

## Uso de Rede Neural Percéptron Multi-Camadas na Classificação de Patologias Cardíacas

Y.L.A. LIU, E.E.N. MACAU, J.J. BARROSO, J.D.S. SILVA<sup>1</sup>, <sup>2</sup> Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais, 12227-010 São José dos Campos, SP, Brasil.

Z.O.A. GUIMARÃES-FILHO, I.L. CALDAS<sup>3</sup>, Instituto de Física, USP, São Paulo.

R.L.A. VIANA<sup>4</sup>, Departamento de Física, UFPR, Curitiba.

M.F.A. GODOY<sup>5</sup>, Faculdade de Medicina de São José do Rio Preto, FAMERP.

**Resumo.** As doenças cardiovasculares têm sido a maior causa de morte por doença em todo o território nacional. Atualmente, uma das grandes aliadas para a realização de estudo da fisiopatologia de sistemas biológicos no campo das doenças do coração é a técnica conhecida como Variabilidade da Frequência Cardíaca (HRV). Porém, a HRV apresenta comportamento complexo, o que dificulta a identificação de padrões de doenças específicas. Neste trabalho, utilizamos como diagnóstico dos dados de HRV medidas de complexidade determinadas por meio da Análise de Quantificação de Recorrências (RQA). A classificação dos dados em grupos de patologias é realizada com o uso de redes neurais artificiais do tipo Percéptron de Múltiplas Camadas (MLP). Apresentamos, também, uma discussão sobre as formas e estruturas das redes neurais necessárias para a classificação destes dados.

**Palavra-chave.** variabilidade da frequência cardíaca, análise da quantificação de recorrência, perceptron.

### 1. Introdução

O mundo atual vem assistindo a um aumento considerável do número de pessoas afetadas por doenças de ordem cardiovascular. Em decorrência desse fato, vem havendo esforços continuados na busca por mecanismos que permitam reverter esse quadro ou minimizar seus efeitos na vida dessas pessoas. Nesse sentido, vem sendo explorado com sucesso nos últimos anos técnicas para diagnóstico antecipado de

---

<sup>1</sup>yiling155, elbert, demisio@lac.inpe.br

<sup>2</sup>barroso@plasma.inpe.br

<sup>3</sup>zwinglio@if.usp.br

<sup>4</sup>viana@fisica.ufpr.br

<sup>5</sup>mfgodoy@netsite.com.br

doenças cardíacas baseadas na análise da variabilidade da frequência cardíaca. Estudos recentes mostram que a Variabilidade da Frequência Cardíaca (HRV) fornece um poderoso meio de observar a interação entre o sistema nervoso simpático e parasimpático. A HRV é um sinal não-estacionário, cuja variação pode nos fornecer indicadores de doença ou avisos antecipados sobre doenças cardíacas iminentes. Esses indicadores podem estar presentes em todos os momentos ou ocorrer esporadicamente durante certos intervalos do dia. Por conseguinte, eles se caracterizam por serem ferramentas não invasivas e pouco dispendiosas para avaliação do estado de saúde do sistema circulatório [6].

O entendimento do HRV nos remete à compreensão funcional do coração. À medida que o impulso cardíaco se propaga através do coração, as correntes elétricas se espalham pelos tecidos que o circundam e uma pequena proporção se propaga até a superfície do corpo. Se forem colocados eletrodos sobre a pele, em lados opostos do coração, os potenciais elétricos gerados por essas correntes podem ser registrados; registro esse que é conhecido como eletrocardiograma (ECG). O ECG normal é composto por uma onda P, um complexo QRS e uma onda T (vide figura(1)). O complexo QRS é formado por três ondas distintas, a onda Q, a onda R e a onda S. A onda P é produzida por potenciais elétricos gerados à medida que os átrios se despolarizam, antes de contraírem-se. O complexo QRS se deve aos potenciais gerados quando os ventrículos se despolarizam, antes de contraírem-se. A onda T é devida aos potenciais gerados durante a recuperação dos ventrículos do estado de despolarização. Portanto, o eletrocardiograma é composto por ondas de despolarização e repolarização [2].

