

**UNIVERSITA' DEGLI STUDI 'MEDITERRANEA'
DI REGGIO CALABRIA**

Elaborato di

Circuiti e Algoritmi per il Trattamento dei Segnali

**ESTRAZIONE DEL RITMO 'P' FETALE CON
LA TECNICA DI HENGEVELD E VAN
BEMMEL**

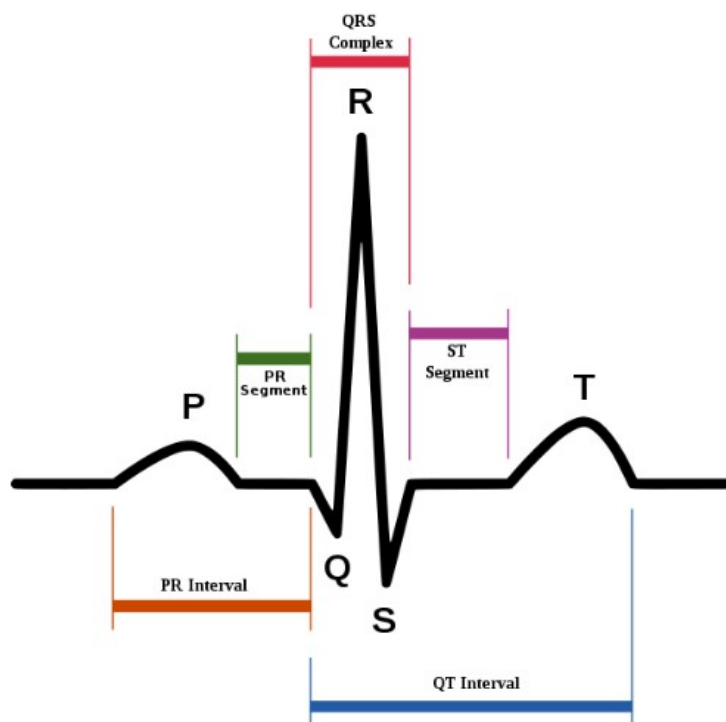
INTRODUZIONE

L'ELETTROCARDIOGRAMMA

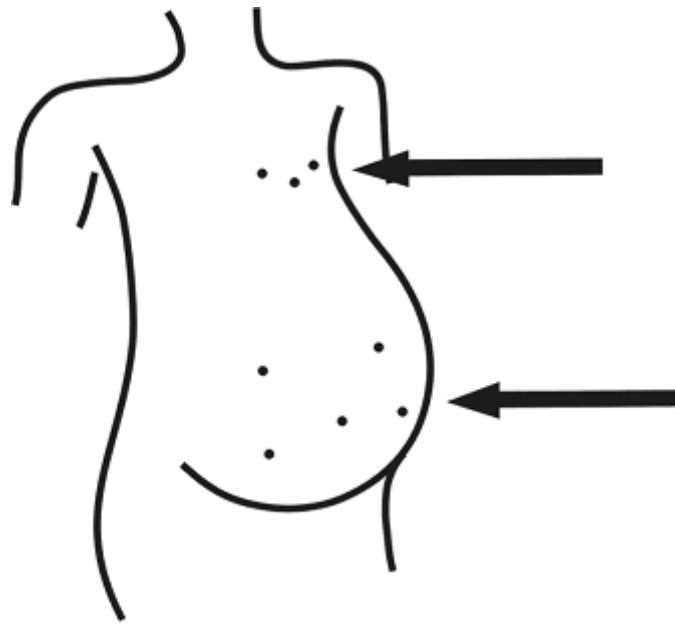
Lo scopo di questo elaborato è quello di isolare l'onda **P** di un elettrocardiogramma (ECG) fetale. Il file su cui si è lavorato è stato ottenuto attraverso l'analisi ICA di un segnale multivariato di partenza, contenente la sovrapposizione dell' ECG materno e dell' ECG fetale.

La misurazione dell'attività elettrica del cuore si basa sull'insorgere degli impulsi nel miocardio che porta alla generazione di differenze di potenziale (ddp) che variano nello spazio e nel tempo e che possono essere registrate tramite degli elettrodi.

