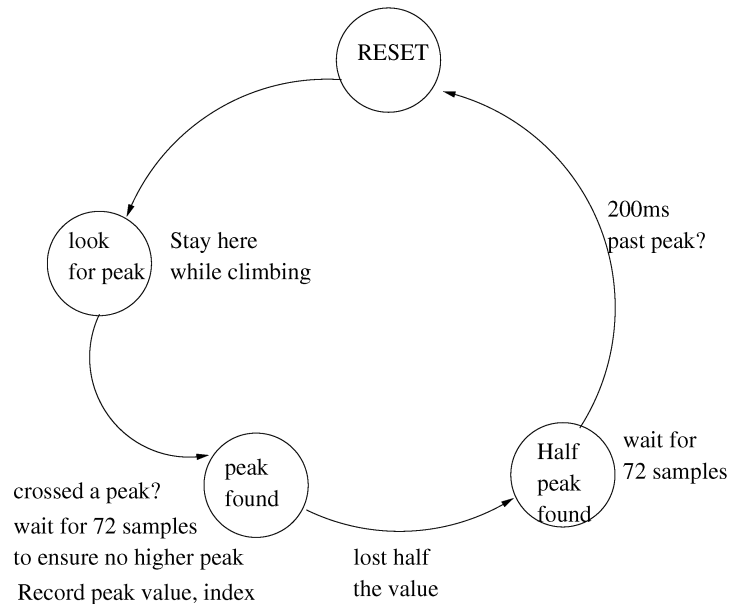


Figura 2.1: Máquina de estados de algoritmo de detección de picos de estudio de caracterización de señales usando polinomios de Hermite

Si bien nuestro algoritmo es distinto a ese, se replica el esperar a 72 muestras para asegurar de que no se encuentra un pico superior y así considerarlo como un pico QRS.

Es por ello que definimos la variable `samples_around_peak` como 72 para comparar dicha condición.

Para hallar el pico más alto se necesita definir un pico en `last_peak` y si se encuentra otro pico se produce

```
last_peak = max(last_peak, signal[i])
```

Sin embargo hay un problema y es que cuando se detecte un pico QRS, es decir cuando se haya detectado el pico más alto después de haber pasado 72 samples se restauran los valores para empezar a detectar nuevos picos y al haber ruido el algoritmo podría detectar falsos picos QRS así que por ello se implementa un `cutoff`.

El `cutoff` es representado como una función descendente que parte de cada pico localizado y mientras no se haya encontrado ningún pico, el valor de dicha función va decreciendo. La principal función del `cutoff` es evitar que el algoritmo detecte picos con el ruido y por ello se ha ajustado para que no ocurra el problema anterior y ser capaz de detectar todos los picos QRS.

La función del `cutoff` es la siguiente.

```
def calcular_cutoff(cutoff):
    cutoff = cutoff - cutoff/(256 - 64)
    return cutoff
```

Esta función es llamada cuando no se ha encontrado un nuevo pico y decrementa su valor, cuando se localiza un nuevo pico, el `cutoff` pasa a tener el valor del pico localizado.

Se han dado los valores (256 - 64) a la formula para que fuese mas facil la division en hardware pero como al final se acabo haciendo en un modulo de division en punto flotante cualquier valor es valido para la division aunque debido al buen desempeño del valor en el programa se decidio dejar asi.

```
def extract_peak_indices(signal, total_samples):
    samples_around_peak = total_samples // 2
    last_peak = None
    last_index = None
    peak_indices = []
    cutoff = 0
    for i in range(samples_around_peak-1, len(signal)):
        if last_peak == None:
            last_peak = signal[i]
            last_index = i
            cutoff = calcular_cutoff(cutoff)
        else:
            if signal[i] > last_peak and signal[i] > cutoff:
                last_peak = signal[i]
                last_index = i
                cutoff = signal[i]
            else:
                if (i - last_index) >= samples_around_peak and last_peak > cutoff:
                    peak_indices.append(last_index)
                    cutoff = calcular_cutoff(cutoff)
                    last_peak = None
                    last_index = None
                else:
                    cutoff = calcular_cutoff(cutoff)
            cutoff_plot.append(cutoff)
    ax[1].plot(range(samples_around_peak-1, len(signal)), cutoff_plot)
    return peak_indices
```

La salida de dicha funcion es un buffer de samples que sirven como indices para indicar donde se han encontrado los picos QRS y asi poder pasar al modulo de deteccion de arritmias.

