Segmentação de Eletrocardiogramas de Cães usando Redes Neurais Convolucionais

Pedro Pordeus Santos, Nathaniel Salvador de Oliveira, Gabriel Veloso Paim, Luis Felipe Neves dos Santos e Danilo Silva

***Resumo*— Exames de eletrocardiograma são fundamentais no diagnóstico de doenças cardíacas em animais. Contudo, a segmentação manual das ondas que compõem um ECG é uma tarefa laboriosa. Este trabalho propõe um algoritmo baseado em redes neurais convolucionais capaz de segmentar com precisão as ondas P, QRS e T em complexos cardíacos de cães. O algoritmo atingiu erro absoluto médio inferior a 2 amostras em 99% das predições e uma taxa de falsos negativos abaixo de 0.02%. O algoritmo proposto também superou um algoritmo baseado em transformada *wavelet* utilizado em um software veterinário atual, apresentando um desempenho aproximadamente três vezes melhor.**

***Palavras-Chave*— ECG Veterinário, Segmentação de ECG, Aprendizado Profundo.**

***Abstract*— Electrocardiogram exams are essential in the diagnosis of heart diseases in animals. However, manually segmenting the waves that compose an ECG is a laborious task. This work proposes an algorithm based on convolutional neural networks that accurately segments the P, QRS, and T waves in the cardiac complexes of dogs. The algorithm achieved a mean absolute error of less than two samples in 99% of predictions and a false negative rate of under 0.02%. Additionally, this proposed algorithm outperformed a *wavelet* transform-based method currently used in veterinary software, demonstrating performance that is approximately three times better.**

***Keywords*— Veterinary ECG, ECG Segmentation, Deep Learning**

I. Introdução

O exame de eletrocardiograma (ECG) consiste no registro da atividade elétrica do coração ao longo do tempo através de medidas dos impulsos elétricos por meio de eletrodos. O exame tem alto valor clínico por ser não invasivo e rápido, permitindo obter informações valiosas para o diagnóstico de doenças cardíacas. O sinal é composto por diversas ondas periódicas, dentre elas a onda P, o complexo QRS e a onda T, cujas informações de duração e amplitude são importantes para detecção de arritmias e outras anomalias cardíacas [1].

No campo veterinário, os ECGs vêm sendo mais amplamente utilizados nas últimas décadas, se tornando uma ferramenta importante para o diagnóstico animal [2]. Contudo, a demarcação precisa dos pontos de início e fim de cada onda que compõe um complexo cardíaco é uma tarefa que consome um tempo considerável de cardiologistas. Dessa forma, torna-se atrativa a utilização de algoritmos de segmentação de ondas para agilizar esse processo, oferecendo uma análise automatizada e precisa dos sinais, reduzindo a carga de trabalho dos especialistas e aumentando a eficiência da identificação de doenças cardíacas. Em particular, métodos de aprendizado de máquina têm-se mostrado especialmente promissores, beneficiando-se de grandes volumes de dados para alcançar desempenho superior ao de algoritmos tradicionais.

Nesse contexto, o presente trabalho propõe um algoritmo, baseado em redes neurais convolucionais, que recebe um recorte de gravação de derivação D2 de ECG de cães contendo um complexo cardíaco e segmenta com precisão as regiões de onda P, complexo QRS e onda T, a fim de retornar ao cardiologista veterinário sugestões de demarcação para aquisição de informações pertinentes ao diagnóstico.

II. Trabalhos Relacionados

Para dados de ECG humano, alguns trabalhos encontrados na literatura implementam estratégias de aprendizado profundo para segmentação de ondas, obtendo desempenhos bastante elevados. O artigo [3] apresenta uma estratégia com uma rede neural convolucional em um problema de segmentação semântica para trechos de 10 segundos, contendo diversos batimentos cardíacos. Os autores de [4] exploram uma arquitetura similar à UNet para realizar a mesma tarefa que [3], demonstrando ganhos expressivos. Em [5], uma arquitetura que consiste em uma camada convolucional seguida por uma rede LSTM bidirecional é proposta para a tarefa de segmentação de sinais, podendo conter mais de um complexo cardíaco. O artigo [6] propõe um algoritmo composto pela identificação de picos de onda R por heurísticas para segmentação das janelas contendo um batimento cardíaco, em conjunto com uma rede convolucional para localização dos pontos de interesse: picos de onda P e T, e início e fim do complexo QRS.