Il tracciato elettrocardiografico rappresenta il metodo più facile, meno dispendioso e più pratico per osservare se l'attività elettrica del cuore è normale oppure se sono presenti patologie di natura meccanica o bioelettrica. Il tracciato è caratterizzato da diversi tratti denominati 'onde' (positive e negative) che si ripetono ad ogni ciclo cardiaco. In particolare, l'onda **P** (generalmente di piccole dimensioni) è la prima onda che si genera nel ciclo e corrisponde alla depolarizzazione degli atri; il complesso **QRS** è un insieme di tre onde che si susseguono l'una all'altra e corrisponde alla depolarizzazione dei ventricoli: l'onda **Q** (negativa e di piccole dimensioni) corrisponde alla depolarizzazione del setto interventricolare, la **R** (picco molto alto e positivo) corrisponde alla depolarizzazione dell'apice del ventricolo sinistro e la **S** (negativa e anch'essa di piccole dimensioni) corrisponde alla depolarizzazione delle regioni basali e posteriori del ventricolo sinistro. Infine abbiamo l'onda **T** che rappresenta la ripolarizzazione dei ventricoli e l'onda **U**, non sempre apprezzabile, dovuta alla ripolarizzazione dei muscoli papillari.



L'elettrocardiogramma fetale è un esame che permette di valutare l'eventuale presenza di cardiopatie congenite, ovvero malformazioni del cuore che si presentano dalla nascita in conseguenza di un'alterazione del normale sviluppo del cuore dell'embrione formatosi durante le prime quattro-dieci settimane di gravidanza. Per ottenerlo è possibile applicare cinque elettrodi nella pancia della madre ed altri tre nel torace, come illustrato in figura:



ISOLAMENTO DELL'ONDA P

TECNICA HENGEVELD-VAN BEMMEL

Come già accennato, l'onda **P** rappresenta la contrazione degli atri, il complesso **QRS**, la contrazione dei ventricoli (in particolare, l'onda **R** è il punto più alto), infine le onde **T** della ripolarizzazione ventricolare e l'onda **U** della ripolarizzazione degli strati più profondi.

La tecnica utilizzata per il rilevamento del ritmo **P** dell'ECG è stata proposta da Hengeveld e van Bommel e si basa sui seguenti passi:

- 1) Rilevare il complesso **QRS**, eliminarlo e rimpiazzarlo con una linea di fondo (*baseline*) che viene determinata a partire dall'analisi di pochi campioni precedenti il **QRS**
- 2) Il segnale risultante viene filtrato (a -3dB) da 3Hz a 11Hz
- 3) L'intervallo di ricerca è definito (in ms) come $Qt_{MAX} = \frac{2}{9}R_r + 250$ in cui R_r rappresenta l'intervallo tra un complesso **QRS** e l'altro.
- 4) Il valore minimo ed il valore massimo si trovano in tutte e tre le derivazioni VCG (vectorcardiogramma) dalla fine della precedente onda **T** fino al complesso **QRS**
- 5) Il segnale è rettificato e trasformato in modo da ottenere un segnale a tre livelli facendolo passare attraverso una soglia al 50% e al 75% del valore massimo;
- 6) La cross-correlazione risultante è calcolata con un modello ternario del tutto simile a quanto appena descritto
- 7) I picchi di cross-correlazione corrispondono alla locazione dell'onda **P** dell'ECG originario.

Carichiamo il file **8mom5sonpowerica.mat** dal menu *File->Import Data* ed estraiamo dalla matrice **Y** (che contiene la stima delle componenti indipendenti), la riga 5 che comprende l'ECG fetale:

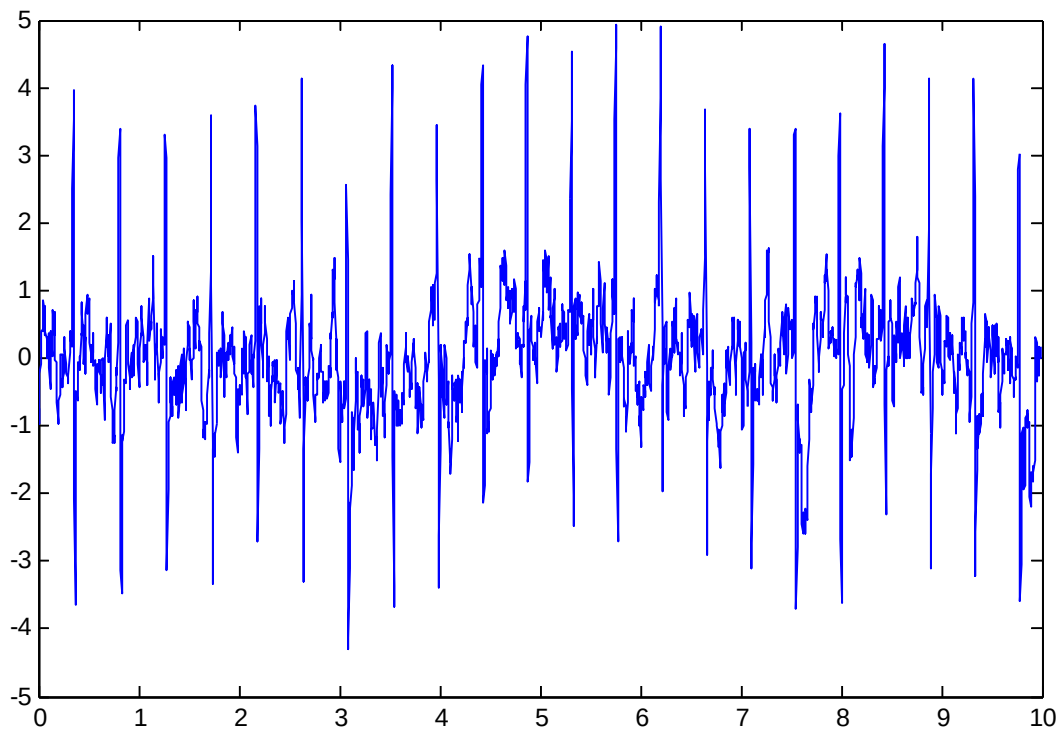
```
ECG=Y(5,:)
```

Definiamo l'asse dei tempi (con un intervallo che va da 0 a 10 secondi ed una spaziatura di 0.004):

```
time=(0:0.004:9.999)
```

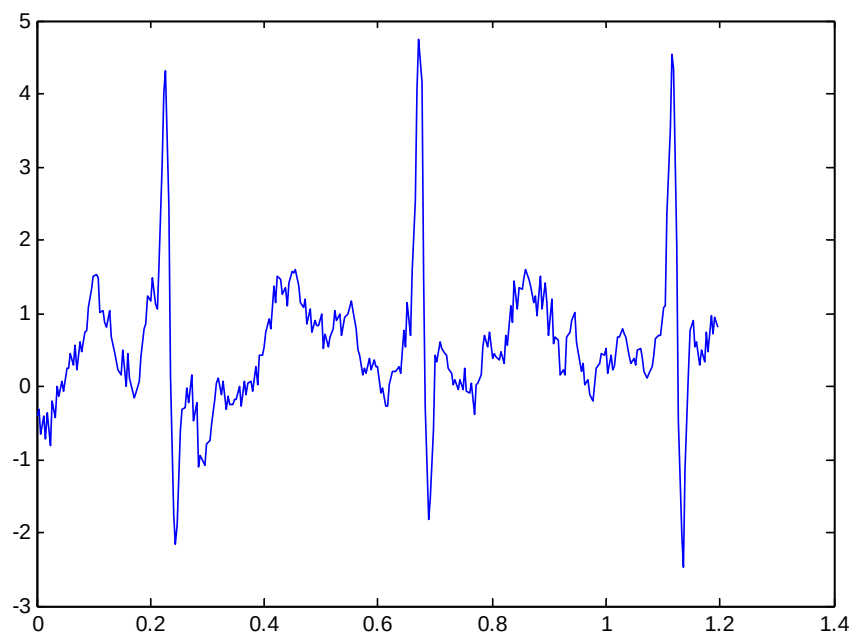
quindi grafichiamo l'ECG fetale attraverso il comando *plot*:

```
plot(time,ECG)
```



Limitaremo l'analisi alle tre onde **P** comprese nell'intervallo che va da 4.5sec a 6 sec. (in tutto 300 campioni); tale scelta è motivata dal fatto che le onde **P** sono per definizione onde positive e le tre onde dell'intervallo scelto sono sufficientemente al di sopra dello zero e ben si prestano ai nostri scopi:

```
ter=ECG(1:1,1050:1349)
t=(0:0.004:1.199)
plot(t,ter)
```

