Escuela Politécnica de Cuenca

Graduado en Ingeniería de Sistemas Audiovisuales de Telecomunicación

Trabajo Fin de Grado

Análisis de la identificación biométrica actual mediante el electrocardiograma

Daniel Martínez Martínez

Cuenca, julio, 2016

Campus Universitario | 16071 Cuenca | Telf.: (+34) 969 179 100 (+34) 902 204 100 | Fax.: (+34) 969 179 119
www.epc.uclm.es | politecnica.cu@uclm.es

UNIVERSIDAD DE CASTILLA-LA MANCHA

TRABAJO FIN DE GRADO

Análisis de la identificación biométrica actual mediante el electrocardiograma

Autor:
Daniel Martínez

Supervisor:
Dr. Raúl Alcaraz Martínez y
Dr. César Sánchez Meléndez

28 de julio de 2016

«*Reza como si todo dependiera de Dios. Trabaja como si todo dependiera de ti.*»

San Agustín

Resumen

El reconocimiento de personas basado en características físicas, que puedan ser únicas e irrepetibles entre sujetos, ha estado presente en la sociedad desde hace casi un siglo. Así, por ejemplo, la huella dactilar se usa como método de reconocimiento personal en diversos ámbitos que abarcan desde investigación policial, como uso tradicional, hasta medio de seguridad personal en móviles u ordenadores. Estos métodos de identificación biométrica han seguido avanzando para reconocer personas a través de características como el escáner de retina, el rostro, o la señal eléctrica del corazón (electrocardiograma).

A lo largo de este trabajo se describirán los diversos procedimientos que se pueden seguir para la identificación biométrica mediante el electrocardiograma. Desde la explicación básica de los métodos de identificación se profundizará para describir de forma más detenida tres de los trabajos más significativos para cada una de las técnicas no basadas en puntos o intervalos significativos del electrocardiograma.

Tras haberlos descrito, se procede a la recreación y verificación de cada uno de ellos utilizando una base de datos abierta y accesible, que puede servir como referencia para el entrenamiento y estandarización de estos procedimientos. Los resultados finales son similares a los obtenidos en los trabajos originales, motivo por el cual se podría concluir que los algoritmos son extrapolables y están listos para ser implementados en sistemas de tiempo real.

Abstract

Subject recognition based on physical features, that could be unique and inimitable between subjects, have been in society from almost a century. For instance, fingerprint has been used as an identification method in many tasks covering from police investigation, as a traditional use in forensic, to personal security integrated in laptops or mobile phones. These biometric identification methods have continued progressing in order to recognise subjects through features such as retinal scaner, face, or the electric signal of heart (electrocardiogram).

Along this study, many procedures, that can be used in order to biometrical identification based on electrocargiogram, are described. From a basic explanation of these recognition methods, we deep towards describing especifcally three of the most representative studies in each one of non-fiducial based techniques.

Beyond that, we also proceed to reconstruction and verification of each one of them, through the use of an open, free, and accesible database that could serve as a reference for training and standarisation of these methods. Final results are similar to those obtained in original papers, thus concluding that the methods can be easily extrapolated to wider database and can be implemented in real-time systems.

Agradecimientos

A mis padres, capaces de haberme soportado a pesar de todo…

A todos aquéllos que me han enseñado a lo largo de la vida…

A mis abuelos, ejemplo de todo…

Índice general

Índice general IX

Índice de figuras XIII

Lista de abreviaturas XVII

I Memoria 1

1. Introducción 3
1.1. Estado del arte . . . 3
1.1.1. Resumen . . . 3
1.1.2. El electrocardiograma en biometría . . . 4
1.1.3. Realización típica de un sistema de identificación basado en ECG 5
1.1.4. Características del ECG . . . 6
1.1.5. Enfoques basados en parámetros de referencia . . . 7
1.2. Objetivos y otras consideraciones . . . 13
1.2.1. Objetivos . . . 13
1.2.2. Acerca de la base de datos . . . 13
1.2.3. Obtención y uso de las señales . . . 14

2. Descripción de trabajos previos 19
2.1. Trabajo 1: Autocorrelación . . . 19
2.1.1. Descripción del trabajo . . . 19
2.1.1.1. Preprocesado . . . 19
2.1.1.2. Autocorrelación (AC) . . . 20
2.1.1.3. Transformada de coseno discreto (DCT) . . . 20
2.1.2. Evaluación de la realización . . . 20
2.1.2.1. Distancia euclídea normalizada . . . 20
2.1.2.2. Registro de verosimilitud Gaussiana normalizada . . . 21
2.1.2.3. Falso negativo (FN) y falso positivo (FP) . . . 21
2.1.3. Evaluación de la clasificación . . . 22
2.2. Trabajo 2: Frecuencia . . . 23
2.2.1. Introducción . . . 23
2.2.2. Sistemas biométricos mediante ECG . . . 23
2.2.3. Metodología . . . 24
A. Configuración experimental . . . 24
B. Preprocesamiento . . . 24
C. Extracción de características . . . 25
D. Clasificación . . . 26
2.2.4. Resultados y discusión . . . 27
2.2.5. Conclusión . . . 27

2.3. Trabajo 3: Fase . . . 29
2.3.1. Introducción . . . 29
2.3.2. Métodos . . . 29
2.3.2.1. Registro y preprocesamiento del ECG . . . 29
2.3.2.2. Reconstrucción del espacio de la fase . . . 30
2.3.2.3. Método de granulación gruesa . . . 32
2.3.2.4. Métodos de comparación de estructura . . . 32
I. Correlación espacial normalizada . . . 32
II. Distancia del punto mutuo más cercano . . . 33
III. Punto de encuentro mutuo más cercano . . . 33
2.3.2.5. Autocorrelación y transformada del coseno discreto (Wang et al., 2008 [59]) . . . 34
2.3.2.6. Evaluación del rendimiento y la identificación . . . 34
2.3.3. Resultados . . . 34

3. Implementación y validación de algoritmos **37**
3.1. Implementación del trabajo 1: Autocorrelación . . . 37
3.1.1. Introducción . . . 37
3.1.2. Realización . . . 37
3.1.3. Evaluación de la clasificación . . . 40
3.2. Implementación del trabajo 2: Frecuencia . . . 43
3.2.1. Introducción . . . 43
3.2.2. Realización . . . 43
3.2.2.1. Preprocesamiento . . . 43
3.2.2.2. Extracción de características . . . 44
3.2.2.3. Clasificación . . . 45
3.3. Implementación del trabajo 3: Fase . . . 51
3.3.1. Introducción . . . 51
3.3.2. Realización . . . 51
3.3.2.1. Reconstrucción del espacio de la fase . . . 51
3.3.2.2. Método de granulación gruesa . . . 52
3.3.2.3. Métodos de comparación de estructura . . . 53
I. Correlación espacial normalizada . . . 53
II. Distancia del punto mutuo más cercano . . . 54
III. Punto de encuentro mutuo más cercano . . . 55
3.3.3. Resultados . . . 55

4. Conclusión **57**

Bibliografía **59**

II Planos **65**

5. Planos **67**

III Pliego de condiciones **71**

6. Pliego de Condiciones **73**
6.1. Requisitos hardware . . . 73

6.2. Requisitos software 74

IV Presupuesto **75**

7. Presupuesto **77**

V Apéndices **79**

A. Trabajo sobre la AC/DCT **81**

B. Trabajo sobre la Frecuencia **89**

C. Trabajo sobre la Fase **95**

Índice de figuras

1.1. Organización típica de un sistema de identificación basado en ECG . . . 5
1.2. Diferentes parámetros de clasificación 6
1.3. Parámetros fiduciales 8
1.4. Parámetros fiduciales 2 8
1.5. Combinación de métodos en la etapa de preprocesado 15
1.6. Interfaz gráfica ofrecida por *WFDB toolbox* 16
1.7. Conjunto de funciones de *WFDB toolbox* 17

2.1. Una red neural consiste en tres capas: entrada, oculta y salida. 25
2.2. Reconstrucción del espacio fase (ECG de única derivación) 31
2.3. Reconstrucción del espacio fase (ECG de 3 derivaciones) 32
2.4. Variación del ROC con los retardos en el tiempo 35

3.1. Esquema de bloques del trabajo AC 37
3.2. Autocorrelación de dos señales 38
3.3. Autocorrelación de dos señales con M=400 39
3.4. DCT de los coeficientes AC y ampliación de la zona relevante 39
3.5. Distancias euclídeas respecto a la señal 1 40
3.6. Verosimilitud respecto a la señal 1 41
3.7. Funciones de densidad de probabilidad 42
3.8. Diagrama del trabajo de Frecuencia 43
3.9. Comparación de señales tras el filtrado 44
3.10. Comparación de una señal y su reconstrucción LPC mediante la función *levinson* 44
3.11. Información de los nodos tras pasar por la descomposición *wavelet*. Nodo 1 45
3.12. Información de los nodos tras pasar por la descomposición *wavelet*. Nodo 10 46
3.15. Resultados inválidos de la red neural 46
3.13. Pasos 1 y 2 para la configuración de la red neural en MATLAB 48
3.14. Pasos 3 y 4 para la configuración de la red neural en MATLAB 49
3.16. Diagrama del trabajo de Fase 51
3.17. Representación de una señal en la reconstrucción de la fase 52
3.18. Representación de una señal en la reconstrucción de la fase 52
3.19. División de la señal mediante la rejilla 53
3.20. Histograma del nSC 54
3.21. Representación del MNPD de una estructura 54

Índice de tablas

2.1. Resultados de los Experimentos de Clasificación con dos bases de datos PTB usando la distancia euclídea normalizada 22
2.2. Resultados de los Experimentos de Clasificación con dos bases de datos PTB usando la Función de Verosimilitud Gaussiana Normalizada 22
2.3. CRR del sistema variando el orden del LPC y usando 120 puntos del LPC 27
2.4. Resultados Globales 36

3.1. Valores de clasificación. Distancia euclídea normalizada. 41
3.2. Valores de clasificación. Verosimilitud gaussiana. 42
3.3. Resultados de clasificación 55

Lista de abreviaturas

ECG	**E**lectro**C**ardio**G**ram (Electrocardiograma)
FF	**F**orm **F**actor (Factor de Forma)
AC	**A**uto**C**orrelation (Autocorrelación)
IMF	**I**ntrinsic **M**ode **F**unctions (Funciones de Modo Intrínseco)
EMD	**E**mpirical **M**ode **D**ecomposition (Descomposición de Modo Empírico)
IMF	**I**ntrinsic **M**ode **F**unctions (Funciones de Modo Intrínseco)
DCT	**D**iscrete **C**osine **T**ransform (Transformada de Coseno Discreto)
FN	**F**alse **N**egative (Falso Negativo)
FP	**F**alse **P**ositive (Falso Positivo)
PTB	**P**hysikalisch-**T**echnische **B**undesanstalt
WPD	**W**avelet **P**acket **D**ecomposition (Descomposición en paquetes 'wavelet')
LPC	**L**inear **P**redictive **C**oding (Codificación Predictiva Lineal)
DCT	**D**iscrete **C**osine **T**ransform (Transformada de Coseno Discreto)
EEG	**E**lectro**E**ncefalo**G**ram (Electroencefalograma)
CRR	**C**orrect **R**ecognition **R**ate (Tasa de Reconocimiento Correcto)
nSC	**n**ormalized **S**patial **C**orrelation (Correlación Espacial normalizada)
MNPD	**M**utual **N**earest **P**oint **D**distance (Distancia del Punto Mutuo Más Cercano)
MNPM	**M**utual **N**earest **P**oint **M**atch (Punto de Encuentro Más Cercano)
ROC	**R**eceiver **O**perating **C**haracteristic (Característica de Comportamiento del Receptor)
AUC	**A**rea **U**nder (the) **C**urve (Área Bajo la Curva)

Parte I

Memoria

Capítulo 1

Introducción

1.1. Estado del arte

1.1.1. Resumen

La identificación biométrica es la ciencia que usa métodos estadísticos para identificar de manera única a cada persona mediante sus características fisiológicas y de comportamiento. En mayor medida se usa para solventar problemas de control de acceso, ofreciendo alternativas fiables y seguras a los métodos convencionales de autentificación [4, 25].