2.4. Detección de arritmias

El algoritmo de deteccion de arritmias se encarga de ver si se ha producido una arritmia segun la distancia entre los picos.

En la deteccion de arritmias es de vital importancia establecer un límite en la distancia entre los picos para poder considerar que ha habido una arritmia o no, esta tarea solo se pudo hacer probando con diferentes rangos y viendo el indice de aciertos producidos en las pruebas a cada paciente de las que se hablara más adelante.

El algoritmo va almacenando distancias entre los picos QRS (es por ello que en la primera iteración no se almacena nada) y se declaran varias variables.

- last_distance: se utiliza para almacenar la ultima distancia recogida y asi poder compararla con la distancia actual en calculos posteriores
- counter_buffer: utilizado para tener el valor de la posicion del buffer donde se escribe.
- counter_arrythmia: utilizado para indicar si la distancia anterior fue una arritmia.
- TNRange: Se utiliza para indicar si hay una distancia mas grande de lo normal entre 2 picos QRS producido por una arritmia. Es importante tener esta distancia en cuenta ya que si el ritmo del paciente vuelve a la normalidad se compararia la distancia entre el ritmo

normal del paciente con el ritmo extendido por la arritmia, ya que de no tenerlo en cuenta el algoritmo lo clasificaria como arritmia como se puede ver en la Figura 2.2, por ello se compara con un valor anterior que sea el ritmo normal del paciente.

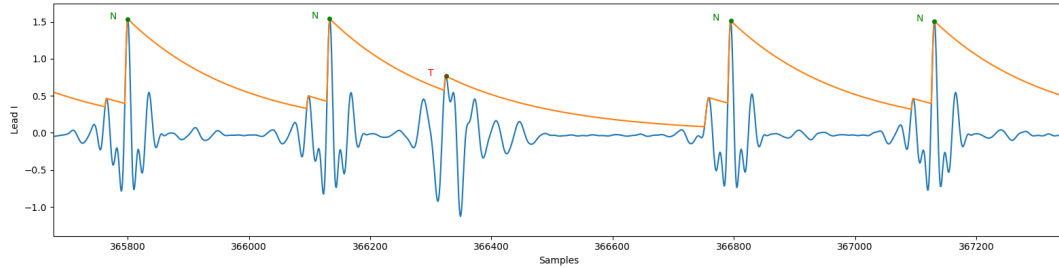


Figura 2.2: Cuando se detecta una arritmia, a veces, la siguiente distancia es considerablemente mas grande de lo normal. Para no detectar falsos positivos, se omite esa distancia

Por ello si se ha detectado una arritmia, la siguiente distancia se compara con la tercera ultima distancia escrita en el buffer que posiblemente sea una distancia causada por un ritmo normal. Si no se da el caso, se compara con last_distance.

la funcion que compara las distancias devuelve un char que va a ser el que se vaya a plotear en la grafica, si el char es "N" significa que se ha detectado un ritmo normal y por tanto solo se plotea. Sin embargo si el resultado es "T" significa que la distancia es mas corta de lo normal, se detecta la arritmia y se ponen counter_arrhythmia a 1 para saber que la distancia es mas corta y TNRange a true para que el algoritmo sepa que la distancia que venga despues puede ser una ampliada.

```
#init the first distance, the first beat doesn't count
posant = peaks[0]
last_distance = peaks[1] - peaks[0]

pos_buffer = [last_distance]
counterBuffer = 0
#this var refers to the distance left in between an arrhythmia and normal rythm
# which tends to be longer. To avoid detection problems we will not compare
this distance so the detection can be more precise
TNRange = False
counter_arrhythmia = 0
for pos in peaks[1:]:
    act_distance = pos - posant
    pos_buffer.append(act_distance)
    counterBuffer += 1

    if(TNRange==True and counter_arrhythmia == 0):
        sym = get_frecuency_in_char(pos_buffer[counterBuffer - 3], act_distance)

        TNRange=False
    else:
        if(TNRange == True):
            counter_arrhythmia -= 1
            sym = get_frecuency_in_char(last_distance , act_distance)

    if(sym == "N"):
        ax[1].plot(pos, filtered_signal[pos], 'go', markersize=4,
            markerfacecolor='green')
        ax[1].text(pos-30, filtered_signal[pos], sym, color='green')
    elif(sym == "T"):
        ax[1].plot(pos, filtered_signal[pos], 'go', markersize=4,
            markerfacecolor='red')
```

```

ax[1].text(pos-30, filtered_signal[pos], sym, color='red')
TNRange = True
counter_arrhythmia = 1

posant = pos
last_distance = act_distance

```

La funcion `get_frecuency_in_char()` se encarga de calcular las distancias entre el ritmo actual y un ritmo normal. Para ello recibe como entrada ambas distancias.