No entanto, na área veterinária, existe uma escassez de trabalhos sobre segmentação de ECG automatizada, possivelmente devido à ausência de dados públicos anotados. Embora existam bases públicas e respectivos trabalhos envolvendo outras tarefas—por exemplo, [2] aborda a classificação de arritmias e distúrbios de condução em dados veterinários—não foram publicados, até onde sabemos, trabalhos ou bases anotadas referentes à tarefa de segmentação de ondas de ECG. Por outro lado, não seria aceitável em uma solução comercial a adoção direta de técnicas de desenvolvidas para ECG humano, devido às diferenças fisiológicas entre as espécies, que influenciam diretamente a morfologia dos sinais.

O presente trabalho visa contribuir para o preenchimento desta lacuna na literatura, investigando algoritmos de aprendizado profundo para segmentação de ondas de ECG de cães.

Pedro Pordeus Santos e Danilo Silva, Departamento de Engenharia Elétrica e Eletrônica, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, SC, e-mails: pedropordeuss@gmail.com; danilo.silva@ufsc.br. Nathaniel Salvador de Oliveira e Gabriel Veloso Paim, INpulse Animal Health, Florianópolis, SC, e-mails: noliveira@inpulse.vet; gpaim@inpulse.vet. Luis Felipe Neves dos Santos, Purdue University, West Lafayette, IN, EUA, e-mail: dossantos@purdue.edu. Este trabalho foi parcialmente financiado pelo CNPq.

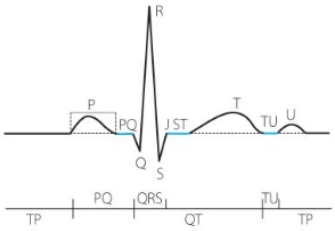

Fig. 1. Segmentos e intervalos de um complexo cardíaco (extraído de [7]).

Fig. 2. Exemplo de complexo cardíaco com anotações incorretas.

III. Fundamentação Teórica

A. Complexo Cardíaco de um Eletrocardiograma

O sinal de ECG registra as variações de potencial elétrico da despolarização e repolarização do miocárdio atrial e ventricular do coração, descrevendo os batimentos cardíacos por variações de um traçado em relação à sua linha de base, sendo cada batimento um conjunto, ou complexo, de ondas neste traçado. As principais ondas observáveis em um batimento são: onda P (despolarização atrial), complexo QRS (despolarização ventricular) e onda T (repolarização ventricular), além de outras menos frequentemente observadas, como a onda U (proveniente da repolarização ventricular). Dentro de um traçado de ECG, alguns segmentos e durações possuem importância clínica para definir arritmias e outros distúrbios, como o intervalo PQ, QT e segmento ST, observáveis na Figura 1 [7].

B. Segmentação Semântica

Segmentação semântica, no contexto de visão computacional, consiste na tarefa de segmentar regiões de uma imagem classificando cada pixel de acordo com um determinado conjunto de rótulos [8]. Este problema pode ser também contemplado para sinais unidimensionais ao classificar cada amostra de tempo discreto de um sinal, como em [3] e [4].

Para problemas de classificação em aprendizado profundo, busca-se implementar arquiteturas de redes neurais a fim de minimizar uma função de perda entre as entradas e rótulos do conjunto de dados, sendo a função de perda mais comumente utilizada a entropia cruzada. Os rótulos, no problema de segmentação semântica, consistem em vetores "máscara" de mesma dimensão do sinal de entrada, com cada elemento contendo o índice da classe designada à respectiva amostra.

IV. Metodologia

A. Conjunto de Dados e Pré-Processamento

O conjunto de dados utilizado foi disponibilizado pela empresa INpulse Animal Health, sendo composto por 60000 gravações de derivação D2 de exames de eletrocardiograma de cães, a uma taxa de amostragem de 500Hz, contendo ao todo 72579 complexos cardíacos anotados por diversos cardiologistas de diferentes instituições. Os sinais que compõem a base foram previamente filtrados e submetidos a algoritmos de remoção da variação de linha de base. Contudo, foram observados casos de anotações erradas e/ou sinais com qualidade muito abaixo do esperado, impossibilitando a caracterização de um complexo cardíaco, a exemplo da Figura 2.