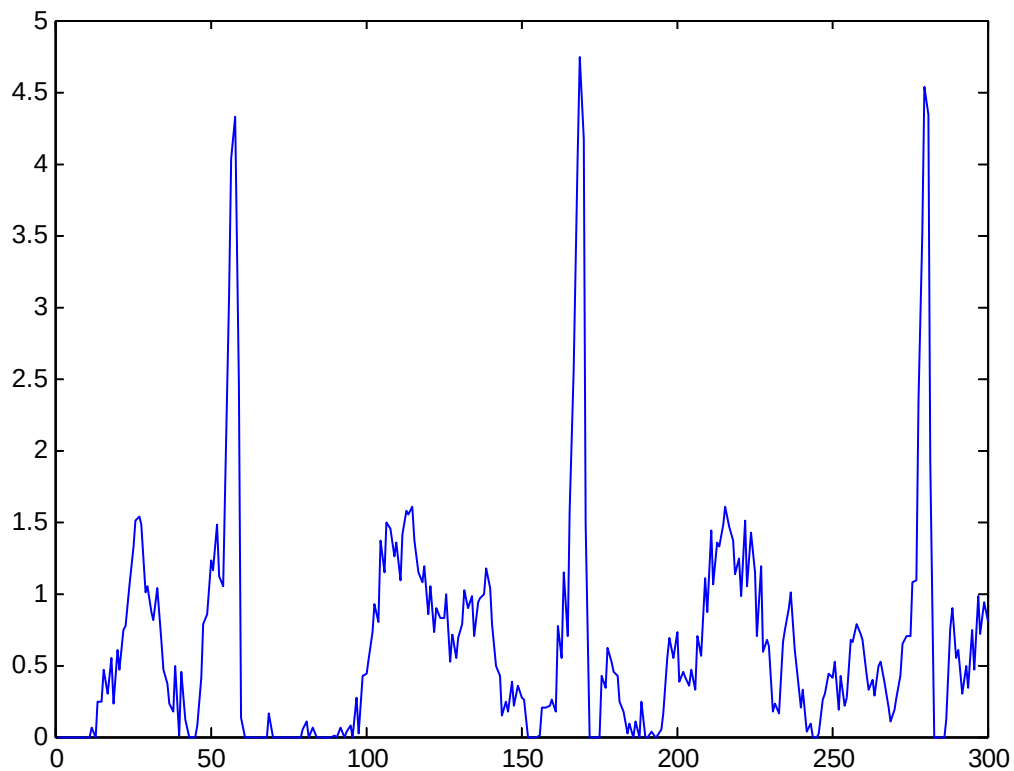


Si può notare che le onde **P** sono di ampiezza molto piccola e di forma variabile, pertanto la loro rilevazione risulta essere difficoltosa.

Per prima cosa bisogna rilevare il complesso **QRS**, cancellarlo e sostituirlo con la *baseline*. Per effettuare tale operazione, cerchiamo di eliminare i valori negativi, in modo da vedere meglio dove si estendono le tre onde **P**; ciò viene svolto da un *M-file* (*soglia.m*).

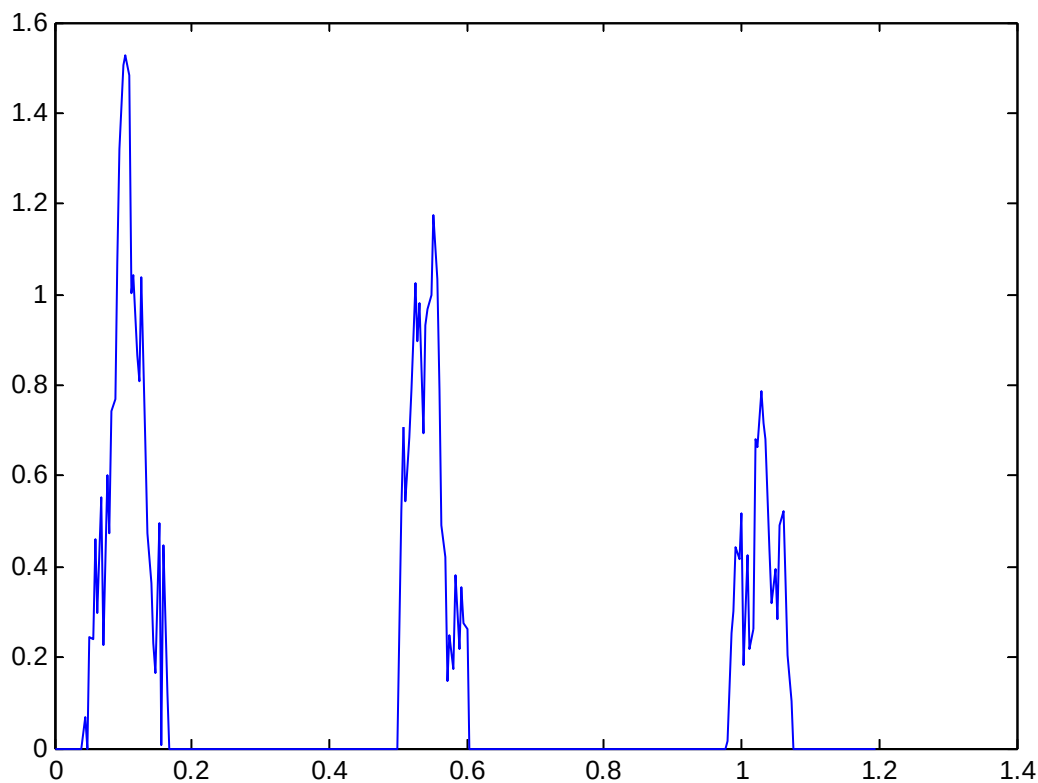
Carichiamo il file *soglia.m* digitando:

```
pos=soglia(ter)
plot(pos)
```