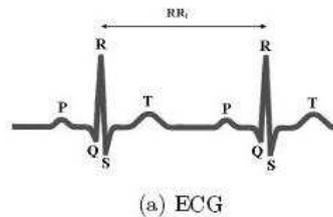


Figura 1: A série de intervalo RR é a seqüência dos intervalos de tempo entre batimentos sucessivos no ECG.

O sinal de HRV consiste de uma série de intervalos de tempo entre as ondas R do ECG - série de intervalos RR (veja a figura(1)). A frequência dos batimentos cardíacos pode ser facilmente determinada pelo eletrocardiograma, pois a frequência cardíaca é a recíproca do intervalo de tempo entre dois batimentos sucessivos. Ao longo deste trabalho, o sinal de HRV é referenciado como série de intervalos RR. A série de intervalos RR não é equidistante em tempo, uma vez que é registrada de acordo com a ordem dos batimentos cardíacos e estes variam ao longo do tempo.

O propósito deste trabalho é o de investigar a eficácia de se usar uma rede neural artificial tipo Percéptron de Múltiplas Camadas (MLP) como o mecanismo que permita identificar a partir de medidas derivadas do sinal de HRV de um recém-

nascido, se este apresenta ou não alguma doença coronariana. A rede é treinada a partir de dados provenientes de duas populações de recém-nascidos, uma com problemas e outra não. Os sinais de HRV são previamente processados, usando-se métodos não-lineares de análise de sinais, cujos resultados obtidos para cada população são empregados no treinamento da rede. Dentre os vários métodos possíveis de serem aplicados, usamos para processamento a razão  $SD1/SD2$ , derivada do mapa de Poincaré, função de autocorrelação e quantificadores obtidos a partir do mapa de recorrência (RP). Na seção seguinte, apresentamos esses métodos.

## 2. Métodos Não Lineares de Análise

A razão das dispersões -  $SD1/D2$  - é calculada a partir do mapa de Poincaré. Este é um gráfico no qual cada intervalo RR, aqui identificado como  $R - R(i)$ , é graficado como uma função do intervalo RR anterior. O mapa de Poincaré fornece tanto informações resumidas, como detalhadas do batimento cardíaco, que podem ser usadas para diagnosticar o comportamento do coração. Ele pode ser analisado quantitativamente pelo cálculo das distâncias de desvio padrão do intervalo  $R - R(i)$  para a linha  $y = x$  e  $y = -x + 2(R - R_m)$ , onde  $R - R_m$  é a média de todos  $R - R(i)$ . Os desvios padrões são referidos como  $SD1$  e  $SD2$ , respectivamente.  $SD1$  está relacionado com a variabilidade do batimento rápido presente na série, enquanto  $SD2$  descreve a variabilidade de longa duração de  $R - R(i)$ .  $SD1/SD2$  mostra a razão entre a variação do intervalo curto e a variação de intervalo longo. Em outra palavra, a  $SD1/SD2$  é a razão entre as dispersões da diferença entre os intervalos de tempo de pulsos adjacentes pela dispersão global dos intervalos de tempo dos batimentos [6], por outro lado, a função de auto-correlação (LAG) fornece uma indicação da relação de dependência estatística (correlação) entre os valores da série temporal com seus valores atrasados em um número de intervalos de tempo. Assim, uma série de dados com LAG igual a dois possui muito mais variações de curto prazo do que uma outra com LAG igual a 10. Por exemplo, uma série de números aleatórios estatisticamente independentes uns dos outros (como os resultados de um jogo de dados não viciados) tem LAG igual a zero.

### 2.1. Gráficos de Recorrência e Suas Quantificações

Como a HRV apresenta comportamento complexo e variante no tempo, é recomendável que a identificação de padrões de comportamento se faça com métodos apropriados. Nesse trabalho, utilizamos quantificadores baseados no emprego do chamado Mapa de Recorrência (RP). Essa técnica hoje é extensivamente empregada na análise de sinais complexos, que podem ser analisados através da introdução dos chamados quantificadores, que permitem quantificar o comportamento do sinal analisado. Tem-se, assim o método denominado de Análise de Quantificação de Recorrência (RQA) [4, 1, 8, 7]. O método de RP foi primeiro introduzido para visualizar o comportamento tempo dependente dos sistemas dinâmicos, que pode ser traçado como uma trajetória  $\vec{x}_i \in \mathbb{R}^n (i = 1, \dots, N)$  no espaço de fase  $n$  dimensional [4]. A ferramenta RP identifica as recorrências da trajetória no espaço de fase, o que facilita a