La identificación de personas se puede conseguir usando diversas características humanas distintivas así como la estructura de la retina, la huella dactilar, la cara, etc. Sin embargo, cada uno de ellos presenta cuestiones acerca del hardware específico a usar, la viabilidad de las medidas y la resistencia a los ataques que intenten burlarlo. El escáner de retina es un procedimiento relativamente rápido y seguro, sin embargo la tecnología sigue siendo de un elevado coste y, lo que es aún más importante, el proceso es en ocasiones desagradable e invasivo. La huella dactilar es el identificador biométrico más extendido, y ha sido usado en la ciencia forense durante aproximadamente 100 años. Los sistemas automáticos basan su precisión en un enfoque multiespectral, sin embargo, las huellas dactilares al uso, obtenidas mediante estampado de tinta, pueden ser falsificadas de una forma relativamente fácil. La posibilidad de robar información directamente del individuo y la relativa facilidad para reproducirlas plantean retos serios a los investigadores [3, 37, 43, 46, 53] y se plantean sistemas de reconocimiento que integren los diversos modos de identificación [5, 25, 29, 32, 52].

En la pasada década, el registro de la actividad eléctrica del corazón en la superficie del cuerpo, conocida como electrocardiograma (ECG), se ha documentado para su posible aplicación al reconocimiento de identidad [4, 7, 22]. Las investigaciones dedicadas al análisis de ECG han demostrado sus ventajas en biometría: está presente en todos los individuos vivos, presenta características típicas para la identificación biométrica y es difícil de falsificar. Además, el análisis de ECG es un método robusto para detectar las señales de vida del sujeto en el marco de la autentificación.

Hasta la fecha, se han descrito diversas aproximaciones al reconocimiento del individuo a través del ECG en la literatura científica pero no existe consenso en las metodologías apropiadas. Por otra parte, el uso de bases de datos de señales ad-hoc hace difícil

la evaluación de todas las técnicas existentes [33, 41].

Los intentos previos de compendio de las técnicas de reconocimiento basado en ECG nos llevan al trabajo de Nasri [39], Odinaka [41] e Israel e Irvine [26].

Nasri resumió brevemente la literatura en 2008, Odinaka comparó el rendimiento de diversos algoritmos probándolos en una sola base de datos, mientras que Israel e Irvine sugirieron una perspectiva basada en sensores. Más recientemente, algunos autores investigaron la combinación de los rasgos del ECG con otras señales (voz, fonocardiografía, vibrometría Doppler de Láser) para incrementar la tasa de acierto en la identificación [1, 6, 40].

1.1.2. El electrocardiograma en biometría

El electrocardiograma (ECG) es la actividad eléctrica del corazón generalmente registrada a nivel de pecho. Durante esta actividad, el miocardio –el músculo del corazón– se comporta como una serie de dipolos eléctricos conectados de una forma única denominada sincito (*"syncytium"*) [14, 24, 54, 60]. Esta actividad eléctrica del corazón es normalmente presentada usando un vector electromagnético [9, 14, 15, 28, 55] variante en el tiempo, cuyas proyecciones pueden ser tomadas en la superficie del cuerpo. Hasta doce posiciones específicas de los electrodos son usadas para monitorizar las funciones cardíacas [20] , a las que se han sumado una serie de propuestas de configuraciones adicionales para propósitos específicos [19].

Las señales obtenidas de cada electrodo contienen diferente información; sin embargo, unas ondas específicas denominadas P, Q, R, S, T pueden ser identificadas dentro de un ciclo de latido del corazón en cada uno de los electrodos. No obstante, tanto la evolución temporal del vector dipolo y sus proyecciones en el cuerpo del sujeto están influenciados por las trayectorias de conducción eléctrica dentro del corazón, las características geométricas intrínsecas al propio corazón, su posición dentro del pecho y por la no homogeneidad del volumen conductor del tórax.

Por consiguiente, el ECG parece contener suficiente información para el reconocimiento de sujetos. En estudios previos, numerosas características –temporales (localizaciones e intervalos entre ondas), amplitud y diferencias morfológicas- se han propuesto para el reconocimiento de individuos.

La hipótesis del uso del ECG como método para la identificación personal fue propuesta por Forsen [18]; sin embargo, el primer estudio sobre el análisis del ECG para biometría ha sido introducido por Biel y su equipo: los autores investigaron algunas combinaciones de las características en medidas de ECG con 12 electrodos en una muestra de 20 sujetos.

Por otra parte, en los mismos años, Hoekema [21] y Van Oosterom [58] resaltaron y cuantificaron, hasta cierto punto, la importancia de las características geométricas en

las variaciones individuales de las medidas del ECG.

Empezando con estos estudios pioneros, la literatura sobre la biometría mediante ECG ha crecido en el campo de reconocimiento de patrones. Por tanto, la extracción de las características apropiadas así como los procedimientos de clasificación se han vuelto tareas cruciales.

1.1.3. Realización típica de un sistema de identificación basado en ECG

Un sistema de identificación basado en electrocardiograma se caracteriza por una secuencia de trabajo bien definida:

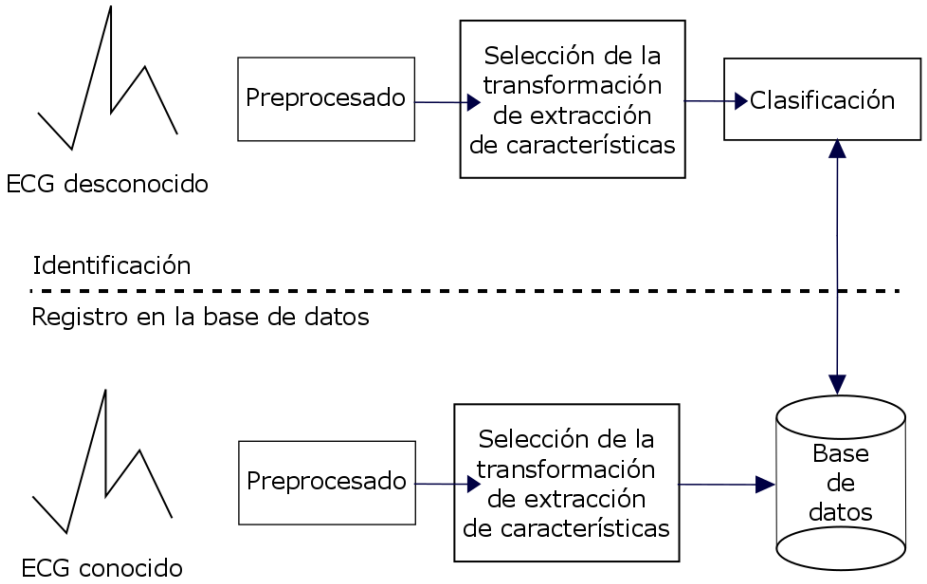


FIGURA 1.1: Organización típica de un sistema de identificación basado en ECG

En primer lugar, es necesario un proceso de aislamiento en el que se recogen y almacenan los atributos diferenciadores del individuo. Con el aislamiento, se realiza un preprocesamiento específico para la disminución de ruido así como la extracción y procesamiento de características antes del almacenamiento de datos. Una vez las características de los diferentes individuos han sido almacenadas, se procede a la fase de identificación. En el proceso de identificación, un ECG aleatorio y desconocido se introduce en el sistema. Como en el aislamiento, se realizan tanto el mismo preprocesamiento así como la extracción y transformación. Además, un algoritmo específico de clasificación asigna las características extraídas a los datos del individuo que más se parece de los almacenados en la base de datos.

Claramente, la extracción, selección, y transformación de atributos del ECG, así como la estructura clasificadora, juegan un papel fundamental para conseguir la identificación más precisa posible.

1.1.4. Características del ECG

Los enfoques sobre la identificación basada en ECG son múltiples y muy diferentes. Los atributos del ECG están destinados a clasificar cada individuo específico aprovechando la variabilidad entre distintos sujetos. En general, las características están basadas en la morfología del latido del corazón, en determinados intervalos de tiempo derivados de las ondas del ECG o en características específicamente extraídas. La elección de las características es empleada está generalmente influida por la complejidad del identificador, la necesidad de identificación en tiempo real, el dispositivo de medida, etc.

No existe consenso en la técnica más apropiada o en el tipo y número de características a considerar. Por otra parte, el análisis del ECG se realiza usualmente sobre bases de datos internas, haciendo de la comparación entre técnicas un arduo trabajo.

Las aproximaciones existentes se han agrupado en 2 categorías principales (basados en una referencia y no basados) dependiendo de la necesidad de identificar puntos precisos en el latido. Cada categoría puede ser subdividida en función de las características empleadas.

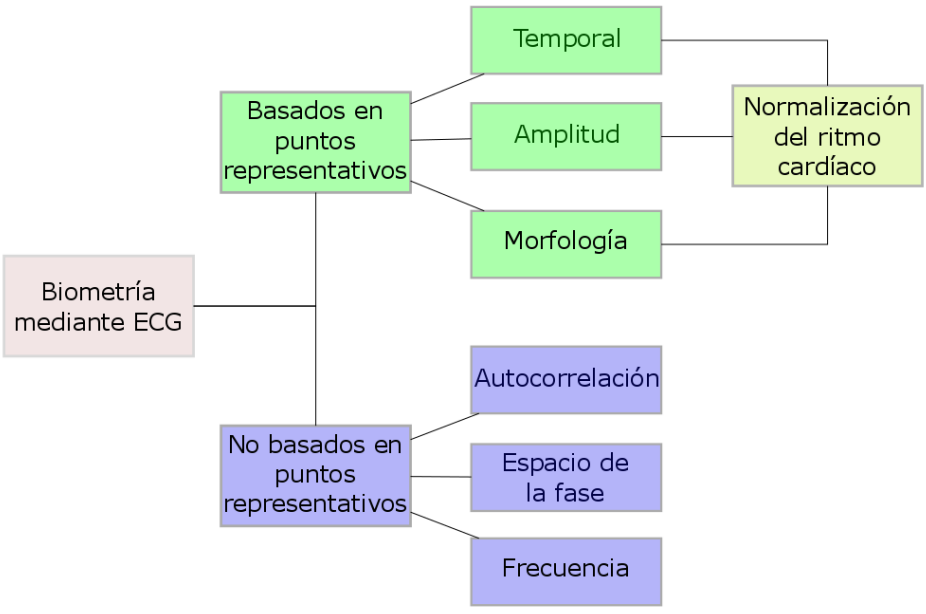


FIGURA 1.2: Diferentes parámetros de clasificación

1.1.5. Enfoques basados en parámetros de referencia

Localizando los puntos que hacen de pilar en la medida del ECG, denominados puntos de referencia de la medida, se pueden extraer numerosas características y usarlas como entradas para el identificador.

Los picos, los límites, las pendientes o cualquier otra medida sirve como referencia. Los detectores pueden utilizar umbrales adaptativos [44], síntesis de Fourier [30], transformada "wavelet" [2] [61] y otras aproximaciones también [8].

Sin lugar a duda, las características extraídas están estrechamente influenciadas por la precisión de la detección. Sin embargo, en algunos casos, los investigadores han limitado el número de puntos de referencia requeridos.

Las características basadas en los puntos de referencia pueden ser subdivididas en *temporales*, de *amplitud* y *morfológicas*.

Características temporales: Las relaciones temporales entre las diferentes ondas del ECG (P, QRS, y T) reflejan el largo período de tiempo en el que se ven cambios en la simulación del corazón a lo largo de sus trayectorias eléctricas empezando por el nódulo sinoauricular a las fibras de Purkinje y puede ser usado como un discriminante biométrico.