Individuate le onde **P**, attraverso un altro *M-file* (*zero1.m*) sostituiremo tutte le altre onde con degli zeri ed otterremo:

```
p=zero1(pos)
plot (t,p)
```



Abbiamo allora ricavato le tre onde **P** del segnale eliminando il complesso **QRS** e le onde **T**. Ora dobbiamo filtrare il segnale ad un intervallo di frequenza che va da 3 a 11 Hz ; a tal proposito utilizziamo un filtro di *butterworth*.

Stabiliamo la frequenza di campionamento:

`fs=100`

e le frequenze di taglio del filtro:

`Wn=[3*2/fs,11*2/fs]`

Otteniamo poi i vettori dei coefficienti del filtro con la riga di comando:

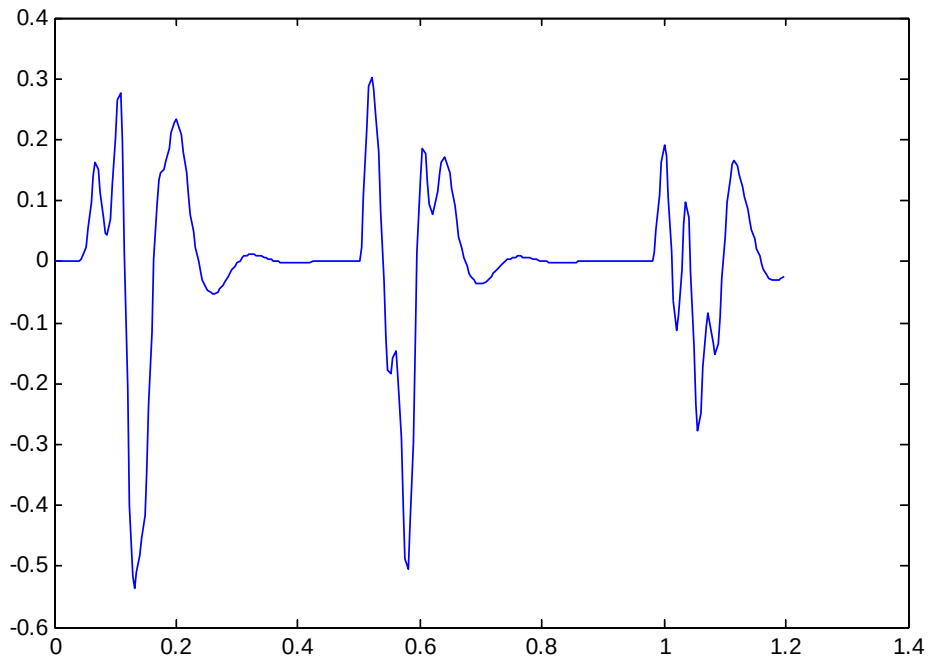
`[b a]=butter(2,Wn); %dove 2 è l'ordine del filtro`

filtriamo i dati con:

`h=filter(b,a,p)`

infine plottiamo il segnale in uscita al filtro:

`plot(t,h)`

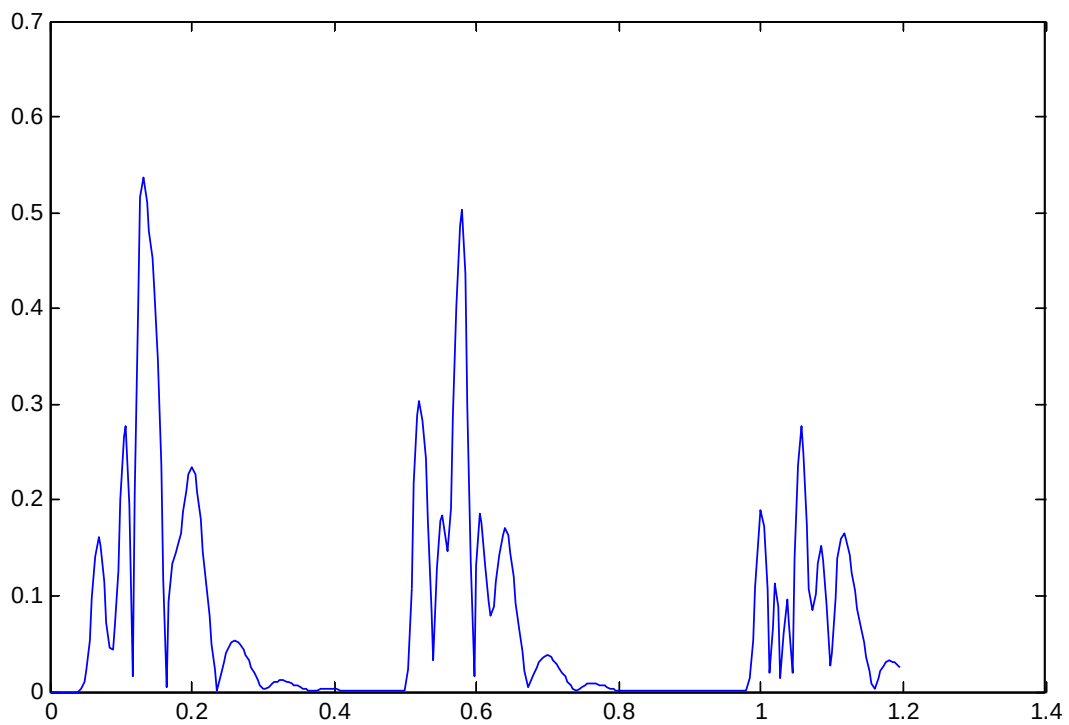


A questo punto rettifichiamo il segnale con *abs*:

`r=abs(h)`

e plottiamo :

`plot(t,r)`



Per ottenere il segnale ternario occorre quantizzare il segnale in modo che possa assumere solo valori pari al 50% o al 75% del suo valore massimo.

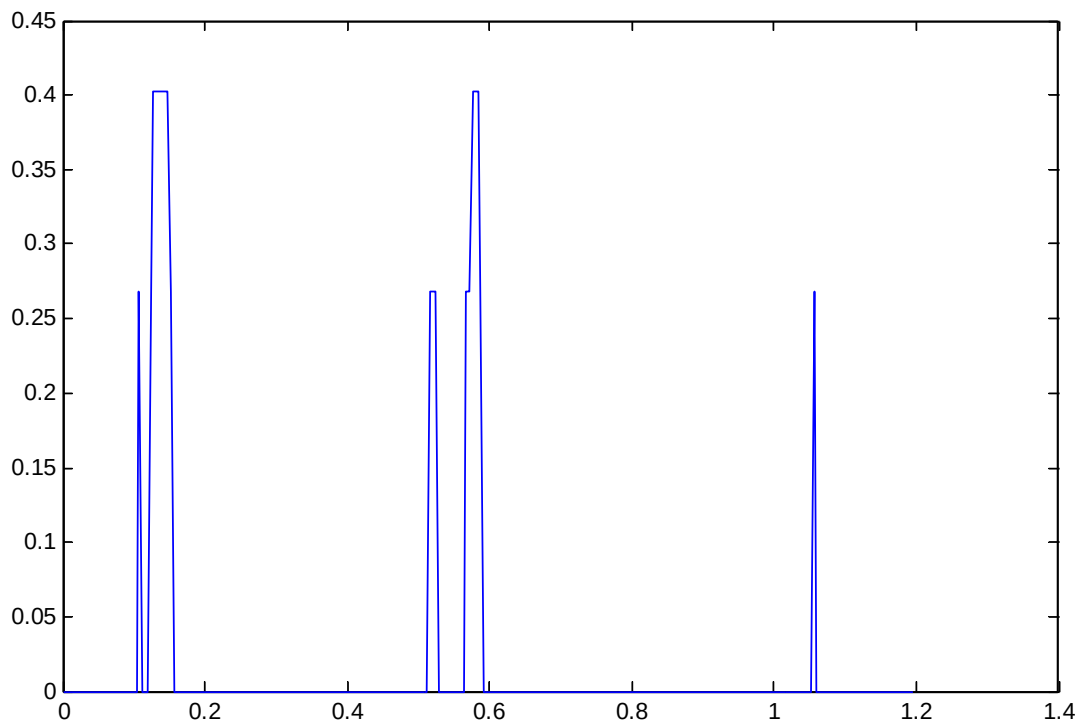

```
mass=max(r); % ottengo il valore di picco
```