visualização das recorrências e pode ser expressa pela matriz

$$R_{i,j}(\epsilon) = \Theta(\epsilon - \|\vec{x}_i - \vec{x}_j\|), i, j = 1, \dots, N$$

onde  $\epsilon$  é a distância limiar (threshold),  $\Theta(x)$  é a função heaviside e  $\|\cdot\|$  é uma norma euclidiana. A RP mostra características de padrões em grande e pequena escala, que são causadas por comportamento dinâmico típico, ou seja, linhas pretas diagonais, horizontais ou verticais. Zbilut e Webber definem medidas usando a densidade do ponto recorrência e estruturas de linhas diagonais e verticais na recorrência gráfica e, assim, calculam o determinismo (DET), a entropia de Shannon (ENTR), a laminaridade (LAM), o comprimento médio das estruturas diagonais (Ldm) e o comprimento médio das estruturas horizontais e verticais (TT)[5].

### 2.1.1. Medidas baseadas em linhas diagonais

As próximas medidas são baseadas em  $P(\epsilon, l)$  com linhas diagonais de comprimento  $l$ , isto é,

$$P(\epsilon, l) = \sum_{i,j=1}^N (1 - R_{i-1,j-1}(\epsilon))(1 - R_{i+1,j+1}(\epsilon)) \prod_{k=0}^{l-1} R_{i+k,j+k}(\epsilon).$$

As linhas diagonais são formadas quando o sistema percorre, em tempos distintos, uma mesma região do espaço de fases, de um mesmo modo. A existência de evoluções temporais similares é uma indicação clara da existência de regras determinísticas regendo o comportamento dinâmico do sistema. Por este motivo, a razão entre pontos de recorrência que formam estruturas diagonais e todos os pontos de recorrências é introduzida como uma medida para determinismo do sistema:

$$DET = \frac{\sum_{l=l_{min}}^N lP(l)}{\sum_{l=1}^N lP(l)}.$$

O comprimento médio das estruturas diagonais é o tempo médio em que dois segmentos da trajetória ficam próximos um do outro, e pode ser interpretado como o tempo médio de previsibilidade do sistema:

$$Ldm = \frac{\sum_{l=l_{min}}^N lP(l)}{\sum_{l=l_{min}}^N P(l)}.$$

A medida de entropia referente à entropia de Shannon da probabilidade  $p(l) = P(l)/N_l$  para achar uma linha diagonal de comprimento  $l$  na RP.

$ENTR = -\sum_{l=l_{min}}^N p(l) \ln p(l)$ . ENTR reflete a complexidade da RP em respeito das linhas diagonais [5].

### 2.1.2. Medidas baseadas em linhas verticais/horizontais

O número total de linhas verticais de comprimento  $v$  no gráfico de recorrências é dado por

$$P(v) = \sum_{i,j=1}^N (1 - R_{i,j})(1 - R_{i,j+v}) \prod_{k=0}^{v-1} R_{i,j+k}(\epsilon).$$

Como os RPs são simétricos, as estruturas verticais são equivalentes às horizontais. Uma vez que estas estruturas estão relacionadas com a permanência do sistema na mesma região do espaço de fases durante  $v$  pontos seguidos, a razão entre os pontos de recorrência que formam as estruturas verticais e o conjunto inteiro de pontos de recorrência computada por

$$LAM = \frac{\sum_{v=v_{min}}^N vP(v)}{\sum_{v=1}^N vP(v)}$$

é chamada laminaridade.

O comprimento médio das estruturas horizontais e verticais é dado por

$$TT = \frac{\sum_{v=v_{min}}^N vP(v)}{\sum_{v=v_{min}}^N P(v)}$$

e é chamado tempo de aprisionamento [5].