TABELA I
LIMIARES PARA FILTRAGEM DE DADOS COM ANOTAÇÕES INCORRETAS

	Valor mínimo	Valor máximo
Duração da onda P (ms)	28	80
Duração do complexo QRS (ms)	94	30
Duração da onda T (ms)	124	30
Potência da onda P (μV^2)	30	-
Potência do complexo QRS (μV^2)	700	-
Potência da onda T (μV^2)	25	-

Dessa forma, buscamos filtrar os sinais de baixa qualidade a partir de parâmetros baseados na morfologia das ondas que compõem um batimento. A princípio, consideramos que os complexos contemplados pelo modelo, tanto para treinamento quanto para avaliação, devem possuir as 3 divisões (P, QRS e T), permitindo definir valores máximos e mínimos para a duração de cada onda, assim como suas mínimas potências de sinal (valor quadrático médio). Logo, para um complexo ser considerado, as anotações devem segmentar regiões do batimento cardíaco que possuam suas grandezas de duração e potência dentro dos limites propostos. Os valores dos limiares de filtragem podem ser observados na Tabela I e foram definidos para englobar a maior quantidade de complexos possível, eliminando somente casos claramente errados de anotação e aquisição do sinal.

A filtragem resultou em uma base de dados com 65317 sinais de complexos cardíacos anotados, dos quais 43317 foram designados para treinamento, 2000 para validação e 20000 para teste. Como em uma mesma gravação pode ocorrer de mais de um complexo cardíaco ser anotado, as divisões dos conjuntos foram feitas de tal forma que complexos do mesmo exame foram atribuídos ao mesmo conjunto.

Para adequação do tamanho dos sinais à janela de 400 amostras de entrada da rede neural, foi aplicado um *padding* no sinal centralizando-o na janela, repetindo a primeira e última amostra para complexos de tamanho menor que 400 amostras. Um *center crop* foi adotado para sinais de duração maior que a janela de entrada.

B. Arquitetura do Modelo

A etapa de segmentação das ondas (P, QRS e T) dentro de um complexo foi estruturada através de um problema de segmentação semântica, onde o modelo deve classificar cada amostra de sinal como pertencente à onda P, ao complexo QRS, à onda T ou ao *background* (não compõe nenhuma

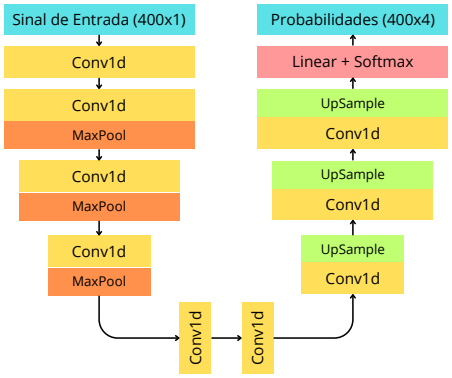

Fig. 3. Variação da arquitetura de segmentação semântica de [3].

onda). Para isso, foi utilizada uma variação da arquitetura desenvolvida por [3], que realiza essa mesma tarefa para sinais de eletrocardiograma humano, recebendo um vetor de tamanho fixo e entregando uma saída de mesmo tamanho com as respectivas categorizações das amostras. A arquitetura implementada consiste em uma rede neural composta por 9 camadas convolucionais unidimensionais e uma camada linear completamente conectada de saída. Todas as camadas convolucionais possuem 32 filtros, *kernel* de tamanho 8 e *padding* '*same*'. Da segunda à quarta camada convolucional, aplica-se um MaxPool de *kernel* 2 e *stride* 2, e nas últimas 3 um *UpSampling* de fator 2 para que se retorne ao tamanho original no final da rede. Por fim, uma camada linear completamente conectada transforma a matriz de *features* obtidas pela rede convolucional em 4 vetores com o mesmo tamanho da janela de entrada, onde cada um corresponde a uma categoria. Para obter a classificação de cada ponto do sinal, uma função softmax é aplicada nos 4 valores de mesma coordenada nos vetores de saída, obtendo as probabilidades de cada classe, bastando identificar o índice da classe correspondente à maior probabilidade. Uma visualização da arquitetura pode ser observada na Figura 3.