La localización de los puntos de referencia permite el procesado de muchos intervalos temporales. Las características temporales más usadas incluyen la duración de las ondas del latido del corazón (por ejemplo P, QRS, T) y los intervalos de tiempo entre ellas (PQ, RS, ST). El intervalo RR también se ha usado como referencia.

Características de amplitud: La variabilidad entre individuos de la amplitud de las ondas del latido del corazón puede ser fácilmente reconocida en los individuos. Las características de amplitud recogen la amplitud relativa entre los picos de la onda del ECG; generalmente se miden en relación al pico de R.

Las características de amplitud también incluyen la amplitud relativa del segmento ST, la amplitud de los picos de la primera y segunda derivadas del latido del corazón y las relaciones entre ellos.

Características morfológicas: Los atributos morfológicos son aquellos que portan información en la silueta del ECG, como un todo o cada intervalo constituyente (P-QRS-T). La forma más simple de extraer las características morfológicas del latido es llevar a cabo el promedio de los valores muestreados de intervalos específicos con respecto a latidos alineados múltiples (por ejemplo centrados en el pico de R). En este caso, los atributos morfológicos pueden ser considerados como una simple extensión de las características de amplitud.

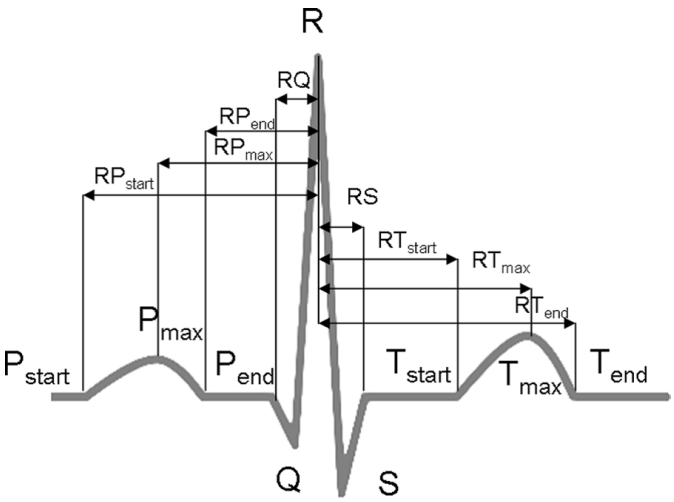


FIGURA 1.3: Parámetros fiduciales

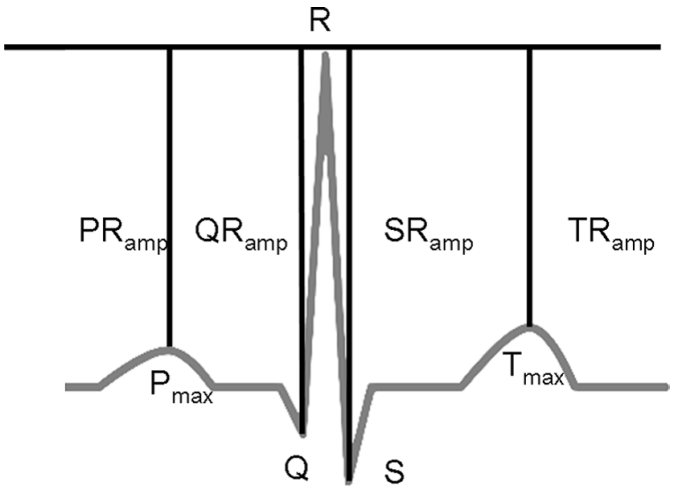


FIGURA 1.4: Parámetros fiduciales 2

Sin embargo, el estudio de la morfología del ECG indica varios rasgos: los investigadores usaron en primer lugar las pendientes entre las ondas, como las pendientes de los segmentos ST y RS, y los ángulos descritos por las ondas Q, R y S.

Los estudios pasados se centraban también en la silueta específica del complejo QRS. Palaniappan y Krishnan [43] introdujeron un atributo peculiar calculado del complejo QRS. El factor de forma QRS (FF) se define:

$$FF = \sqrt{\frac{var(x'')/var(x')}{var(x')/var(x)}} \tag{1.1}$$

Donde x es la forma de onda del complejo QRS, x' es su primera derivada y x'' la segunda derivada. Biel [4], Shen [52] y Zhang [63] estudiaron la conveniencia de usar el área QRS. Wübbeler [60], Fang [14] y Sing [54] pusieron de manifiesto el rasgo específico del

vector del corazón estudiando todo el complejo QRS en diferentes electrodos.

Las expansiones polinómicas también han sido usadas para sintetizar la morfología del latido. Khalil y Sufi se centraron en la viabilidad de discriminación de los coeficientes del polinomio de Legendre derivados de adecuar el complejo QRS [28] [55]. Li [34] usó los coeficientes de interpolación de Hermite, Tsao los coeficientes de interpolación de primer orden mientras Jun Shen [51] extrajo los coeficientes de la representación lineal a trozos para el latido completo.

La morfología de las ondas del ECG también se investigó por medio de la descomposición wavelet, el análisis en frecuencia y los coeficientes de correlación. Saechia y su equipo se centraron en las características discriminatorias del contenido de frecuencia de las ondas P, QRS y T [48]. Hou [23] usó únicamente los patrones de frecuencia del complejo QRS; Tashiro [56] las componentes de alta frecuencia (40-300 Hz) del latido entero. Más tarde, Odinaka [42] desarrolló una transformada de Fourier rápida para revelar la silueta del espectrograma sobre el ciclo del latido.

El análisis wavelet ha sido introducido por Chan [8]. Los coeficientes wavelet también se han usado por Yao y Wan [61] (wavelet biortogonal), Chiu [11] (wavelet de Haar) y Ye [62] (wavelet de Daubechies).

Los coeficientes de la transformada de coseno discreto también se han propuesto para su uso en la biometría mediante ECG por Plataniotis [45] y usados por Fattah [17] y Hou [23].

Ritmo cardíaco: normalización

Todas las características anteriores presentan un inconveniente principal: todas la onda del latido cambia con el ritmo cardíaco. Esto conlleva fluctuaciones en las relaciones temporales, de amplitud y morfológicas entre las ondas durante la actividad física, el consumo de drogas o las emociones intensas.

Por tanto, muchos autores intentaron normalizar las características con respecto a los cambios en el ritmo cardíaco. El equipo de Israel [27] asumió la existencia de una relación lineal entre el ritmo cardíaco y las características (temporales) calculados con respecto al pico de R. Para eliminar la dependencia con el ritmo cardíaco, usaron una normalización simple de las características de la longitud de todo el complejo P-QRS-T. Algo parecido a Israel, Kim y su equipo [30] redimensionaron todo el latido a un número predeterminado de muestras usando la transformada inversa de Fourier.

Sin embargo, las aproximaciones tomadas por Israel y Kim son parciales. El ritmo cardíaco influencia la sincronización del pulso del corazón pero no afecta homogéneamente a las ondas del ECG.

Shen [51] [52] y Singh [53] [54] utilizaron la fórmula de Bazett para normalizar el intervalo QT, mientras Tawfik [57] y Sansone [50] aplicaron una aproximación basada en regresión propuesta por Sagie [49].

Fatemien y Hatzinakos dirigieron la normalización del ritmo cardíaco del ECG muestreando la onda T a una duración fija de 120 ms. Después de muestrear la onda T combinaron el segmento obtenido con las ondas P y QRS para componer todo el latido. Finalmente, el latido completo se muestrea a 850 ms [16].

Aproximaciones en puntos no destinados a referencia

Las características temporales, morfológicas y de amplitud requieren una detección precisa de los puntos de referencia y los resultados obtenidos son claramente dependientes del proceso de reconocimiento. Para superar el problema, se han estudiado nuevas aproximaciones que no requieren del reconocimiento de esos puntos de referencia.

Todas las técnicas descritas se basan en asumir que el ECG es una señal altamente repetitiva (cuasi periódica). Los análisis de la literatura científica muestran varias aproximaciones que se pueden subdividir en tres categorías principales: basadas en autocorrelación, basadas en el rango de la fase, y basadas en el rango frecuencial.

Características basadas en la autocorrelación El primer intento de este tipo de aproximaciones ha sido propuesto por Plataniotis y Hatzinakos [45]. Con el cometido de extraer atributos valiosos, seleccionaron aleatoriamente 5 s de una muestra de ECG y estimaron la autocorrelación (AC) normalizada sobre una ventana de m retardos. La AC incrusta información sobre características peculiares del ECG: es invariante al cambio y resalta patrones no aleatorios. El complejo QRS mantiene una fuerte invariancia en su silueta y anchura. Con esta aproximación, las muestras que deberían estar influenciadas por la detección de puntos de referencia se combinan en una secuencia de sumas y productos.

$$r[m] = \frac{1}{r[0]} \sum_i s[i]s[i+m] \tag{1.2}$$

En la ecuación, *r[m]* es la autocorrelación, *s[i]* es la señal en el instante i y m es un valor elegido mayor que la duración media de QRS (en muestras).

Características en el rango de la fase Como para la aproximación por autocorrelación, la señal del ECG puede ser caracterizada en un espacio bidimensional o incluso tridimensional usando la técnica de retardos de tiempo. El análisis de la trayectoria en el rango de la fase puede realzar peculiaridades inexploradas de la actividad cardíaca.

Fang [15] amplió el conjunto de características observando los vectores tridimensionales de ECGs de una sola derivación, retardados en el tiempo (4-36 ms), y de amplitud normalizada.

A continuación, haciendo particiones en el espacio de la fase en una cuadrícula de 30x30x30, redujo la trayectoria multi bucle a un espacio de características de granulación gruesa disminuyendo el esfuerzo del coste computacional y la variabilidad del bucle debido al ruido por la irregularidad del ECG.

Chen [10] y después Coutinho [12] analizaron el ECG caracterizando su comportamiento caótico. En detalle, Chen convirtió un trozo de 3 segundos del ECG a un espacio plano de fase usando un retardo de tiempo de 20 muestras. Entonces calcularon indicadores concisos como la dimensión de correlación y los exponentes de Lyapunov así como el valor cuadrático medio de la amplitud del ECG.

Características basadas en frecuencia Otros autores concentraron sus esfuerzos en el análisis de las características frecuenciales del ECG.

Loong [35] usó una técnica de predicción lineal para modelar el contenido de frecuencia de las señales recogidas de ECG. Más concretamente, el modelo de espectro para cada sujeto se obtiene considerando los cuarenta primeros puntos de la reconstrucción lineal del espectro del ECG usando:

$$\hat{x}[n] = -\sum_{i=1}^{p} a_i x[n-i] \tag{1.3}$$

Donde los coeficientes a_i se evalúan minimizando el error utilizando la fórmula de Levinson-Durbin [38]:

$$e[n] = x[n] - \hat{x}[n] \tag{1.4}$$

Donde *x[n]* representa el valor actual.

Kouchaki [31] y Zhao [64] utilizaron procedimientos similares a la transformada de Hilbert-Huang para obtener información instantánea de frecuencia del ECG. El conjunto de medidas se reduce a un grupo de funciones (denominadas funciones de modo intrínseco o IMF) con un proceso adaptativo denominado Descomposición de Modo Empírico (EMD). Cada IMF es diferente y no está fijada como en el desarrollo con wavelet o Hermitian. La IMF representa modos oscilatorios simples del sistema, que pueden ser caracterizados por medio del análisis espectral de Hilbert.

Kouchaki observó que la componente más lenta del EMD transporta la mayoría de la información discriminatoria en comparación con otras IMF.

Zhao propuso una versión modificada del EMD usando versiones promediadas de las IMF para aumentar su robustez frente a las fuentes de ruido. Un número considerable de descomposiciones se recoge para el mismo ECG añadiendo aleatoriamente ruido blanco a la señal original. Las IMF correspondientes se promedian para aislarse del ruido. Finalmente el espectro de cada IMF se evalúa mediante el análisis Welch. La técnica se denomina Descomposición de Modo Empírico Conjunto.