Para empezar se calcula el gap que es simplemente la diferencia que tiene el la distancia anterior con la actual. Despues se calcula el porcentaje de la diferencia de distancia con la distancia anterior que sabemos que va a ser un ritmo normal.

Si ese porcentaje es mayor que el 15 % entonces se considera que la distancia normal es mucho mayor que la actual y por tanto como la distancia actual entre 2 picos es pequeña, se da por hecho que hay una arritmia.

Notese que no le damos importancia si el gap da como resultado un número negativo de cualquier tamaño, esto se debe a que este proyecto solo esta pensado para detectar contracciones prematuras del corazon, por ende solo necesitamos saber si la distancia actual es menor que la anterior. Además ningun paciente parece padecer ninguna arritmia de otro tipo.

```

def get_frecuency_in_char(last_distance , act_distance):

    gap = last_distance - act_distance

    porcentaje = (gap / last_distance) * 100

    if(porcentaje > 15):
        ret = "T"
    else:
        ret = "N"
    return ret

```

2.5. Pruebas con el algoritmo

Se han realizado una serie de pruebas para probar el algoritmo estas se encargan de comprobar si las posiciones donde se ha detectado un pico QRS coinciden con las posiciones de los picos detectados por los cardilogos, y ademas se encargan de comparar las anotaciones de los cardilogos con las generadas por el algoritmo.

Con estas estadisticas es posible comparar el porcentaje de aciertos, en los que se comprende el numero de falsos positivos, (referido a los ritmos normales que el algoritmo considara arritmias) y falsos negativos (referido a las arrimias que el algoritmo considera un ritmo normal).

Para desarrollar estas pruebas, se crea una clase `Pair` que contenga por cada iteracion de la deteccion de arritmias, el simbolo sacado por el algoritmo y la posicion del sample en la que se encuentre dicho pico QRS.

```

class Pair:
def __init__(self , sym, pos):
    self.sym = sym
    self.pos = pos

def __repr__(self):
    return f"Pair({self.sym},{self.pos})"

```


Dicho objeto se inserta en un buffer para luego poder comparar con las anotaciones de la señal original.

```
if(sym == "N" or sym == "T"):
    pair = Pair(sym,pos)
    produced_symbols.append(pair)
```

Una vez se rellena todo el buffer de Pares, se comprueban 2 cosas.

1. Si se ha detectado un pico QRS en la señal filtrada y se corresponde con el pico de la señal original situado en un sample de una posición aproximada.
2. Si, en el caso de que se haya detectado el pico, las anotaciones de los cardiólogos coinciden con las generadas por el algoritmo