C. Pós-Processamento

O pós-processamento implementado teve como objetivo avaliar e adequar as predições da rede neural, buscando saídas condizentes com a morfologia de um eletrocardiograma. Como o modelo classifica cada amostra de sinal, é possível que ele entregue em sua saída múltiplos segmentos de uma mesma onda, assim, um conjunto de regras de decisão compõe o pós-processamento do algoritmo, obtendo ao final os pontos de início e fim de cada onda. As regras de decisão seguem o seguinte formato e ordem:

1) Seleção do segmento do complexo QRS de maior **confiança**;
2) Desconsideração de quaisquer segmentos de onda P e T localizados, respectivamente, depois e antes do segmento selecionado do complexo QRS;
3) Seleção dos segmentos de onda P e T de maior **confiança**.

Cada segmento é definido por um par de coordenadas (Início, Fim). Caso não seja identificado um segmento para uma onda, o pós-processamento retorna um par (*None*, *None*) para ser contabilizado como um Falso Negativo nas métricas de avaliação (dado que todos os casos anotados possuem as 3 regiões). O critério de confiança é definido pela soma das probabilidades softmax do segmento avaliado. Assim, a quantificação de confiança leva em consideração a duração da predição, assim como a confiança de cada amostra classificada.

D. Métricas de Avaliação

Como ao final do algoritmo buscamos obter 6 diferentes pontos correspondentes aos instantes de início e fim de cada classificação de onda, as métricas de avaliação foram definidas com a finalidade de medir o distanciamento entre o valor predito e o valor-alvo (anotação) de cada um desses instantes. Especificamente, buscou-se definir métricas que pudessem considerar casos de falsos negativos (quando uma onda não é identificada), bem como sumarizar o desempenho das predições positivas em um único valor.

A primeira métrica considerada é a taxa de falsos negativos (FNR) para cada onda, consistindo na razão entre a quantidade de sinais sem a predição da onda em questão e o total de sinais (dado que todos possuem as três ondas):

$$\mathrm{FNR}_w = \mathrm{FN}_w / N \tag{1}$$

onde N é o tamanho do conjunto de avaliação, FN_w é o número de falsos negativos e $w \in \{\mathrm{P}, \mathrm{QRS}, \mathrm{T}\}$ é o identificador da onda. A partir da média das três FNRs por onda, podemos obter a taxa de falsos negativos geral, correspondente à qualquer predição de onda do algoritmo:

$$\mathrm{FNR}_{\mathrm{geral}} = (\mathrm{FN}_{\mathrm{P}} + \mathrm{FN}_{\mathrm{QRS}} + \mathrm{FN}_{\mathrm{T}})/3N. \tag{2}$$

As demais métricas de interesse são o erro absoluto médio (MAE) e máximo (MaxAE) para cada instante de início e fim predito pelo algoritmo, onde erro é definido como a distância em amostras entre uma predição e seu respectivo valor-alvo. Contudo, para os casos de falso negativo, é impossível medir essa distância, sendo atribuído erro infinito. Assim, torna-se necessário desconsiderar os casos de falso negativo para o cálculo dos erros médio e máximo. Porém, fazer esse descarte implicaria na taxa de falso negativo ter uma influência direta nas métricas de erro, impossibilitando a comparação justa entre diferentes algoritmos com taxas de falso negativos diferentes, uma vez que o número de predições consideradas não seria o mesmo.

Para resolver essa questão, define-se o erro absoluto médio e máximo sob uma taxa de rejeição fixa, isto é, desconsiderada uma proporção fixa das predições de maior erro. Dessa forma, desde que a taxa de rejeição seja maior que as taxas de falso negativo de todos os algoritmos comparados, o mesmo número de predições será utilizado para o cálculo dos erros, resultando em uma comparação justa.

Matematicamente, assumindo que $\hat{y}_i$ e y_i denotem, respectivamente, a predição e o valor-alvo do instante I do i-ésimo sinal (onde I pode ser início ou fim de P, QRS ou T), definimos

$$\mathrm{MAE}_I(r) = \frac{1}{(1-r)n} \sum_{i=1}^{(1-r)n} e'_i \tag{3}$$

$$\mathrm{MaxAE}_I(r) = e'_{(1-r)n} \tag{4}$$

onde r é a taxa de rejeição, n é o tamanho do conjunto de avaliação, $e_i = |\hat{y}_i - y_i|$ é o erro absoluto da i-ésima predição e $(e'_1, \ldots, e'_n)$ é a ordenação de $(e_1, \ldots, e_n)$ em ordem crescente. O MAE (MaxAE) geral sob taxa de rejeição r é definido como a média (o máximo) dos MAEs (MaxAEs) dos seis instantes individuais sob a mesma taxa de rejeição.