Dessa forma, neste trabalho estamos interessados em responder as seguintes questões: indicadores baseados em RQA são boas técnicas para separar diferentes grupos de pacientes? Qual dos dois conjuntos de diagnósticos (tradicionais ou baseados em RQA) contém mais informação para diferenciar grupos de pacientes? Como este problema é não-linear, a classificação de indicadores em RQA utilizando Redes Neurais se torna um recurso potencialmente útil para a classificação de pacientes.

### 3. Percéptron multi-camadas(MLP)

As Redes Neurais Artificiais (RNA) são modelos matemáticos para análise de dados inspirados nas estruturas neuronais do cérebro. É um modelo conexionista, com grande poder de resolução de problemas complexos e não-lineares, com aplicações em várias áreas. Redes Percéptron de Múltiplas Camadas (MLP) são computacionalmente mais poderosas do que as redes sem camadas escondidas. As MLP podem tratar dados que não são linearmente separáveis. A precisão obtida e a implementação da função dependem do número de neurônios utilizados nas camadas escondidas. O processamento realizado por cada neurônio é definido pela combinação dos processamentos realizados pelos neurônios da camada anterior que estão conectados a ele. A partir da primeira camada escondida até a camada de saída, as funções implementadas se tornam cada vez mais complexas. Essas funções definem como é formada a divisão do espaço de decisão [3].

Existem vários algoritmos para treinar as redes MLP. Dentre esses, o algoritmo de aprendizado mais conhecido para treinamento destas redes é o da retropropagação do gradiente do erro observado. Este é um algoritmo supervisionado, que usa a saída desejada para cada entrada fornecida para ajustar os parâmetros, denominados pesos (e aqui indicados por  $w$ ) da rede de acordo com a regra delta. Além disso, o ajuste de pesos utiliza o método da retropropagação do gradiente para definir as correções a serem aplicadas.

$$w_j(n+1) = w_j(n) + \Delta w_j(n),$$

o neurônio  $j$  é um nó de saída, na iteração  $n$ .

Gradiente descendente:

$$\Delta w_j(n) = -\eta \frac{\partial \varepsilon(n)}{\partial w_j(n)},$$

onde  $\eta$  é a taxa de aprendizagem e  $\varepsilon(n)$  é a soma instantânea dos erros quadráticos, na iteração  $n$ .

O treinamento ocorre em duas fases que são chamadas de fase para frente “forward” e fase para trás “backward”. Na fase para frente, um conjunto de saída é produzido como resposta real da rede e na fase para trás, os pesos sinápticos são atualizados através de regra delta para que a resposta real da rede se mova para mais perto da resposta desejada. Aplicou-se a regra delta generalizada:

$$\Delta w_{ij}(n) = \alpha \Delta w_{ij}(n-1) + \eta \delta_j(n) y_i(n),$$

onde  $\delta_j(n)$  é o gradiente local e  $y_i(n)$  é o sinal funcional que aparece no neurônio  $i$ , na iteração  $n$ . Usou-se a constante de momento  $\alpha$  para aumentar a taxa de aprendizagem  $\eta$  e diminuir a instabilidade [3].

O objetivo do trabalho foi avaliar o comportamento de uma Rede Neural Perceptron de Multicamadas para classificação de diagnósticos baseados em métodos não lineares e em RQA para grupos de pacientes.

## 4. Metodologia

Foram utilizadas séries de 1000 pontos de intervalos RR de 74 pacientes, todos recém-nascidos, sendo que 37 deles apresentavam doenças coronárias (PC), enquanto outros 37 eram clinicamente considerados normais (EE). Computou-se, para todas as séries, os valores dos diagnósticos não lineares, ou seja, SD1/SD2 e LAG, e dos indicadores em RQA, isto é, DET, ENTR, LAM, Ldm e TT. Primeiramente, foi feito o histograma para a visualização da distribuição de cada técnica para grupos EE e PC. O uso de histograma é aconselhado para evitar a impressão de dados pareados, além de permitir verificar se os conjuntos seriam linearmente separáveis. Posteriormente, foi feita a separação dos tipos de diagnósticos entre os tradicionais e os novos, para que fosse possível discriminar os grupos baseando-se apenas nos dados dos diagnósticos tradicionais por uma rede R1. Uma segunda rede R2 foi treinada, utilizando apenas os dados dos diagnósticos do RQA. E de forma complementar, uma terceira rede R3 foi treinada, utilizando os dados de todos os 7 diagnósticos. Essas redes foram desenvolvidas em ambiente Matlab.