Varias derivaciones Vs Única derivación

Casi todos los estudios reflejan el problema del reconocimiento de individuos vía ECG usando una única derivación. Esto se debe principalmente a la facilidad de los sistemas de identificación basados en ECG. Sin embargo, ya que en los problemas de reconocimiento de patrones una gran cantidad de información podría aumentar la probabilidad de un reconocimiento exitoso [13], los sistemas de múltiples derivaciones también han sido estudiados.

Biel investigó las características de amplitud y temporales en mediciones de ECG con 12 derivaciones. La conclusión fue que una única derivación es suficiente para asegurar un reconocimiento decente, favoreciendo la aplicación práctica de la técnica (al menos se necesitan tres electrodos).

Continuando los estudios de Biel, Zhang comparó los resultados asequibles con el uso de varias derivaciones como única medición. Basándose en sus resultados, concluyeron que el uso de unas pocas derivaciones es suficiente. Por otra parte, Agrafioti investigó el uso de la integración de las características obtenidas de las 12 derivaciones estándar de medida. Sin embargo, se encontró con que esa integración de la información aumenta el rendimiento de la identificación solo cuando se combina con los resultados de diferentes clasificadores en el nivel de decisión. Fang usó tres derivaciones en su análisis en el espacio de la fase mientras obtenía resultados comparables también con una única derivación. Recientemente, Raj y Hatzinakos [47] estudiaron la viabilidad de una única derivación en un solo brazo sobre 23 sujetos con resultados discretos.

1.2. Objetivos y otras consideraciones

1.2.1. Objetivos

Una vez visto lo referente al entorno que rodea a este campo de investigación, así como los trabajos realizados anteriormente para tal efecto, es momento de explicar cuál es el objetivo del trabajo y la metodología a usar.

Así pues, el principal objetivo de este trabajo es validar los resultados así como verificar la adaptabilidad de los métodos de identificación biométrica a una base de datos estándar de identificación de ECG, dado que han sido solo entrenados bajo bases de datos propietarias, las cuales son a menudo reducidas en cuanto al número de pacientes que contienen, y los resultados deben ser extrapolables para dar credibilidad al modelo usado. En concreto, el enfoque que se dará será hacia los métodos que no se basan en los puntos de referencia de las señales del ECG debido a que el modo de trabajo que utilizan es más flexible, principalmente porque no requieren de la identificación minuciosa de los puntos de referencia de la señal, lo que hace que el procesado sea más ligero y asequible para máquinas de uso más cotidiano. Dentro de los métodos referidos hay tres divisiones principales:

- Autocorrelación
- Frecuencia
- Fase

Para cada uno de estos tres ámbitos se ha decidido replicar el trabajo más significativo relacionado.

En ellos se presenta, aparte del acondicionamiento de la señal, un procesado previo correspondiente al tipo de procedimiento de cada tipo para una posterior identificación con distintos algoritmos que buscan minimizar el error para conseguir el mayor porcentaje de acierto. En cada uno de los métodos se explicará y hará referencia a los autores del procedimiento a realizar, explicando también las salvedades con lo realizado en este proyecto.

1.2.2. Acerca de la base de datos

La base de datos utilizada durante el proyecto está recogida en PhysioNet.org, en la cual se detallan las características de las señales, las cuales son:

La base de datos contiene 310 señales, recogidas a partir de 90 personas. Cada registro comprende:

- Derivación I del ECG, tomada durante 20 segundos, digitalizada a 500 Hz con una resolución de 12 bits con un rango nominal de 10 mV

- 10 latidos con anotaciones (apuntes sin verificar de los picos de las ondas R y T de un detector automático)
- información (en el archivo .hea del registro) que contienen la edad, género y fecha de medida

Estos registros han sido obtenidos de voluntarios (44 hombres y 46 mujeres de edades comprendidas entre 13 y 75 años). El número de mediciones para cada persona varía entre 2 (tomadas en un mismo día) hasta 20 (tomadas periódicamente a lo largo de 6 meses).

Las señales en bruto son bastante ruidosas y contienen componentes de alta y baja frecuencia de ruido. Cada registro incluye tanto las señales en bruto y como filtradas:

- Señal 0: ECG I (señal en bruto)
- Señal 1: ECG I filtered (señal filtrada)

Los detalles acerca de las señales y el filtrado se incluyen dentro de la tesis doctoral sobre biometría y ECG de **Tatiana S. Lugovaya** [36]. Es sustancial para la posterior comprensión del porqué de lo realizado en este proyecto fijarse en el preprocesado de las señales incluídas en esta base de datos (*ECG I filtered*). Por ello pasemos a detallar de qué trata este preprocesamiento.

En esta tesis se explica que las señales se tomaron de ECG normalmente contienen tanto ruido como distorsiones de varias fuentes. Sin embargo, se decidió que los filtros que proporciona el sistema de adquisición de datos estuvieran apagados al tomar las señales, debido a que no estaba claro que pudieran suprimir características importantes para la identificación. Un análisis visual de estas señales ruidosas de ECG muestran que el preprocesamiento debe encargarse de tres grandes tareas: corrección de la desviación respecto a la línea de base, filtrado selectivo en frecuencia y realce de la señal. La conclusión a la que llega después de una serie de experimentos es la siguiente combinación de métodos para la etapa de preprocesado:

Estas señales son las que, dentro de cada recreación de los trabajos de cada método, verificaremos si cumplen con los requisitos que los autores explican en ellos, o debemos usar las señales en bruto para aplicar el preprocesado coherentemente.

1.2.3. Obtención y uso de las señales

En apartados anteriores hemos presentado la base de datos que vamos a usar y cuáles son sus características. En este apartado nos centraremos en cómo las señales se pueden obtener del servidor, cómo se nos presentan y cómo usarlas.

El uso de esta base de datos permite una comparación justa y fiable de métodos, ya que al estar libremente disponible, cualquier otro método que se proponga podría ser validado con esta base de datos.

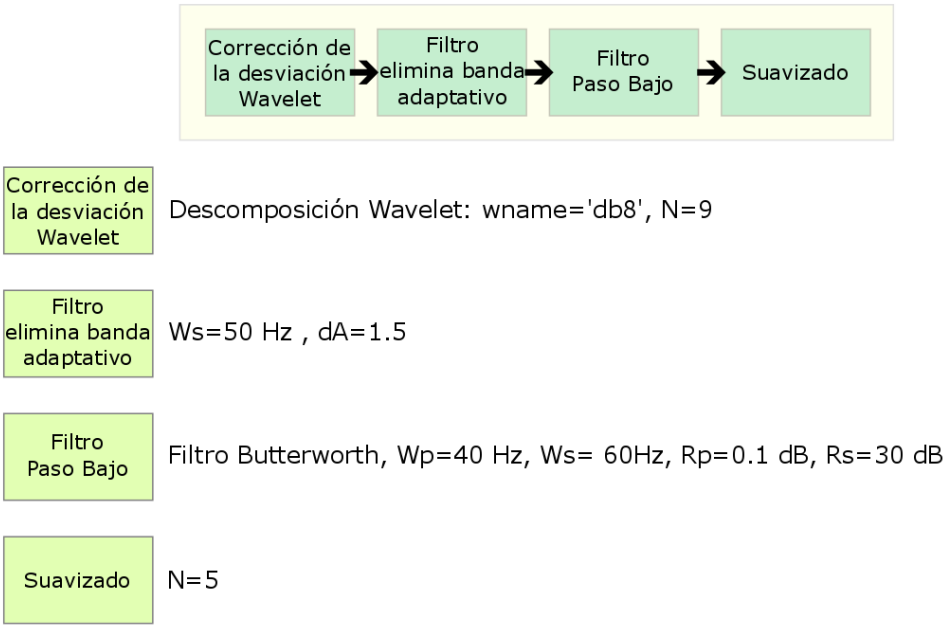


FIGURA 1.5: Combinación de métodos en la etapa de preprocesado

Las señales se encuentran alojadas en el sitio citado anteriormente Physionet.org. Una rápida inspección basta para acceder a cada una de las señales y descargarlas de forma individual. Sin embargo, este proceso es tedioso si se quiere descargar la base de datos completa. Esta es la elección tomada por lo que habrá que recurrir a la ayuda que la misma página proporciona para ello.

En la situación elegida, tener la base de datos completa para trabajar en local, debemos usar el comando GNU wget y ejecutarlo desde el símbolo del sistema (*cmd*) del entorno Windows (dentro del cual se trabajará).

Una vez tenemos la base de datos dispuesta para trabajar en local hay que saber de qué modo están escritas las señales y cuáles serán los pasos para poder leerlas y manipularlas en el entorno de MATLAB. La propia web, de nuevo, ofrece un conjunto de herramientas desarrolladas para diversos lenguajes de programación (C, C++, Java, Python...) y entornos de trabajo como Octave o Matlab en el caso que nos ocupa.

Esta caja de herramientas se denomina WFDB toolbox y está compuesta de una serie de funciones y archivos que permiten la elección de la base de datos a usar (local o de la propia página de Physionet), actúan como soporte para prestar conexión, lectura, procesado y funcionalidad, y dotan de un analizador de datos visual con diversas posibilidades.

La interfaz gráfica es fácil de usar e intuitiva, además de proporcionar gran variedad de opciones:

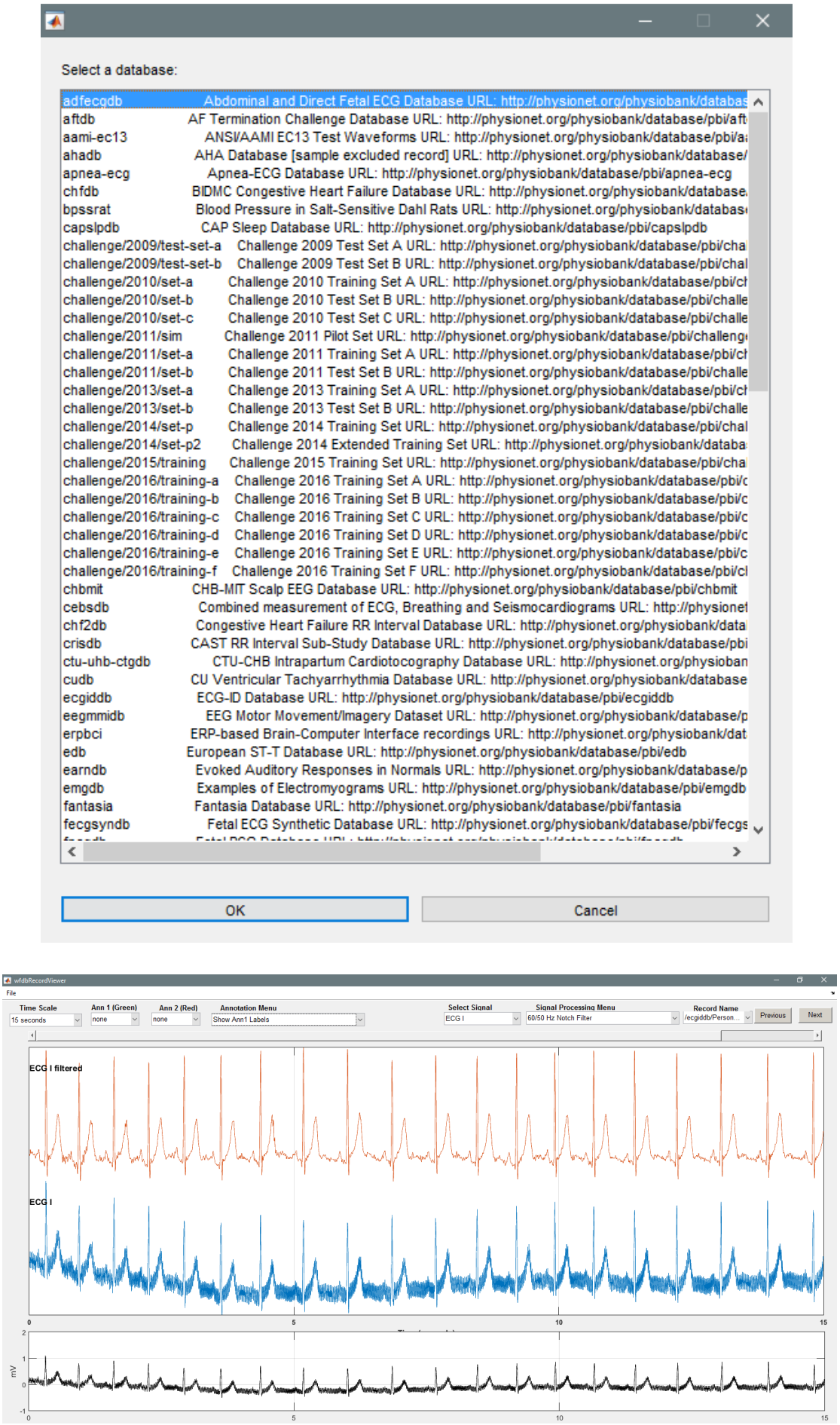


FIGURA 1.6: Interfaz gráfica ofrecida por *WFDB toolbox*

Sin embargo, para este trabajo no se usará esta interfaz gráfica, sino, como se ha dicho; se trabajará con las funciones desde el ordenador usando ciertas funciones imprescindibles contenidas en el conjunto de herramientas para la decodificación de las señales, y se escribirán programas propios para realizar las diversas recreaciones.