Uma vantagem adicional da rejeição é desconsiderar *outliers* que afetariam as métricas de avaliação de maneira desproporcional ao seu impacto prático, uma vez que predições grosseiramente erradas podem ser facilmente descartadas pelo usuário independente do valor específico do erro. Em outras palavras, as métricas de erro só são relevantes para as predições que não são descartadas pelo usuário, enquanto a taxa de rejeição contabiliza o esforço adicional exigido do usuário devido ao descarte de predições.

Situações que podem causar erros grosseiros incluem, além de imperfeições do próprio algoritmo, casos de sinais de baixa qualidade ou com anotações erradas que não tenham sido filtrados na etapa de pré-processamento.

E. Treinamento

O treinamento e a inferência do modelo de segmentação foram desenvolvidos em Python utilizando a biblioteca PyTorch. A rede convolucional foi treinada por 80 épocas com otimizador Adam, taxa de aprendizado de 0.005 e aplicado uma redução de taxa de aprendizado para 20% do valor na época 40. A função de perda utilizada foi a entropia cruzada e a técnica de *early stopping* foi aplicada após 30 épocas, salvando os pesos da época de menor MAE geral para 5% de rejeição no conjunto de validação.

V. Resultados

O algoritmo proposto conseguiu atingir, no conjunto de testes, uma $\text{FNR}_{\text{Geral}}$ de 0.0183%, como observado na Tabela II, e, para uma rejeição de 5% dos piores erros, um MAE geral de aproximadamente 1.6 amostras e um MaxAE geral de 15 amostras, como apresentado na Tabela III. As predições de onda T se mostraram as mais difíceis, dado que os erros para os seus instantes são os mais altos com um distanciamento considerável das demais ondas.

Para fins de comparação, a Tabela III também apresenta o desempenho, no mesmo conjunto de testes, do algoritmo atual implementado no software INcardio Duo da INpulse Animal Health, baseado em transformada *wavelet* [9]. Como o algoritmo atual sempre entrega em sua saída uma predição para cada onda, não há falsos negativos. Para 5% de rejeição, o algoritmo atual apresentou um MAE geral de 4.74 e um MaxAE geral de 53, erros aproximadamente três vezes maior que do algoritmo proposto.

Dado que as métricas de avaliação, com exceção das FNRs, estão em função da rejeição de erro, podemos observar também o desempenho dos algoritmos para diferentes taxas de rejeição através da Figura 4. É notável, pela curva de MaxAE geral, que os erros grosseiros são removidos por uma porcentagem de rejeição muito baixa, incluindo os casos de falso negativo, onde a maior FNR é de 0.045%. Logo, podemos considerar o desempenho também em um nível

TABELA II
Taxas de Falsos Negativos para o Algoritmo Proposto

	FNR
Onda P	0.0050%
Complexo QRS	0.0050%
Onda T	0.0450%
Geral	0.0183%

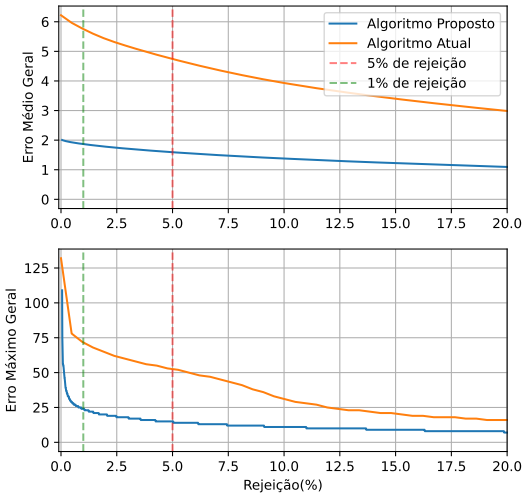

Fig. 4. Curvas de MAE e MaxAE geral em função da taxa de rejeição.

inferior de rejeição, neste caso optando por 1%, conforme apresentado na Tabela III. Os erros do algoritmo proposto se mostraram levemente maiores para 1% de rejeição, sendo mais expressivo o MaxAE geral, porém o ganho de desempenho em relação ao algoritmo atual para a mesma rejeição se manteve, em aproximadamente três vezes.