Creiamo il vettore che contiene i valori ai quali limitare il segnale e quindi quantizziamo:

```
partition=[ mass*50/100, mass*75/100]  
codebook=[0, mass*50/100, mass*75/100]  
[index quantized]=quantiz(r,partition,codebook)
```

Infine:

```
plot(t,quantized)
```



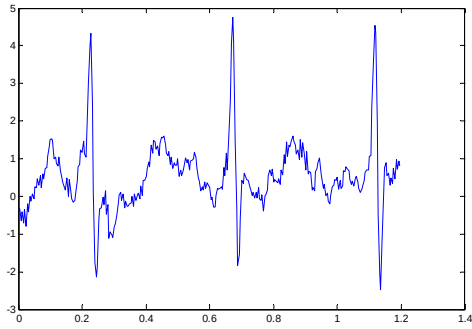
Passiamo ora all'algoritmo per il calcolo della cross-correlazione. Ricordiamo che la cross-correlazione (o **correlazione incrociata**) rappresenta la misura di similitudine di due segnali come funzione di uno spostamento temporale applicato ad uno di essi.

$$R_{xy}(t) = (x \otimes y)(t) = \int_{-\infty}^{+\infty} x^*(\tau) \cdot y(t + \tau) d\tau$$

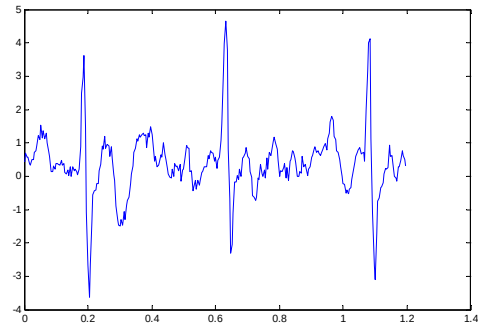
In questo caso, faremo il confronto tra il segnale appena analizzato ed un altro ricavato da altri 3 complessi **PQRT** (ad es. i 300 campioni che vanno da 1970 a 2269):

```
ter1=ECG(1:1,1950:2269)
```

Nella pagina successiva possiamo confrontare i due segnali di cui si analizzerà la cross-correlazione:



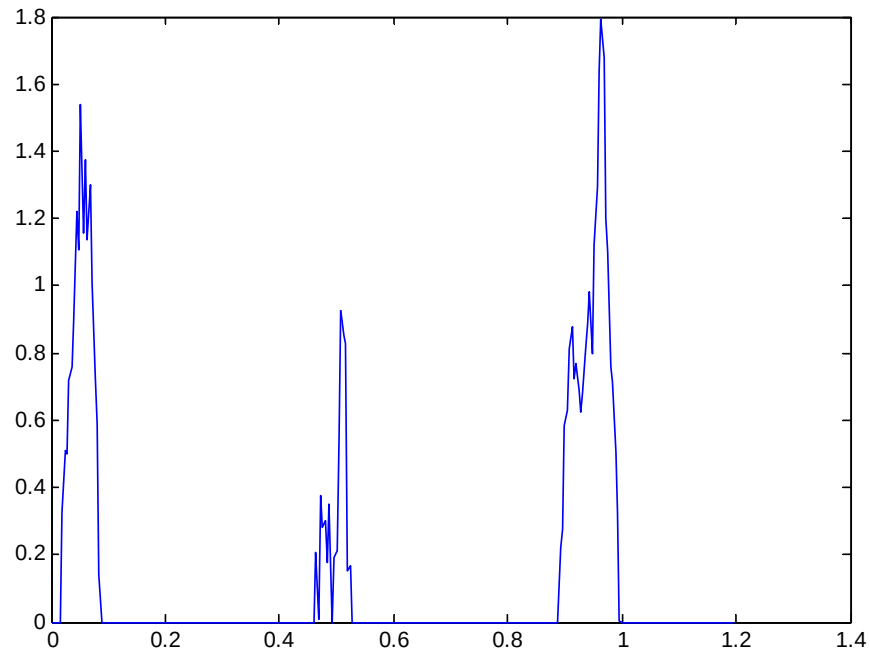
vettore *ter*



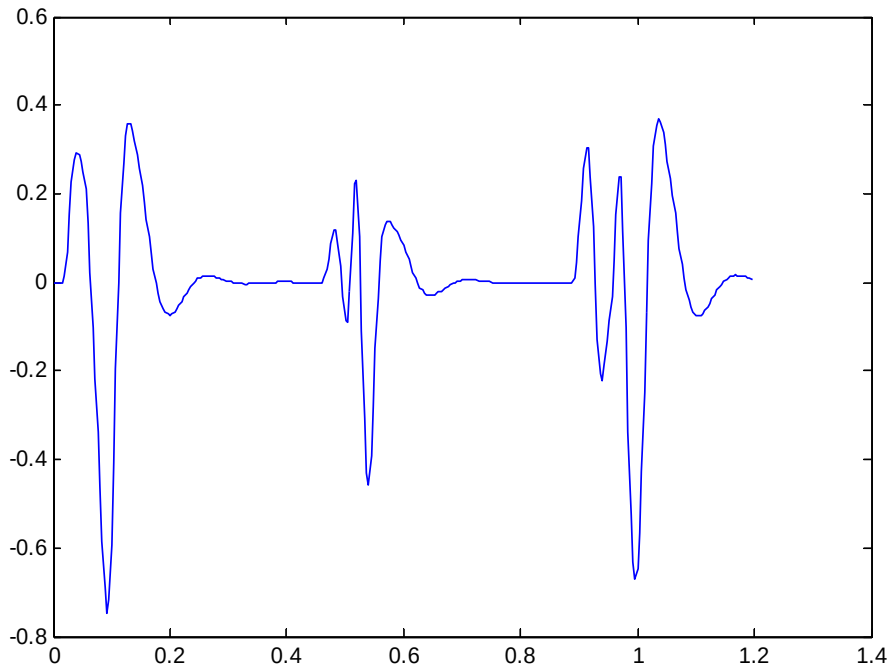
vettore *ter1*

Per quello che riguarda *ter1* si eseguono gli stessi passi già fatti per il vettore *ter*:

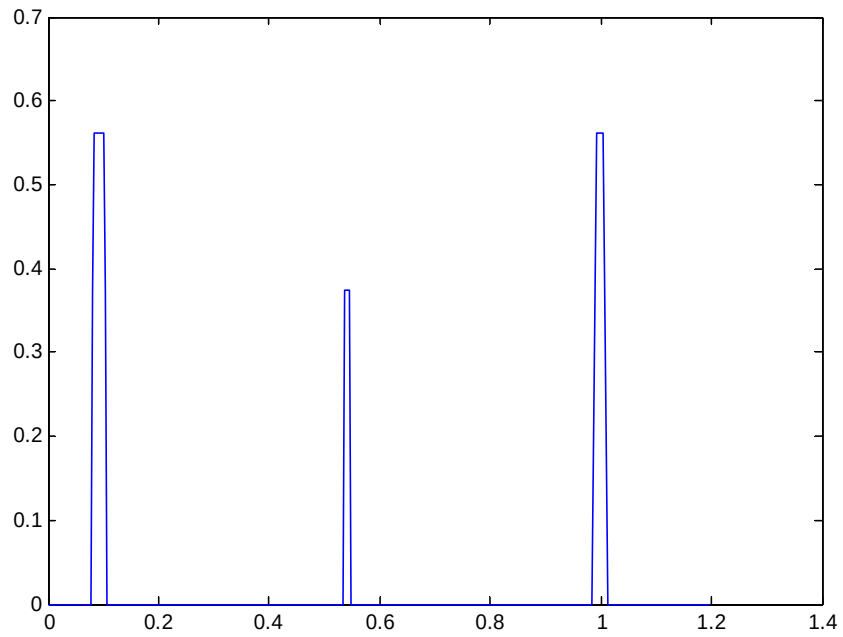
```
pos1=soglia(ter1)
p1=zero2(pos1)
plot(t,p1)
```



```
Wn1=[3*2/fs,11*2/fs]
[b1 a1]=butter(2,Wn1)
h1=filter(b1,a1,p1)
plot(t,h1)
```



```
r1=abs(h1)
mass1=max(r1)
partition1=[ mass1*50/100, mass1*75/100]
codebook1=[0, mass1*50/100, mass1*75/100]
[index1 quantized1]=quantiz(r1,partition1,codebook1)
plot(t,quantized1)
```



Infine effettuiamo la cross-correlazione tra i due modelli ternari.

```
c=xcorr(quantized1,quantized)
```

```
time2=(0:0.004:2.395)
```

```
plot(time2,c)
```