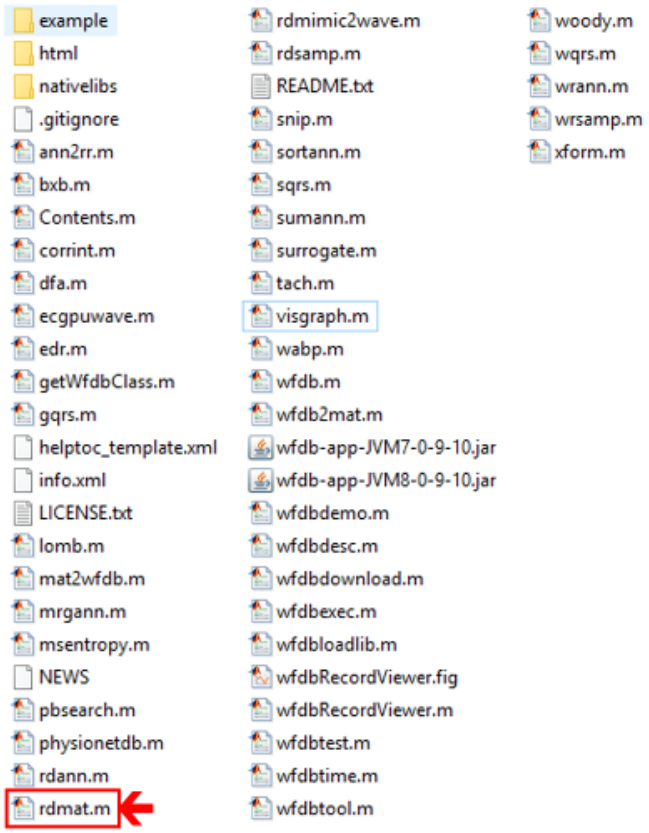


FIGURA 1.7: Conjunto de funciones de *WFDB toolbox*

Dado que las señales obtenidas desde la base de datos no están en formato legible e interpretable para MATLAB de forma directa (*.dat*), se debe usar la función *rdmat* que ofrece como salida los parámetros necesarios para su posterior manipulación:

- Tiempo: vector que especifica el tiempo en segundos.
- Señal: matriz de MxN que contiene las señales en unidades físicas.
- Frecuencia: entero que especifica la frecuencia de muestreo en Hz de toda la señal.
- Información: una estructura que muestra diferentes valores tales como las unidades, la ganancia y una descripción.

Usando esta función, se escribe un código que recorre cada directorio en el que están las señales anteriormente descargadas, comprueba el número de archivos de tipo *.dat* y mediante la función **rdmat** lo escribe en otro directorio en el formato *.mat* adecuado.

Una vez realizado este proceso disponemos de la base de datos completa en el formato deseado con lo que podremos usar las señales según nuestra voluntad para efectuar las siguientes tareas.

Capítulo 2

Descripción de trabajos previos

2.1. Trabajo 1: Autocorrelación

En esta sección se describe cómo se desarrolla uno de los trabajos de biometría basado en uno de los métodos anteriormente citados; en este caso, la autocorrelación. En concreto nos centraremos en el trabajo de **Konstantinos Plataniotis** y **Dimitrios Hatzinakos** *ECG Biometric Recognition Without Fiducial Detection* [45].

De entre los trabajos existentes dentro del método de la autocorrelación se eligió este por su facilidad de implementación y su sencilla explicación. Las diferencias con otros trabajos residen principalmente en el modo en el que, una vez procesadas, se comparan las señales para concluir la compatibilidad biométrica.

2.1.1. Descripción del trabajo

Dadas dos señales de ECG de longitud arbitraria N, cada una conteniendo un múltiplo de períodos de latidos, la nueva aproximación se efectúa de la siguiente forma:

1. Las señales de ECG primero se filtran, para la reducción de ruido y de la componente de continua
2. La función autocorrelación normalizada se estima sobre una ventana de M retrasos
3. Se calcula la DCT de la autocorrelación enventanado y los primeros C coeficientes significativos se seleccionan
4. Los coeficientes seleccionados de las DCT de las dos señales se usan para identificación y comparación.

2.1.1.1. Preprocesado

Lo primero que se hace es filtrar la señal ECG para eliminar el ruido. Se utiliza un filtro paso banda (0.5 a 40 Hz) para eliminar el ruido y las particularidades no deseadas conservando las características fiduciales del latido del corazón.

El filtrado subsiguiente, en lugar de extraer pulsos individuales del ECG, en el método AC/DCT se considera una ventana del ECG de longitud y origen arbitrario. El único requerimiento es que el contenido de los datos de la ventana de longitud N es más largo que la frecuencia de latido cardíaco promedio subyacente, por lo que en situaciones normales puede contener varios pulsos.

2.1.1.2. Autocorrelación (AC)

La autocorrelación se aplica para lograr mezclar las muestras en la ventana del ECG en una secuencia de sumas de productos de modo que las localizaciones de los puntos de referencia (fiduciales) no será necesario que se encuentren de forma explícita. La fórmula estimada y normalizada de AC que se usa es la siguiente:

$$\hat{R}_{xx}[m] = \frac{1}{\hat{R}_{xx}[0]} \sum_{i=0}^{N-|m|-1} x[i]x[i+m] \tag{2.1}$$

donde *x[i]* es la ventana de ECG y *x[i+m]* es la versión desplazada en el tiempo de la ventana de ECG con un retraso en el tiempo de *m* = 0, 1, ...,*(M-1)*; $M << N$. M es un parámetro que debe ser elegido.

2.1.1.3. Transformada de coseno discreto (DCT)

La DCT se aplica a los coeficientes de la autocorrelación para reducción dimensional. Después de procesar la DCT, el número de coeficientes significativos se ve reducido incluso más porque muchos de los coeficientes DCT se transforman a valores cercanos a cero. Esto es un resultado de la propiedad de compactado energético de la transformada DCT. Por consiguiente, asumiendo que se toma una DCT de *M* puntos, sólo un número $C << M$ de coeficientes serán significativos. Los *C* primeros coeficientes de la transformada DCT configuran el vector para el método de identificación biométrica.

2.1.2. Evaluación de la realización

Para ofrecer una comparativa del valor discriminante del vector propuesto, se llevan a cabo experimentos que contienen dos distancias métricas descritas debajo. Además, los ratios de falsos positivos y falsos negativos de estas métricas también se evaluarán.

2.1.2.1. Distancia euclídea normalizada

La distancia euclídea normalizada *D* entre dos vectores se define como:

$$D(x_1, x_2) = \frac{1}{C}\sqrt{(x_1 - x_2)^T(x_1 - x_2)} \tag{2.2}$$

donde C es la dimensión de los vectores, el cual es el número de coeficientes DCT en este experimento. Este factor se usa para hacer comparaciones razonables entre las diversas dimensiones que **x** pudiera tener.

2.1.2.2. Registro de verosimilitud Gaussiana normalizada

Admitiendo una distribución de Gauss, la función de registro de verosimilitud Gaussiana se puede usar para determinar la distancia métrica. Si asumimos que *a priori* la probabilidad de ocurrencia de cada sujeto es la misma, y que las varianzas para cada sujeto son iguales, el registro de probabilidad Gaussiana normalizada se define:

$$L_i = -\frac{1}{2C}(x - \bar{x}_i)^T S^{-1}(x - \bar{x}_i) \tag{2.3}$$

Donde $\bar{x}_i$ son los vectores medios de muestras respectivos para el sujeto *i*, y *S* es la matriz de covarianza estimada global de toda la base de datos. El resultante L_i indicaría la puntuación de **x** perteneciente al sujeto *i*. Cuanto más alta sea la puntuación, más alta es la posibilidad de **x** de ser un vector característico del sujeto *i*. Puesto que distintas dimensiones del vector característica darán magnitudes medias distintas, el factor *C* se usa para permitir comparaciones.

Se comienza calculando las distancias para un sujeto del cual se hallen diferentes ECG tomados en diferentes momentos. Sabiendo que son pertenecientes al mismo sujeto, se calculan la media y la desviación estándar para tener una descripción estadística de coincidencia de las señales de un mismo sujeto. Después se calculan estos valores para dos sujetos diferentes, con lo que se obtiene una descripción estadística de la separación entre sujetos diferentes.

2.1.2.3. Falso negativo (FN) y falso positivo (FP)

Para hallar los FN y FP, suponemos que las métricas estimadas (*D* o L_i) tienen una distribución Gaussiana. Esta suposición es válida porque los resultados de estas comparaciones están supuestamente obtenidos bien sea del mismo sujeto o bien de diferente, y, en consecuencia, son variables aleatorias definidas en cualquiera de los dos espacios de probabilidad. Además como la determinación de *D* o L_i es independiente en cada ensayo, es factible suponer que cada *D* y L_i son variables aleatorias independientes e idénticamente distribuidas. Por lo tanto, tienen una distribución Gaussiana del teorema del límite central.

Usando la suposición Gaussiana, la media y la desviación estándar para sujetos iguales y distintos obtenidas anteriormente, *FN* y *FP* se calculan encontrando primero la intersección *t*, entre la función de probabilidad de densidad Gaussiana del mismo sujeto y la función de probabilidad de densidad Gaussiana de un sujeto distinto. Después de encontrar *t*, FN y FP se pueden encontrar para el caso de la métrica de registro de verosimilitud Gaussiana normalizada:

M	*C*	*FN (misma base de datos*	*FP (misma base de datos)*	*Tasa de Reconocimiento de Ventana*	*Tasa de Reconocimiento de Sujeto*
50	**5**	**0.0106**	**0.1177**	**116/140**	**13/14**
100	**11**	**0.0049**	**0.0435**	**119/140**	**13/14**
180	**13**	**0.0061**	**0.0587**	**132/140**	**13/14**
200	**17**	**0.0052**	**0.0490**	**129/140**	**13/14**
300	**19**	**0.0028**	**0.0224**	**126/140**	**13/14**
400	**26**	**0.0022**	**0.0146**	**125/140**	**13/14**

TABLA 2.1: Resultados de los Experimentos de Clasificación con dos bases de datos PTB usando la distancia euclídea normalizada

M	*C*	*FN (misma base de datos*	*FP (misma base de datos)*	*Tasa de Reconocimiento de Ventana*	*Tasa de Reconocimiento de Sujeto*
50	**21**	**5.2716 (10^{-4})**	**0.0529**	**136/140**	**14/14**
100	**27**	**3.6657 (10^{-4})**	**0.0367**	**140/140**	**14/14**
200	**44**	**1.6759 (10^{-4})**	**0.0194**	**140/140**	**14/14**
300	**63**	**7.4346 (10^{-4})**	**0.0122**	**130/140**	**13/14**
400	**55**	**6.5794 (10^{-4})**	**0.0085**	**130/140**	**13/14**

TABLA 2.2: Resultados de los Experimentos de Clasificación con dos bases de datos PTB usando la Función de Verosimilitud Gaussiana Normalizada

$$FN_{likelihood} = P_{same}(-\infty < x < t) \tag{2.4}$$

$$FP_{likelihood} = P_{different}(t < x < \infty) \tag{2.5}$$

donde x es la variable Gaussiana aleatoria con la mínima desviación estándar del correspondiente grupo de sujetos. Para la distancia euclídea normalizada se pueden hacer cálculos similares también mediante la inversión de los rangos en las probabilidades.