Utilizou-se saídas bipolares (1 e -1) tanto para as redes com uma camada quanto para redes com duas camadas escondidas. A saída desejada da rede R3 com tamanho  $14 \times 2$  (onde as linhas representam as 7 medidas sobre os grupos EE e PC) combinou as saídas desejadas da rede 1 e rede 2. As redes R1, R2 e R3 foram utilizadas com as respectivas topologias  $4 \times 37$  (onde as linhas representam as medidas de SD1/SD2 e LAG sobre os grupos EE e PC),  $10 \times 37$  (onde as linhas representam as medidas dos 5 indicadores sobre os grupos EE e PC) e  $14 \times 37$  (combinando as topologias da rede 1 e rede 2). As redes MLP R1, R2 e R3 foram testadas com duas camadas escondidas, variando-se o número de neurônios em cada uma delas. As funções de

ativação testadas nas camadas escondidas foram a sigmóide logarítmica e a tangente hiperbólica; na camada de saída utilizou-se a função linear. Os pesos (e os bias) foram inicializados de forma randômica a partir de uma distribuição uniforme no intervalo unitário, o número máximo de épocas foi 5000 e o erro alvo foi 0.0001. Para separar os grupos de EE e PC dos tipos de diagnósticos entre os tradicionais e os novos indicadores, considerou-se a rede com duas saídas (bipolar).

## 5. Resultados Experimentais

### 5.1. Dados de entrada

Graficou-se os dados (não normalizados) com histograma e conseguiu-se uma distinção direta entre os grupos EE e PC que é razoavelmente bem caracterizada com o uso da laminaridade, porque a maioria dos pacientes EE estão entre os valores de 0.8 e 1.0, enquanto os pacientes de PC em relação à laminaridade estão bem distribuídos em todos os valores. Portanto, podemos afirmar conclusivamente a partir do histograma que as 2 classes *não são linearmente separáveis*.

### 5.2. Treinamento

O desempenho da rede foi avaliado considerando o erro (erro quadrático médio) e o número de épocas para treinamento. Foram realizados vários testes com diferentes valores de parâmetros de aprendizagem e taxa de momento e diferentes números de neurônios para a camada escondida das redes neurais artificiais. Os valores dos parâmetros de aprendizagem avaliados foram 0.05, 0.2 e 0.5 e das taxas de momento foram 0.01 e 0.1. Os números de neurônios utilizados para as camadas escondidas foram 5, 10 e 15. Durante o treinamento das redes 1, 2 e 3, gerou-se o conjunto dos resultados. Note que os 15 números de neurônios para as camadas escondidas, taxa de aprendizagem de 0.5 e taxa de momento de 0.1 não são bons parâmetros para representar a classificação dos padrões, com maior erro e época de treinamento. Por outro lado, utilizando os 5 e 10 números de neurônios para as camadas escondidas, taxas de aprendizagem de 0.2 e de momento de 0.01, as redes apresentam melhor classificação dos grupos de pacientes. A tabela (1) mostra o melhor desempenho que se obteve com as redes, resultado este advindo a partir de extensivos experimentos envolvendo a variação dos parâmetros da rede.

A partir da tabela (1), podemos notar que a rede R3 com duas camadas escondidas produziu o melhor desempenho, com menor erro e época de treinamento, devido aos pesos iniciais gerados e aos parâmetros escolhidos; além disso, as R1, R2 e R3 com duas camadas escondidas mostraram melhores resultados do que com uma camada escondida. As figuras abaixo mostram as “clusterização” em dois grupos das redes R1, R2 e R3 com duas camadas escondidas. A figura (2(a)) mostra que a rede R1 com duas camadas escondidas conseguiu separar os pacientes em dois grupos de diagnósticos tradicionais, sendo que o inferior esquerdo com estrela azul é o LAG de EE (veja saída real (1.0273,1.0239)) e o superior direito com estrela azul é o LAG de PC (saída real (-0.9849,-0.9563)), mas não tão próximos às saídas

Tabela 1: Comparação entre as redes de melhor desempenho.