Para este proyecto, solo se valora si el paciente tiene un ritmo normal o una arritmia, pero las anotaciones que contiene la señal original pueden simbolizar otros problemas como la entrada del marcapasos o otros problemas con la onda T. En la clase Annotation de la librería wfdb, vienen explicadas todas las posibles anotaciones que puede haber.

```
ann_labels = [
    AnnotationLabel(0, "-", 'NOTANN', 'Not-an-actual-annotation'),
    AnnotationLabel(1, "N", 'NORMAL', 'Normal-beat'),
    AnnotationLabel(2, "L", 'LBBB', 'Left-bundle-branch-block-beat'),
    AnnotationLabel(3, "R", 'RBBB', 'Right-bundle-branch-block-beat'),
    AnnotationLabel(4, "a", 'ABERR', 'Aberrated-atrial-premature-beat'),
    AnnotationLabel(5, "V", 'PVC', 'Premature-ventricular-contraction'),
    AnnotationLabel(6, "F", 'FUSION', 'Fusion-of-ventricular-and-normal-beat'),
    ,
    AnnotationLabel(7, "J", 'NPC', 'Nodal-(junctional)-premature-beat'),
    AnnotationLabel(8, "A", 'APC', 'Atrial-premature-contraction'),
    AnnotationLabel(9, "S", 'SVPB', 'Premature-or-ectopic-supraventricular-
        beat'),
    AnnotationLabel(10, "E", 'VESC', 'Ventricular-escape-beat'),
    AnnotationLabel(11, "j", 'NESC', 'Nodal-(junctional)-escape-beat'),
    AnnotationLabel(12, "/", 'PACE', 'Paced-beat'),
    AnnotationLabel(13, "Q", 'UNKNOWN', 'Unclassifiable-beat'),
    AnnotationLabel(14, "~", 'NOISE', 'Signal-quality-change'),
    AnnotationLabel(16, "|", 'ARFCT', 'Isolated-QRS-like-artifact'),
    AnnotationLabel(18, "s", 'STCH', 'ST-change'),
    AnnotationLabel(19, "T", 'TCH', 'T-wave-change'),
    AnnotationLabel(20, "*", 'SYSTOLE', 'Systole'),
    AnnotationLabel(21, "D", 'DIASTOLE', 'Diastole'),
    AnnotationLabel(22, "'", 'NOTE', 'Comment-annotation'),
    AnnotationLabel(23, "=", 'MEASURE', 'Measurement-annotation'),
    AnnotationLabel(24, "p", 'PWAVE', 'P-wave-peak'),
    AnnotationLabel(25, "B", 'BBB', 'Left-or-right-bundle-branch-block'),
    AnnotationLabel(26, "^", 'PACESP', 'Non-conducted-pacer-spike'),
    AnnotationLabel(27, "t", 'TWAVE', 'T-wave-peak'),
    AnnotationLabel(28, "+", 'RHYTHM', 'Rhythm-change'),
    AnnotationLabel(29, "u", 'UWAVE', 'U-wave-peak'),
    AnnotationLabel(30, "?", 'LEARN', 'Learning'),
    AnnotationLabel(31, "!", 'FLWAV', 'Ventricular-flutter-wave'),
    AnnotationLabel(32, "[", 'VFON', 'Start-of-ventricular-flutter/
        fibrillation'),
    AnnotationLabel(33, "]", 'VFOFF', 'End-of-ventricular-flutter/
        fibrillation'),
    AnnotationLabel(34, "e", 'AESC', 'Atrial-escape-beat'),
    AnnotationLabel(35, "n", 'SVESC', 'Supraventricular-escape-beat'),
    AnnotationLabel(36, "@", 'LINK', 'Link-to-external-data-(aux-note-
        contains-URL)'),
    AnnotationLabel(37, "x", 'NAPC', 'Non-conducted-P-wave-(blocked-APB)'),
    AnnotationLabel(38, "f", 'PFUS', 'Fusion-of-paced-and-normal-beat'),
    AnnotationLabel(39, "(", 'WFON', 'Waveform-onset'),
```

```

        AnnotationLabel(40, ")", 'WFOFF', 'Waveform-end'),
        AnnotationLabel(41, "r", 'RONT', 'R-on-T-premature-ventricular-
            contraction')
    ]

```

Por ello en este proyecto solo se prestara atencion a la anotacion $\ddot{A}\ddot{y}$ a la anotacion $\ddot{V}\ddot{q}$ ue simbolizan las contacciones prematuras de la auricula y el ventriculo, las demas anotaciones sobre el pico QRS seran consideradas como ritmos normales.

Para poder ver donde se pueden producir posibles errores y el tipo de estos se ha creado un buffer donde en cada iteracion se hace push de un string con el resultado de la seal filtrada y la seal original.

Si por otro lado, el pico no se ha detectado donde tendria que haber un pico QRS puesto en la seal original, se pone $\ddot{A}\ddot{y}$ para simbolizarlo.

Como se menciono anteriormente la deteccion de picos sobre a seal filtrada es aproximado, por lo que se cuenta si se ha detectado un pico 50 samples antes del pico de la seal original y 50 picos despues. El numero de aproximacion es moderadamente mas amplio para evitar problemas con las posibles imprecisiones del filtrado.