2.1.3. Evaluación de la clasificación

Para estimar el rendimiento de la clasificación del método propuesto, el cual es la habilidad de clasificar (asignar) correctamente una medida a su sujeto correspondiente, el método AC/DCT se aplicó a dos muestras diferentes de los 14 individuos de la base de datos PTB. El vector DCT de cada sujeto en la muestra 1 se comparó con los vectores DCT de todos los sujetos en la muestra 2 y se determina la mejor coincidencia. Los resultados se ven a continuación para las dos distancias métricas explicadas.

2.2. Trabajo 2: Frecuencia

Para la identificación biométrica basada en frecuencia se describe el trabajo **A New Approach to ECG Biometric Systems: A Comparitive Study between LPC and WPD Systems** de los autores **Justin Leo Cheang Loong, Khazaimatol S Subari, Rosli Besar** y **Muhammad Kamil Abdullah** [35].

En los puntos I y II del mismo se obviarán ciertas cosas referidas a qué es un sistema biométrico y al estado del arte que ya ha sido expuesto anteriormente.

2.2.1. Introducción

Las diferentes estructuras del corazón entre diferentes individuos afectan a la forma de la señal ECG. Esto permite a un sistema biométrico usar este rasgo fisiológico para propósitos de identificación humana. Muchos sistemas se basan en características temporales así como el intervalo del complejo QRS y la amplitud de la onda P. Los inconvenientes inherentes de tales sistemas tienen una mayor probabilidad de ser burlados por una señal falsa de ECG si las localizaciones y amplitudes de los puntos PQRST se han adivinado. Además no hay límites universalmente aceptados de las ondas y, por tanto, los valores obtenidos varían dependiendo del equipamiento usado para adquirirlos y la localización de los electrodos.

En consecuencia un nuevo método para identificación con el ECG es propuesto, mediante el uso de un acercamiento que opera en el dominio de la frecuencia, específicamente codificación predictiva lineal (LPC). LPC se ha usado extensivamente en el análisis de reconocimiento de vocales en los sistemas de reconocimiento de vocales debido a su habilidad de de detectar polos. En términos de uso del LPC para el reconocimiento de ECG, los autores son conscientes de un solo artículo de investigación cuyos objetivos fueron con el propósito del diagnóstico diferencial. En este proyecto, el LPC se usó para calcular la envolvente espectral de la señal de ECG. Después, los primeros cuarenta coeficientes espectrales se extrajeron como características del algoritmo de clasificación.

Se ha usado la *Wavelet packet decomposition (WPD)* en la clasificación de señales de electroencefalograma (EEG). La WPD es capaz de mostrar información en los dominios del tiempo y de la frecuencia y además es un método de extracción de características que no esta basado en los puntos fiduciales. Los resultados del método de extracción de características WPD se compararán con el enfoque LPC.

2.2.2. Sistemas biométricos mediante ECG

En esta sección se hace un resumen del estado del arte (más centrado en la frecuencia) referido a la identificación mediante ECG. Por tanto esta parte será obviada al no considerarse relevante para el conocimiento del método en sí.

2.2.3. Metodología

Un sistema biométrico es esencialmente un problema de reconocimiento de patrones y, en consecuencia, la metodología de este experimento puede ser desglosada en 4 partes: (i) configuración experimental, (ii) preprocesamiento, (iii) extracción de característica y (iv) clasificación. Se explicará cada parte a continuación.

A. Configuración experimental

Las señales ECG fueron tomadas usando una consola gMobilab+ de Guger Technologies que fue conectada a un ordenador y se capturó usando la Matlab Data Acquisition Toolbox con una frecuencia de muestreo de 256 Hz.

Un total de 15 sujetos sanos participaron en este estudio. Todos eran varones estudiantes de la Multimedia University de edades comprendidas entre 18 y 22 años. Dos muestras de ECG se tomaron de cada participante con una duración de 65 segundos por muestra. Las muestras están hechas en el mismo día para todos los participantes, aunque no en la misma sesión.

Los primeros 2.5s y los últimos 2.5s de la señal fueron eliminados y los 60 restantes se usaron para pruebas y entrenamiento.

B. Preprocesamiento

El preprocesamiento preliminar prepara la señal para la fase de extracción de características. Esta fase consiste en 2 partes:

(1) Filtro Pre-Énfasis: La señal de ECG atraviesa un filtro pre-énfasis con la siguiente ecuación:

$$y[n] = x[n] - 0{,}95x[n-1] \tag{2.6}$$

donde *x[n]* es la señal de entrada e *y[n]* la señal de salida después del filtro. Este filtro se usa para potenciar la región de alta frecuencia de la señal para aplanar el espectro. Esto a su vez permite un mejor cálculo de los coeficientes usando LPC.

(2) Segmentación: La señal es más tarde dividida en segmentos de 5s con superposición del 50 %. En el cálculo de la envolvente espectral de la señal de ECG, una señal más larga otorgará una mejor estimación. Sin embargo la señal se segmenta para aumentar el número de muestras de pruebas usadas para la formación de la red neural.

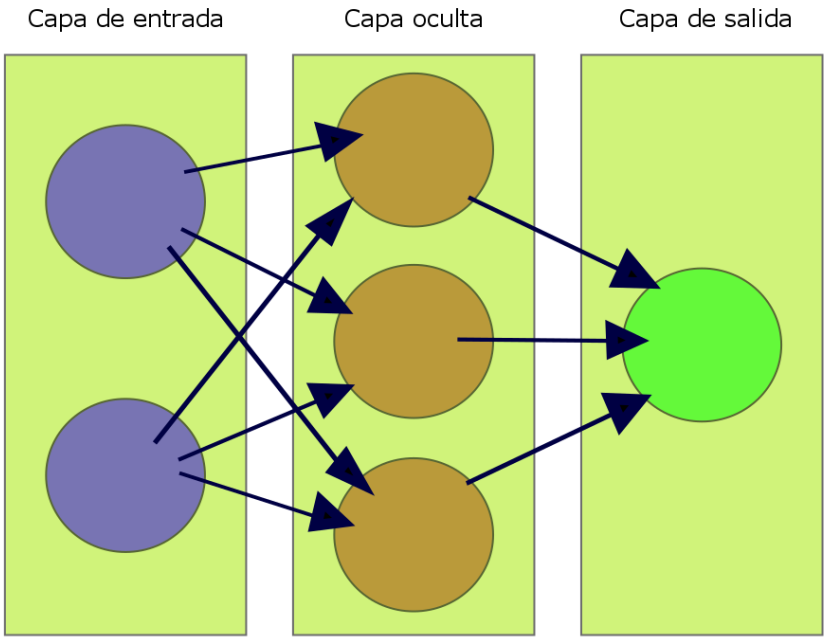


FIGURA 2.1: Una red neural consiste en tres capas: entrada, oculta y salida.

C. Extracción de características

Para la extracción de características se usaron dos métodos. En general, para la LPC, los primeros cuarenta puntos del espectro ECG LPC se extraen y se usan como características para el algoritmo de clasificación. Para el método WPD, las características se extrajeron usando la wavelet 'db2' en un WPD de 5 niveles.

(1) Codificación predictiva lineal: LPC es una técnica de análisis de series temporales que es usada para predecir valores futuros de una señal como una función lineal de las muestras previas. El valor predicho puede ser calculado con la siguiente ecuación:

$$\hat{x}[n] = -\sum_{i=1}^{p} a_i x[n-i] \tag{2.7}$$

donde *x[n-i]* son los valores previos, a_i son los coeficientes LPC y *p*es el orden de la LPC. El error producido de esta estimación es la diferencia del valor predicho y el valor actual:

$$e[n] = x[n] - \hat{x}[n] \tag{2.8}$$

donde *x[n]* es el valor actual. El error se minimiza y los coeficientes LPC se hallan usando la recursión de Levinson-Durbin. Los 40 primeros puntos del espectro de LPC se toman como conjunto de características de la señal ECG.

(2) 'Wavelet Packet Decomposition': En el método WPD,se aplica a la señal una WPD de 5 niveles usando la *'wavelet'* 'db2'. WPD descompone tanto la aproximación como los coeficientes para dar una mejor representación de la señal en el rango de la frecuencia.

Los coeficientes de cada nodo son extraídos y se calculan cinco parámetros estadísticos de ellos, por ejemplo, máximo, mínimo, media, desviación estándar y entropía. Estos nodos representan el rango de frecuencias de 0 a 40 Hz con una resolución de 4 Hz por nodo. En total, hay un global de 50 parámetros que se usan como conjunto de características para WPD.

D. Clasificación

Una sistema de red neural consta de tres capas: entrada, oculta y salida. La capa de entrada la conforma el conjunto de características que va a ser evaluado o clasificado. La capa encubierta consta de varias neuronas artificiales interconectadas trabajando en paralelo para modelar las relaciones entre la capa de entrada y de salida. La capa de salida es el resultado obtenido después de hacer pasar la capa de entrada a través de la capa encubierta.

Cada neurona en la capa encubierta realiza una tarea simple que se puede describir con la siguiente ecuación:

$$a = f(\omega p + b) \tag{2.9}$$

donde p es la entrada, f es la función de transferencia, ω es la magnitud que multiplica a la entrada, b es el desplazamiento añadido a la señal y a es la salida de la neurona. El desplazamiento puede ser visto como una magnitud, excepto que su valor es siempre 1. El desplazamiento es añadido a la entrada ponderada y efectuado a través de la función de transferencia seleccionada. Si la salida excede un cierto umbral, la neurona se activa. De otro modo no hará nada. Una red neuronal de retropropagación es tomada por al cual las señales viajan de la entrada a la salida y viceversa y las magnitudes de las neuronas están continuamente cambiando hasta que el objetivo de rendimiento del sistema se cumple o se alcanza el equilibrio.

Las características extraídas de cada segmento son divididas aleatoriamente en segmentos de entrenamiento y pruebas cada vez que el sistema se ejecuta con un ratio del 70 % de características usadas para pruebas y el 30 % restante para entrenamiento. El conjunto de entrenamiento se normaliza a una media de 0 y una desviación estándar de 1 antes del ensayo:

$$\hat{\upsilon} = \frac{\upsilon - \mu_\upsilon}{\sigma_\upsilon} \tag{2.10}$$

donde $\hat{\upsilon}$ es el vector normalizado de características, μ_υ es la media y σ_υ es la desviación estándar de las características del conjunto de entrenamiento. El mismo proceso usado para normalizar el conjunto de entrenamiento se usa para normalizar el conjunto de pruebas durante las pruebas del sistema. Dos capas encubiertas con 100 nodos en cada

capa se emplean y la función de entrenamiento usada es el gradiente escalado conjugado. El entrenamiento se considera exitoso sólo cuando el desempeño del sistema calculado usando el error cuadrático medio alcanza o cae por debajo de 10^{-3}. Por el contrario, el sistema se vuelve a reanudar para alcanzar un rendimiento óptimo.