Comparação de melhor desempenho das redes com uma camada					
Rede	Número neurônios	Melhor erro	Melhor época	Erro com 30 treinamentos	
				Média	Desvio padrão
R1	5	$5,3 \times 10^{-5}$	8	$5,1 \times 10^{-5}$	$3,2 \times 10^{-5}$
R2	5	$8,5 \times 10^{-5}$	7	$5,8 \times 10^{-5}$	$3,7 \times 10^{-5}$
R3	5	$3 \times 10^{-6}$	3	$4,3 \times 10^{-5}$	$3,5 \times 10^{-5}$

Comparação de melhor desempenho das redes com duas camadas					
Rede	N.neurônios (1 camada,2 camada)	Melhor erro	Melhor época	Erro com 30 treinamentos	
				média	desvio padrão
R1	(10,5)	$5 \times 10^{-5}$	11	$2,8 \times 10^{-5}$	$2 \times 10^{-5}$
R2	(10,5)	$2 \times 10^{-6}$	2	$2,3 \times 10^{-5}$	$2,2 \times 10^{-5}$
R3	(10,5)	$1 \times 10^{-6}$	3	$3,2 \times 10^{-5}$	$3,1 \times 10^{-5}$

desejadas. O mesmo ocorre para Sd1/Sd2. Na figura (2(b)) podemos notar que a rede R2 com duas camadas escondidas separa bem os pacientes em dois grupos de diagnósticos de RQA. As saídas reais são próximas às saídas desejadas com pequeno erro de treinamento, como pode ser visto na tabela (1), que mostra os valores das saídas reais (Note que a tabela (2) mostra o pequeno erro de  $2 \times 10^{-6}$ ).

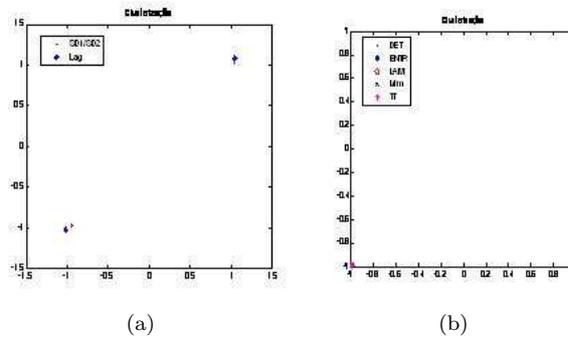


Figura 2: (a) R1 e (b) R2 : ambos com duas camadas e “clusterização” em 2 grupos.

A comparação da qualidade dos resultados da discriminação dos grupos obtidos com as redes R1 e R2 indica qual dos dois conjuntos de diagnósticos contém mais informação para diferenciar os grupos de pacientes. Então, pelos resultados das figuras (2(a)) e (2(b)) e da tabela (2), podemos dizer que o conjunto de diagnósticos de RQA é uma técnica melhor na separação de pacientes de EE e PC do que o conjunto de diagnósticos tradicionais. A figura (3) mostra que na rede R3 com duas camadas escondidas ocorre a clusterização de dois grupos com sete diagnósticos. A

Tabela 2: Saídas reais da Rede R1, R2 e R3.

Redes	Pacientes	Saída 1	Saída 2	Pacientes	Saída 1	Saída 2
R1	Sd1-Sd2-EE	-0.9849	-0.9563	LAG-EE	-1.0137	-1.0117
R1	Sd1-Sd2-PC	1.02735	1.0239	LAG-PC	1.0197	1.0189
R2	DET-EE	-0.9980	-0.9982	LAM-PC	0.9926	0.9881
R2	DET-PC	0.9925	0.9881	LDM-EE	-0.9980	-0.9982
R2	ENTR-EE	-0.9980	-0.9982	LDM-PC	0.9920	0.9875
R2	ENTR-PC	0.9921	0.9876	TT-EE	-0.9980	-0.9982
R2	LAM-EE	-0.9800	-0.9982	TT-PC	0.9920	0.9875
R3	Sd1-Sd2-EE	-0.9979	-0.9978	ENTR-PC	1.0121	1.0116
R3	Sd1-Sd2-PC	1.0131	1.0126	LAM-EE	-0.9979	-0.9978
R3	LAG-EE	-0.9991	-1.0001	LAM-PC	1.0124	1.0119
R3	LAG-PC	1.0461	1.0483	LDM-EE	-0.9978	-0.9978
R3	DET-EE	-0.9979	-0.9979	LDM-PC	1.0121	1.0116
R3	DET-PC	1.0124	1.0119	TT-EE	-0.9978	-0.9978
R3	ENTR-EE	-0.9979	-0.9979	TT-PC	1.0121	1.0116