Otra prueba que se realiza es un conteo de las anotaciones correctas en total, las anotaciones incorrectas en total, las anotaciones correctas solo de los picos detectados como arritmia, las incorrectas de ese mismo tipo, y los picos no registrados.

```

def test_arrhythmias(original_symbols, produced_symbols):
    sol = []
    #stats parameters
    detected = 0
    undetected = 0
    correctValue = 0
    incorrectValue = 0
    correctArrythmia = 0
    incorrectArrythmia = 0

    for i in range(len(original_symbols)):
        found = False
        aproximation = 5
        for j in range(len(produced_symbols)):
            if((produced_symbols[j].pos - 50) > original_symbols[i].pos -
                aproximation and (produced_symbols[j].pos - 50) < original_symbols
                [i].pos + aproximation):
                found = True
                sol.append(" "+produced_symbols[j].sym + original_symbols[i].sym)
                detected += 1

            if produced_symbols[j].sym == 'N' and (original_symbols[i].sym ==
                'N' or original_symbols[i].sym == '/' or original_symbols[i].
                sym == 'f' or original_symbols[i].sym == 'L'):
                correctValue += 1
            elif produced_symbols[j].sym == 'T' and (original_symbols[i].sym
                == 'A' or original_symbols[i].sym == 'V' or original_symbols[i]
                ].sym == 'a'):
                correctValue += 1
                correctArrythmia += 1
            elif produced_symbols[j].sym == 'T' and (original_symbols[i].sym
                == 'N' or original_symbols[i].sym == '/' or original_symbols[i]
                ].sym == 'f' or original_symbols[i].sym == 'L'):
                incorrectValue += 1
                incorrectArrythmia += 1
            elif produced_symbols[j].sym == 'N' and (original_symbols[i].sym
                == 'A' or original_symbols[i].sym == 'V'):
                incorrectValue += 1

```

```

        incorrectArrhythmia += 1
    else:
        incorrectValue += 1

    if (found==False):
        sol.append("—")
        undetected += 1

```

Con el conteo de las anotaciones se pueden sacar varias conclusiones aparte de las dichas anteriormente como los picos totales que tiene la señal original, el porcentaje de picos detectados, el porcentaje de picos no detectados, el porcentaje de arritmias detectadas correctamente, el porcentaje de falsos positivos o falsos negativos, y el porcentaje de éxito de detección de arritmias según todas las arritmias contando falsos positivos y negativos.

```

print(" detected:-" + str(detected))
print(" undetected:-" + str(undetected))
print(" correctValue:-" + str(correctValue))
print(" incorrectValue:-" + str(incorrectValue))
print(" correctArrhythmia:-" + str(correctArrhythmia))
print(" incorrectArrhythmia:-" + str(incorrectArrhythmia))
print("_____")
totalValues = undetected + detected
print(" total-values-" + str(totalValues))

totalDetected = detected / totalValues * 100
print(" total-detected-" + str(totalDetected))

totalUndetected = undetected / totalValues * 100
print(" total-undetected-" + str(totalUndetected))

totalCorrect = correctValue / detected * 100
print(" total-correct-" + str(totalCorrect))

totalIncorrect = incorrectValue / detected * 100
print(" total-incorrect-" + str(totalIncorrect))
if(incorrectArrhythmia == 0):
    totalCorrectArrhythmias = 100
else:
    totalCorrectArrhythmias = correctArrhythmia / (correctArrhythmia +
        incorrectArrhythmia) *100
print(" total-correct-arrhythmias-" + str(totalCorrectArrhythmias))

```

Las pruebas que se han realizado se aplican solo para un paciente pero es posible aplicar estas pruebas a todos los pacientes. Para ello se ha creado un nuevo fichero de python que se encarga de realizar la misma prueba para los pacientes cuyo id está almacenado en un buffer.

Este programa tiene 2 modos, uno procesa un paciente individualmente y el otro itera la lista definida procesándolos a todos. La lógica del algoritmo está contenida en una nueva función llamada `calculations()`.

```

mode = input("Introduce 1-to-process-only-a-patient-or-2-to-process-all-(
    monster-mode):-")
if mode == "1":
    patientNumber = input("introduce-the-patient-number:-")
    #select the data quantity (650000 sample intervals)
    sampfrom = 0
    sampto = 650000
    record = wfdb.rdsamp("mitdb/"+patientNumber, sampfrom=sampfrom, sampto=sampto)
    annotation = wfdb.rdann("mitdb/"+patientNumber, 'atr', sampfrom=sampfrom,
        sampto=sampto)
    calculations(sampfrom,sampto,record,annotation)
    perc = test_arrythmias(original_symbols,produced_symbols)

```

```

elif mode == "2":
    print(number_of_patients)
    print(len(number_of_patients))
    for pat in number_of_patients:
        #select the data quantity (650000 sample intervals)
        sampfrom = 0
        sampto = 650000
        record = wfdb.rdsamp("mitdb/"+str(pat), sampfrom=sampfrom, sampto=sampto)
        annotation = wfdb.rdann("mitdb/"+str(pat), 'atr', sampfrom=sampfrom,
                                sampto=sampto)
        calculations(sampfrom,sampto,record,annotation)
        procesed_patients.append(pat)
    print(str(pat))
    perc = test_arrhythmias(original_symbols,produced_symbols)

```

Las pruebas que se realizan para este algoritmo son iguales que en el fichero anterior pero tambien se han realizado las siguientes estadisticas.