2.2.4. Resultados y discusión

El resultado de este experimento se basa en la tasa media de reconocimiento correcto:

$$CRR_{ave} = \frac{1}{R}\sum_{i=1}^{R}\frac{C_i}{T_i} \times 100 \tag{2.11}$$

donde C_i es el número de clasificaciones correctas, R_i es el número de ejecuciones y T_i es el número total de muestras de pruebas. El número de ejecuciones es definido como el número de veces que la tarea de clasificación se ejecuta para obtener un CRR medio.

La tabla ilustra el CRR_{ave} del sistema cuando el orden del LPC varía y con 120 puntos del espectro LPC se usan como el conjunto de características. Se puede observar que fijando el orden del LPC a 4 provoca la caída del CRR_{ave}. LPC de orden 6 en adelante producen un CRR_{ave} superior al 99 %.

Orden del LPC	**CRR(%)**
4	97.81
6	99.24
8	99.10
10	99.33
12	99.62
14	99.14
16	99.05

TABLA 2.3: CRR del sistema variando el orden del LPC y usando 120 puntos del LPC

Esto es porque un menor orden del LPC es incapaz de modelar precisamente la envolvente del espectro para cada persona en consecuencia decayendo la posibilidad de separación entre sujetos. Desde los resultados, el orden óptimo del LPC para el sistema es 12.

2.2.5. Conclusión

Para concluir, un nuevo método para sistemas biométricos de ECG se implementó satisfactoriamente usando los coeficientes de la envolvente espectral del LPC como características con tasas de clasificación del 99.52 % y 100 % para el segmento CRR_{ave} y el sujeto CRR_{ave} respectivamente. En comparación, un sistema usando WPD sólo

manejaba 91.52 % del segmento CRR_{ave} y 92.00 % del sujeto CRR_{ave}. Si el enfoque por segmentación se usa, el umbral para la identificación del sujeto se puede ajustar hasta un 82 % para el sistema LPC mientras que se sigue manteniendo un 100 % de identificación de sujeto. El sistema LPC es también 28 veces más rápido en tiempo de computación comparado con WPD.

2.3. Trabajo 3: Fase

En el caso identificación biométrica basada en la fase describiremos el trabajo **QRS detection-free electrocardiogram biometrics in the reconstructed phase space** de los autores **Shih-Chin Fang** y **Hsiao-Lung Chan** [15].

2.3.1. Introducción

La mayor ventaja desde el punto de vista del espacio de la fase es que las ondas R no necesitan estar exactamente alineadas, en tanto en cuanto la forma de onda esencial se incluye. Además, un ECG de tres derivaciones puede ser directamente asignado a una trayectoria tridimensional en el espacio de la fase. Este método produce una exactitud de identificación mucho más alta (99 %) en un grupo de 100 sujetos en comparación con un ECG de una simple derivación en un espacio tridimensional de la fase(93 %).

Una señal de ECG de múltiples ciclos actúa como una trayectoria de múltiples bucles en el espacio de la fase que contiene patrones topológicos casi repetitivos. Este artículo propone un nuevo método para reducir la trayectoria de múltiples bucles a un simple bucle definiendo una malla gruesa en el espacio de la fase. Se prueban varios métodos para cuantificar la similitud o diferencia entre dos de estas estructuras de grano grueso de un único bucle. El rendimiento del método propuesto de identificación se compara con el rendimiento del método AC/DCT.

2.3.2. Métodos

2.3.2.1. Registro y preprocesamiento del ECG

En el estudio se inscribieron 100 sujetos (37 hombres y 63 mujeres de edades comprendidas entre 16 y 84 años). Cada sujeto se sentó en sillón durante el registro del ECG. El primer par de electrodos, denominado derivación anterior, se colocó en el quinto espacio intercostal a lo largo de la línea media clavicular. El segundo par, denominado derivación lateral, se colocó en el medio de la línea axilar. El tercer par, o derivación posterior, fue colocado entre la escápula medial y la columna torácica. Dos señales de 30 s del ECG separadas por un intervalo de 30 min se tomaron de cada sujeto con el mismo emplazamiento de electrodos. La señal de ECG se digitalizó a 250 Hz usando una máquina Nicolet (The Nicolet, Conshohocken, PA, USA). La señal digital de ECG se procesa entonces por un filtro Butterworth de orden 4 con una banda de paso de 1 a 30 Hz para eliminar la línea base de baja frecuencia (componente continua) y el ruido de alta frecuencia. Una señal de ECG de 5 s se toma de cada registro filtrado para el análisis posterior. Todas las tareas de procesado, incluyendo el filtrado, la reconstrucción del espacio de la fase, y la identificación individual, se implementaron usando MATLAB 7.4 (The MathWorks, Natick, MA, USA).

2.3.2.2. Reconstrucción del espacio de la fase

Dos tipos de señales de ECG se usan para identificación biométrica: el ECG de derivación simple (anterior) y el ECG de tres derivaciones. Cada tipo de señal está incrustado en un espacio tridimensional de la fase mediante un método diferente.

Un período de ECG de 5 s de una sola derivación $x(t)$ se expande en una serie temporal con tres componentes vectoriales $\mathbf{X}(t)$ con la técnica de retraso de tiempo como sigue (Fig. 2(c)):

$$\mathbf{X}(t) = [x(t)x(t+\tau)x(t+2\tau)] \tag{2.12}$$

La serie $\mathbf{X}_n(t)$ se construye normalizando cada elemento al rango de $x(t)$.

$$\mathbf{X}_n(t) = \frac{\mathbf{X}(t) - x_{min}}{x_{max} - x_{min}} \tag{2.13}$$

Aquí, x_{max} y x_{min} son los valores máximo y mínimo de $x(t)$. El trazado de $\mathbf{X}_n(t)$ en tres dimensiones crea una trayectoria (Fig. 2(e)) que está cercana a repetirse varias veces. Fig.3 muestra las expansiones del espacio de la fase usando diferentes retrasos, τ = 4,...,36 ms. Todas las expansiones de la fase producen dos bucles principales correspondientes al complejo QRS y la onda T respectivamente.

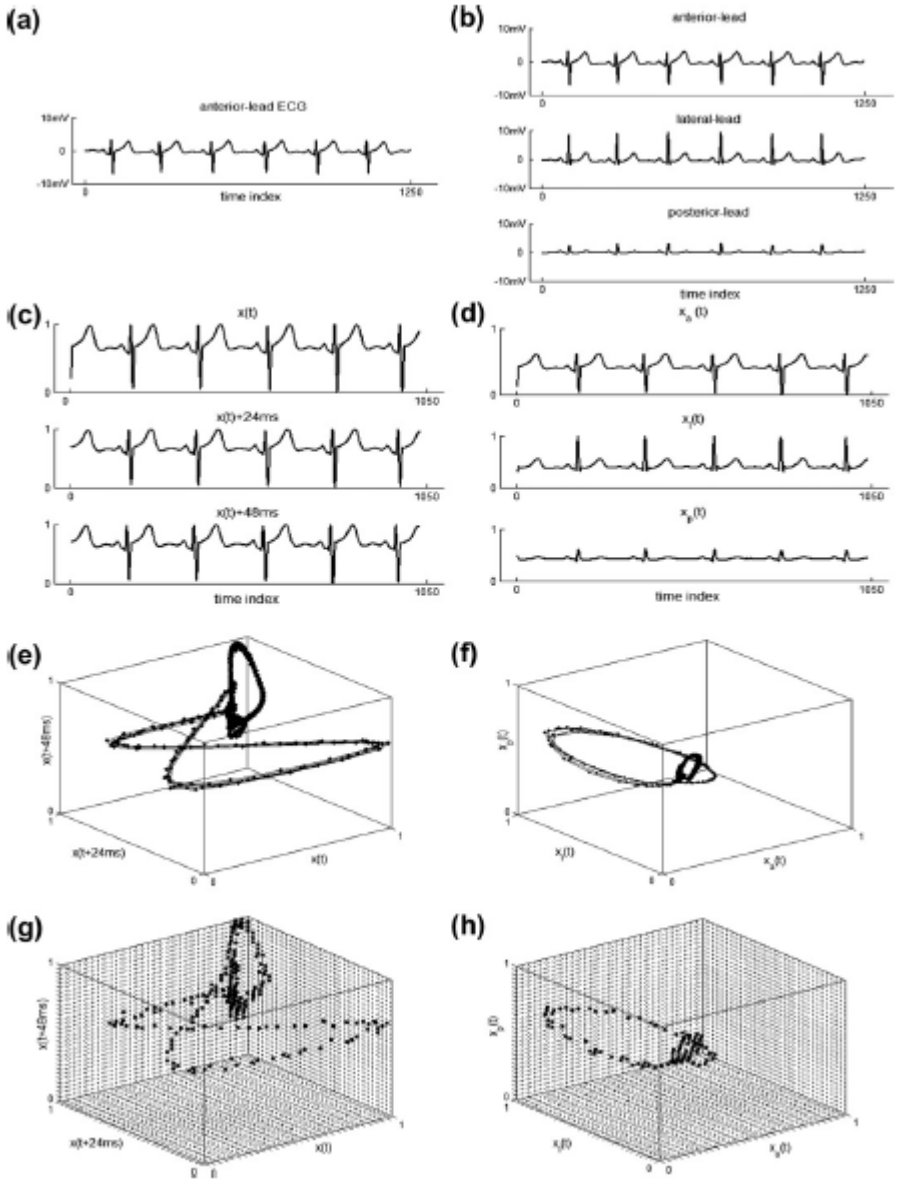


FIGURA 2.2: Reconstrucción del espacio fase (ECG de única derivación)

El ECG de tres derivaciones (compuesto por x_a, x_l y x_p para las derivaciones anterior, lateral y posterior respectivamente) se ensambla también en una serie tridimensional de vectores $\mathbf{X}(t)$:

$$\mathbf{X}_n(t) = [x_a(t)x_l(t)x_p(t)] \tag{2.14}$$

Este vector se normaliza a $\mathbf{X}_n(t)$ usando la ecuación anterior donde x_{max} y x_{min} ahora se refieren al mínimo y máximo de todos los elementos en $\mathbf{X}(t)$. El trazado de $\mathbf{X}_n(t)$ en un espacio tridimensional de la fase produce otro patrón (Fig. 2(f)) de repetición de curvas poco espaciadas.

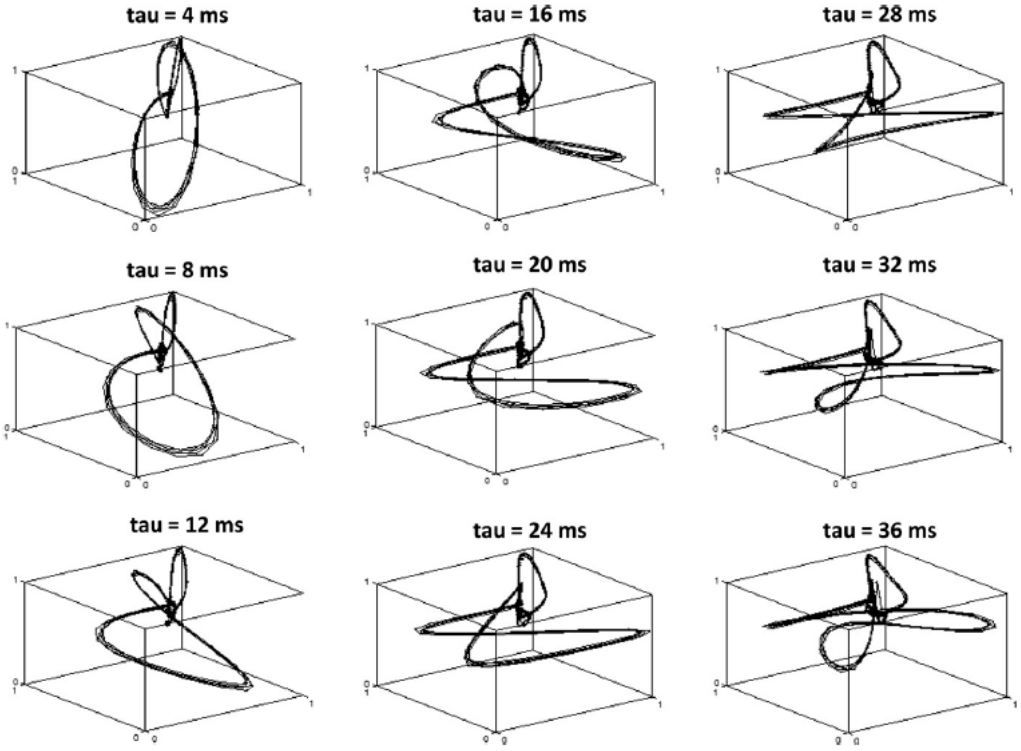


FIGURA 2.3: Reconstrucción del espacio fase (ECG de 3 derivaciones)

2.3.2.3. Método de granulación gruesa

Las trayectorias de varios bucles (Fig. 2(e) and (f)) revelan detalles, repitiendo características de la señal. Se reduce la trayectoria a una estructura de baja resolución mediante la división del espacio de la fase en una rejilla cúbica de $M \times M \times M$ y teniendo en cuenta qué celdas están atravesadas por la trayectoria. Cualquier celda cruzada al menos una vez por la trayectoria es anotada como un punto con valor 1 a la posición de sus índices $(i, j, k)_{1 \leq I,j,k \leq M}$. Como se muestra en Fig. 2(g) and (h), la *estructura de granulación gruesa* resultante conserva el patrón topológico de la trayectoria original, pero aparece como un único bucle. El tamaño más apropiado para las celdas depende del método empleado para comparar dos estructuras. Las estructuras de granulación gruesa también ofrecen una ventaja computacional sobre las trayectorias originales.