saída real de LAG de PC está na região superior direita (1.0461, 1.0483) e se afasta da saída desejada provavelmente devido aos casos de autocorrelação oscilatórias nos pontos iniciais, pois a informação do LAG não é um bom indicador. A mesma comparação para R1 (figura (2)) e R3 (figura (3)) indica o acréscimo de qualidade para diferenciar os grupos que é conseguido com a inclusão das informações baseadas em RQA.

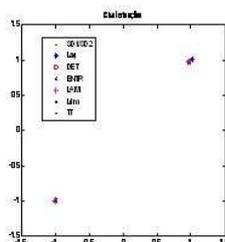


Figura 3: R3: “clusterização” em 2 grupos.

## 6. Conclusões

Pode-se concluir que o uso de RNAs para a separação entre os diferentes grupos de pacientes apresentou bons resultados no trabalho proposto. As redes conseguiram separar os dados de entradas em dois grupos distintos com as sete técnicas. A rede com duas camadas escondidas com 10 e 5 neurônios, respectivamente, foi a que apre-

sentou o melhor resultado na clusterização dos dois grupos em sete diagnósticos. A função tangente hiperbólica forneceu melhor resultado quando comparada a função sigmóide logarítmica. Os parâmetros adequados de aprendizagem e momento foram 0.2 e 0.01. Pela primeira comparação entre R1 e R2, podemos dizer que o conjunto de diagnósticos baseados em RQA contém mais informações do que a técnica tradicional para separar os pacientes EE e PC. A segunda comparação entre R1 e R3 mostra o aumento de qualidade na distinção dos dois grupos de pacientes.

### Agradecimento

Este trabalho foi parcialmente suportado pela FAPESP e CNPq. YLL agradece a Juliana de Mattos Guerra pelo auxílio na revisão do português.

**Abstract.** Cardiovascular diseases are the major cause of death in our country. Currently, a main ally to the realization of the pathophysiology studies of biological systems in the field of heart diseases is the technique known as the heart rate variability (HRV). However, the HRV has a complex behavior, making it difficult to identify patterns of specific diseases. Thus, in this work, recurrence plots of data HRV, based on measures of complexity, and the values of the indicators under review for quantification of recurrence (RQA) are being used. Then, main objective of this work is to study the forms and structures (topology) of neural networks to classify diagnoses and traditional indicators in RQA groups of patients.

### Referências

- [1] G.S. Everton, “Caracterização de Sistemas Dinâmicos Através de Gráficos de Recorrência”, Dissertação de mestrado, UFPR, 2008.
- [2] A.C. Guyton, J.E. Hall, “Fisiologia Humana e Mecanismos das Doenças”, Ed. Guanabara Koogan, 1998.
- [3] S. Haykin, “Redes Neurais: Princípios e Prática”, Bookman, 2001.
- [4] N. Marwan, N. Wessel, U. Meyerfeldt, A. Schirdewan, J. Kurths, Recurrence plot based measures of complexity and its application to heart rate variability data, *Phys. Rev. E*, **66**, No. 2 (2002), 0267-0282.
- [5] N. Marwan et al., Recurrence plots for the analysis of complex systems, *Physics Reports*, **438**, (2007), 237-329.
- [6] U. Rajendra Acharay et al., Heart rate variability: a review, *Med. Bio. Eng. Comput.*, **44** (2006), 1031-1051.
- [7] C.L. Webber Jr., J.P. Zbilut, Dynamical assessment of physiological systems and states using recurrence plot strategies, *J. Appl. Physiol.*, **76**, No. 2 (1994), 965-973.
- [8] J.P. Zbilut, C.L. Webber Jr., Embeddings and delays as derived from quantification of recurrence plots, *Phys. Lett. A*, **171**, No. 3-4 (1992), 199-203.