1. La media de los picos detectados de cada paciente.
2. La media de las arritmias correctas detectadas en cada paciente.

```

if mode=="2":
    tdv = statistics.mean(detected_values)
    print("mean-all-patients-detected-values:-"+str(tdv))
    tcv = statistics.mean(correct_values)
    print("mean-all-patients-correct-values:-"+str(tcv))
    print(procesed_patients)

```

Capítulo 3

Implementación hardware

Para implementar el algoritmo en hardware dividimos en módulos el algoritmo de filtrado, el algoritmo de detección de picos y el algoritmo de detección de arritmias, estos los unificamos en un super módulo y probamos la simulación con un testbench.

Como los valores de las señales están en punto flotante para operar con ellos es necesario utilizar módulos hardware que permitan hacer dichas operaciones, en este proyecto utilizaremos módulos de resta, división y comparación de números en punto flotante.

Por tanto en esta imagen quedan representados todos los módulos.

(IMAGEN DE MÓDULOS Y QUIEN LOS IMPLEMENTA)

3.1. Módulo de filtrado

Este módulo se compone por un

3.2. Módulo de detección de picos

3.3. Módulo de detección de arritmias

3.4. Módulo principal y testbench

3.5. Otros módulos

Capítulo 4

Implementation

Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Etiam lobortis facilisis sem. Nullam nec mi et neque pharetra sollicitudin. Praesent imperdiet mi nec ante. Donec ullamcorper, felis non sodales commodo, lectus velit ultrices augue, a dignissim nibh lectus placerat pede. Vivamus nunc nunc, molestie ut, ultricies vel, semper in, velit. Ut porttitor. Praesent in sapien. Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Duis fringilla tristique neque. Sed interdum libero ut metus. Pellentesque placerat. Nam rutrum augue a leo. Morbi sed elit sit amet ante lobortis sollicitudin. Praesent blandit blandit mauris. Praesent lectus tellus, aliquet aliquam, luctus a, egestas a, turpis. Mauris lacinia lorem sit amet ipsum. Nunc quis urna dictum turpis accumsan semper.

Capítulo 5

Results

Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Etiam lobortis facilisis sem. Nullam nec mi et neque pharetra sollicitudin. Praesent imperdiet mi nec ante. Donec ullamcorper, felis non sodales commodo, lectus velit ultrices augue, a dignissim nibh lectus placerat pede. Vivamus nunc nunc, molestie ut, ultricies vel, semper in, velit. Ut porttitor. Praesent in sapien. Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Duis fringilla tristique neque. Sed interdum libero ut metus. Pellentesque placerat. Nam rutrum augue a leo. Morbi sed elit sit amet ante lobortis sollicitudin. Praesent blandit blandit mauris. Praesent lectus tellus, aliquet aliquam, luctus a, egestas a, turpis. Mauris lacinia lorem sit amet ipsum. Nunc quis urna dictum turpis accumsan semper.

Capítulo 6

Conclusiones y trabajo futuro

Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Etiam lobortis facilisis sem. Nullam nec mi et neque pharetra sollicitudin. Praesent imperdiet mi nec ante. Donec ullamcorper, felis non sodales commodo, lectus velit ultrices augue, a dignissim nibh lectus placerat pede. Vivamus nunc nunc, molestie ut, ultricies vel, semper in, velit. Ut porttitor. Praesent in sapien. Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Duis fringilla tristique neque. Sed interdum libero ut metus. Pellentesque placerat. Nam rutrum augue a leo. Morbi sed elit sit amet ante lobortis sollicitudin. Praesent blandit blandit mauris. Praesent lectus tellus, aliquet aliquam, luctus a, egestas a, turpis. Mauris lacinia lorem sit amet ipsum. Nunc quis urna dictum turpis accumsan semper.

Conclusions and future work

Translate the previous chapter

Bibliografía