Na Figura 5 se encontram quatro exemplos de predições do algoritmo para taxa de rejeição de 1%: o primeiro caso com erro 0, onde todos os pontos encontrados após o pós-processamento coincidem com os rótulos, o segundo e terceiro casos contendo predições com erro máximo geral (e de início da onda T) e o quarto caso contendo predições com erro máximo de fim do complexo QRS.

No primeiro caso temos uma comparação entre os dois algoritmos e observamos como o proposto se sobressai ao atual, principalmente nas predições de onda T.

O segundo caso possui anotações erradas dos rótulos de onda T, mesmo após o processo de filtragem, e podemos observar como o algoritmo proposto entrega a posição da onda T mais correta, sendo um exemplo de robustez do modelo a casos desse tipo.

O terceiro caso exemplifica a dificuldade do algoritmo de encontrar, principalmente, o início da onda T. Contudo, apesar do erro, observamos que o modelo atribui confianças não-nulas na região anotada (porém sem ultrapassar o *background*) o que demonstra alguma capacidade de reconhecimento da região. Além disso, o início de onda T consiste no instante mais difícil e por vezes ambíguo de se rotular, o que é condizente com o desempenho do algoritmo. Por outro lado, trata-se do instante que possui o menor impacto no diagnóstico.

TABELA III

ERROS ABSOLUTOS MÉDIO (MÁXIMO), EM NÚMERO DE AMOSTRAS, PARA OS ALGORITMOS PROPOSTO E ATUAL, SOB 5% E 1% DE REJEIÇÃO

	5% de Rejeição				1% de Rejeição			
Algoritmo	Proposto		Atual		Proposto		Atual	
P Início	0.9251	(3)	4.6438	(13)	1.0669	(7)	5.2518	(41)
P Fim	0.9276	(3)	1.6877	(6)	1.0258	(5)	2.1154	(31)
QRS Início	0.4748	(4)	0.9020	(8)	0.6575	(7)	1.2924	(14)
QRS Fim	1.1778	(5)	3.3948	(23)	1.4098	(10)	4.4625	(25)
T Início	3.8711	(15)	8.0651	(39)	4.4395	(24)	9.5964	(57)
T Fim	2.1733	(10)	9.7688	(53)	2.6007	(19)	11.8107	(72)
Geral	1.5916	(15)	4.7437	(53)	1.8667	(24)	5.7549	(72)

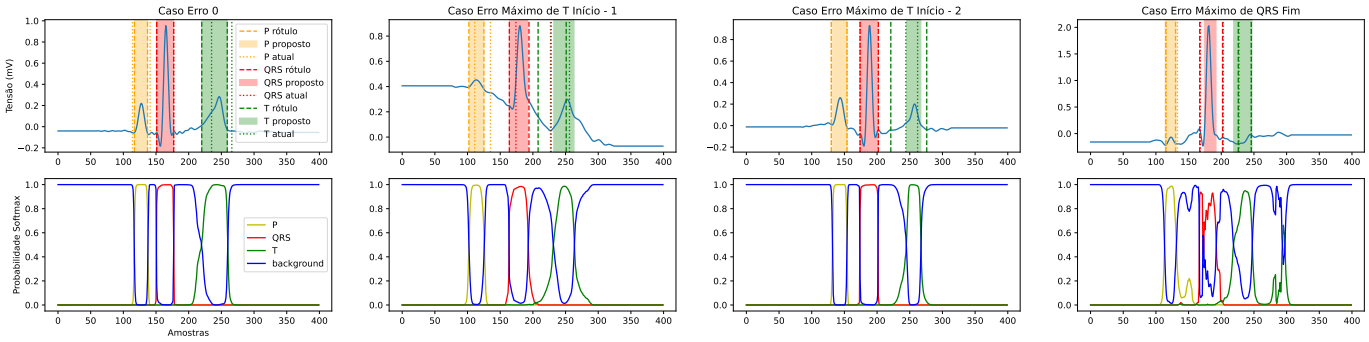

Fig. 5. Exemplos de predições do algoritmo proposto para rejeição de 1%. A primeira coluna mostra um caso de erro zero, a segunda e terceira coluna mostram casos de erro máximo no início de onda T (o primeiro dos quais possui rótulos errados) e a quarta coluna mostra um caso de erro máximo para o fim do complexo QRS. Em todos os casos, o gráfico superior apresenta as áreas demarcadas pelo algoritmo proposto em comparação com os rótulos e com as predições do algoritmo atual, enquanto o gráfico inferior mostra às probabilidades *softmax* de saída do modelo.

O quarto e último caso apresenta uma predição de fim do complexo QRS com erro máximo. Este caso demonstra uma baixa confiança na predição do QRS, estando condizente com o próprio erro do modelo, mostrando uma boa estimação de confiança. Além disso, nas predições de onda T, observamos como o pós-processamento ajuda no desempenho do algoritmo, ao optar pelo primeiro segmento identificado de onda T (de maior confiança), desconsiderando o segundo segmento cuja classificação foi incorreta.

VI. CONCLUSÃO

Este trabalho propõe um algoritmo baseado em aprendizado profundo, utilizando uma rede neural convolucional, capaz de segmentar com precisão as principais ondas do complexo cardíaco (P, QRS e T) em eletrocardiogramas de cães. O algoritmo alcançou uma taxa geral de falsos negativos de apenas 0,0183% e obteve, para 99% das predições, erros absolutos médio e máximo de 1,8667 e 24 amostras, respectivamente. Comparado a um algoritmo tradicional baseado em transformada wavelet, utilizado em um software veterinário atual, o algoritmo proposto demonstrou ganhos significativos, demonstrando potencial como ferramenta para a análise de ECGs na prática veterinária.

Para trabalhos futuros, buscamos analisar o desempenho do algoritmo em alguns recortes da base de dados, incluindo diferentes raças e condições de saúde do animal.

REFERÊNCIAS

[1] O. Sayadi and M. B. Shamsollahi, "A model-based Bayesian framework for ECG beat segmentation," *Physiological Measurement*, vol. 30, no. 3, pp. 335–352, Mar. 2009.

[2] A. Dourson, R. Santilli, F. Marchesotti, J. Schneiderman, O. R. Stiel, F. Junior, M. Fitzke, N. Sithirangathan, E. Walleser, X. Qiao, and M. Parkinson, "PulseNet: Deep learning ECG-signal classification using random augmentation policy and continous wavelet transform for canines," 2023. [Online]. Available: https://arxiv.org/abs/2305.15424

[3] I. Sereda, S. Alekseev, A. Koneva, R. Kataev, and G. Osipov, "ECG segmentation by neural networks: Errors and correction," in *2019 International Joint Conference on Neural Networks (IJCNN)*, 2019, pp. 1–7.

[4] V. Moskalenko, N. Zolotykh, and G. Osipov, "Deep learning for ECG segmentation," in *Advances in Neural Computation, Machine Learning, and Cognitive Research III*. Cham: Springer International Publishing, 2020, vol. 856, pp. 246–254.

[5] A. Malali, S. Hiriyannaiah, S. G.M., S. K.G., and S. N.T., "Supervised ECG wave segmentation using convolutional LSTM," *ICT Express*, vol. 6, no. 3, pp. 166–169, Sep. 2020.

[6] M. D. Hssayeni, A. Andalib, R. Singh, D. Pava, K. Li, S. Borzak, R. Chait, and K. Kale, "ECG Fiducial Point Localization Using a Deep Learning Model," in *2022 21st IEEE International Conference on Machine Learning and Applications (ICMLA)*. Nassau, Bahamas: IEEE, Dec. 2022, pp. 321–328.

[7] R. Santilli, *Electrocardiography of the Dog and Cat: Diagnosis of Arrhythmias*, 2nd ed. Edra, 2018.

[8] Y. Mo, Y. Wu, X. Yang, F. Liu, and Y. Liao, "Review the state-of-the-art technologies of semantic segmentation based on deep learning," *Neurocomputing*, vol. 493, pp. 626–646, 2022.

[9] V. Palodeto, "Sistema computacional para o processamento, a análise e a classificação do sinal eletrocardiográfico de neonatos e adultos," Master's thesis, Universidade Federal de Santa Catarina, 2006. [Online]. Available: https://repositorio.ufsc.br/handle/123456789/103143