2.3.2.4. Métodos de comparación de estructura

Siendo $\mathbf{X}_{cg}$ y $\mathbf{Y}_{cg}$ las estructuras de granulación gruesa derivadas de dos señales de ECG. En esta sección se cuantifica la similitud entre las estructuras de dos maneras: su correlación espacial normalizada y el punto de encuentro mutuo más cercano. Su disimilitud se expresa por la distancia del punto mutuo más cercano.

I. Correlación espacial normalizada

Los elementos de $\mathbf{X}_{cg}$ y $\mathbf{Y}_{cg}$ son 1 (si la trayectoria cruza la celda al menos una vez) o 0. La correlación espacial normalizada (nSC) entre $\mathbf{X}_{cg}$ y $\mathbf{Y}_{cg}$ es

$$nsc(\mathbf{X}_{cg}, \mathbf{Y}_{cg}) = \frac{\sum_{1 \leq I,j,k \leq M} \mathbf{X}_{cg}(i,j,k) \times \mathbf{Y}_{cg}(i,j,k)}{\sqrt{N_X \times N_Y}} \tag{2.15}$$

donde N_X y N_Y son los números de los puntos distintos de cero en $\mathbf{X}_{cg}$ y $\mathbf{Y}_{cg}$ respectivamente. El rango de valores de nSC va desde 0 (estructuras completamente asiladas) a 1 (estructuras completamente superpuestas).

Haciendo una partición del espacio de la fase en celdas mayores proporciona estructuras de baja resolución, reduciendo la cantidad de información que puede ser capturada por la estadística de correlación espacial. Por otro lado, haciendo la partición en celdas pequeñas produce estructuras esparcidas, aumentando la dificultad de puntos de encuentro. Fig. 4(a) to (d)

II. Distancia del punto mutuo más cercano

Una manera alternativa de comparar estructuras de granulación gruesa es calcular la distancia entre puntos correspondientes. Fig. 4(e). Tomando todos los puntos ($\mathbf{x}_p$) de una estructura ($\mathbf{X}_{cg}$) a su vez como referencia, se determina el punto más cercano ($\mathbf{y}_{NP}$) en la otra estructura ($\mathbf{Y}_{cg}$). Se calcula entonces la distancia eucídea entre este punto este punto y su punto más cercano ($d_{x_p}^{y_{N_p}}$). Toda la serie de distancias es entonces promediada, y un procedimiento similar se aplica en la dirección opuesta usando cada punto en $\mathbf{Y}_{cg}$ como referencia. La distancia del punto mutuo más cercano (MNPD) se define como la suma de las dos distancias medias.

$$MNPD(\mathbf{X}_{cg}, \mathbf{Y}_{cg}) = \frac{\sum_{p=1}^{N_X} d_{x_p}^{y_{N_p}}}{N_X} + \frac{\sum_{p=1}^{N_Y} d_{y_p}^{x_{N_p}}}{N_X} \tag{2.16}$$

Estructuras con topologías diferentes tienen un MNPD alto Fig. 4(e), y aquéllas con topologías similares tienen un MNPD pequeño Fig. 4(f).

III. Punto de encuentro mutuo más cercano

El método de punto de encuentro mutuo más cercano (MNPM) intenta encontrar una correspondencia entre dos estructuras de granulación gruesa. Primero, cada estructura es desplazada hacia el origen (from Fig. 4(e) to (g), and from (f) to (h)) mediante la sustracción de su centroide. Se calcula el producto interior (interno) de los vectores de posición correspondientes a un punto de referencia y a su punto más cercano (Fig.4 (g) and (h)), como medida de similitud tanto en magnitud como en ángulo. Los productos interiores de todos los pares de puntos más cercanos se suman, después se dividen por la raíz cuadrada de la suma de las normas cuadradas de los vectores de referencia.

$$MNPM(\mathbf{X}_{cg}, \mathbf{Y}_{cg}) = \frac{\sum_{p=1}^{N_X} \vec{x_p} \cdot \vec{y}_{NP} + \sum_{p=1}^{N_Y} \vec{y_p} \cdot \vec{x}_{NP}}{2 \times \sqrt{\sum_{p=1}^{N_X} |\vec{x_p}|^2} \times \sqrt{\sum_{p=1}^{N_Y} |\vec{y_p}|^2}} \tag{2.17}$$

Se observa que el MNPM está calculado dos veces, cada una usando una estructura como referencia. Las estructuras con topologías diferentes tienen un MNPM pequeño (Fig. 4(g)), mientras que las que tienen topologías similares tienen un MNP más alto.

2.3.2.5. Autocorrelación y transformada del coseno discreto (Wang et al., 2008 [59])

Con motivo de comparación, también se calcula la autocorrelación (AC) de las señales del ECG de 5 s. Los coeficientes de Fourier de la serie temporal de la autocorrelación derivan de una transformada de coseno discreta (DCT). La diferencia entre dos series ECG se cuantifica entonces con la distancia euclídea entre sus coeficientes DCT.

2.3.2.6. Evaluación del rendimiento y la identificación

La decisión de si dos señales de ECG coinciden o no se determina comparando uno de los tres índices con un umbral. El nSC y el MNPM son ambos medidas de similitud, por tanto deberían ser mayores que el umbral si las dos señales corresponden al mismo sujeto. El MNPD y la distancia AC-DCT están relacionados ambos con la disimilitud, por lo que deberían ser menores que el umbral si las señales provienen del mismo sujeto. El umbral es diferente para cada índice de cuantificación.

Para determinar el umbral adecuado para cada índice se prueban una serie de valores. A cada umbral y para cada índice, se mide la proporción de sujetos cuyas primera y segunda partes temporales son identificadas como suficientemente consistentes. Esta proporción se denomina sensibilidad, y representa la tasa de positivo verdadero del método. La especificidad se define como la proporción de pares de ECG distintos de diferentes individuos que son identificados como disímil. Esta es la tasa de verdaderos negativos del método. La precisión de un método viene definida como la media de la sensibilidad y la especificidad.

Cuando los umbrales aumentan, trazando la especifidad (eje x) frente a la sensibilidad (eje y) se obtiene la curva de característica de comportamiento del receptor (ROC).Cuanto más grande sea el área encerrada bajo la curva ROC (AUC), mejor es el rendimiento general del método. EL umbral de corte con la precisión más alta es el umbral óptimo.

2.3.3. Resultados

El retraso temporal se usa para convertir una señal de una derivación de ECG al espacio tridimensional de la fase. Para probar el efecto del rendimiento de la identificación respecto al tiempo de retraso, se eligieron nueve retardos τ = 4 a 36 ms sobre la supuesta partición en celdas de $M \times M \times M$ con M = 10 para el nSC y M = 30 para el MNPD y el MNPM. La figura 2.4(a) muestra el AUC basado en estas condiciones.

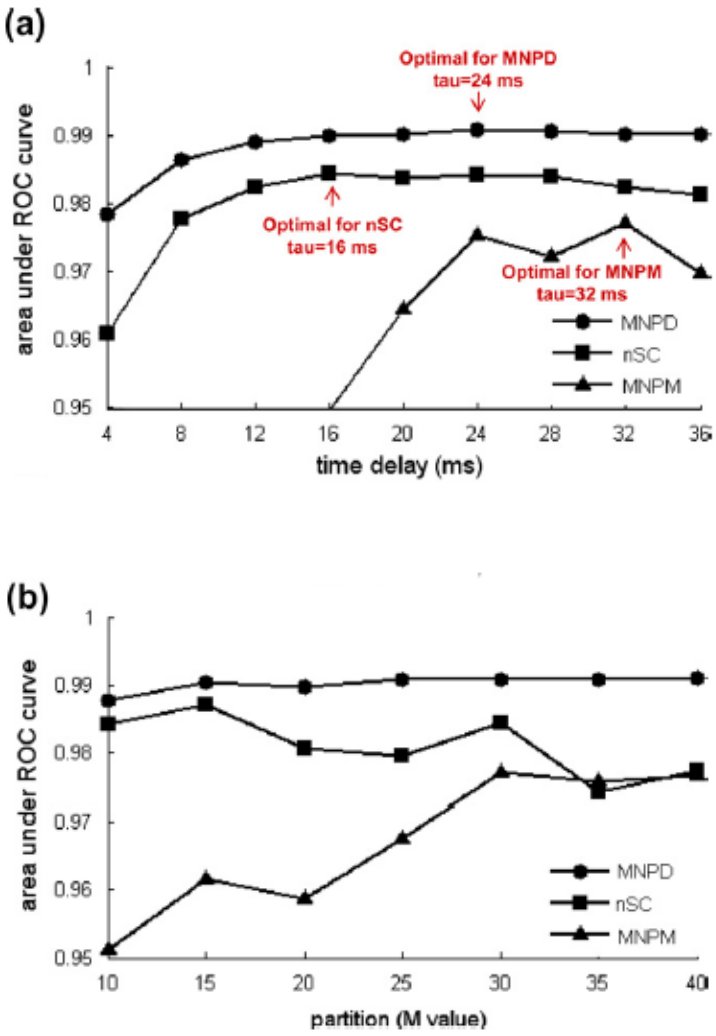


FIGURA 2.4: Variación del ROC con los retardos en el tiempo

El AUC máximo se obtiene si el retraso temporal se ajusta a 16, 24 y 32 ms para nSC, MNPD y MNPM respectivamente.

El rendimiento global de los métodos puede ser juzgado por el AUC.Para la biometría con ECG de única derivación para los métodos, el AUC del MNPD, nSC, MNPM y AC-DCT fueron 0.9908, 09845, 0.9770, y 0.9840 respectivamente, representando unas tasas de precisión de 96 %, 95 %, 96 %, y 95 % respectivamente. El MNPD tuvo el valor más alto de AUC. Usando señales de tres derivaciones de ECG, el AUC del MNPD, nSC y MNPM fueron 0.9977, 0.9940, 0.9953 respectivamente, representando unas tasas de precisión de 99 %, 98 % y 98 % respectivamente. El MNPD tuvo el valor más alto de AUC de nuevo. Además, los patrones de ECG de tres derivaciones ofrecen mayor precisión porque contienen más información.

Índice	Número de derivaciones	Retraso	Sensibilidad (%)	Especifidad (%)	Precisión (%)	AUC
MNPD	1	6 ms	98	94	96	0.9908
nSC	1	4 ms	96	93	95	0.9845
MNPM	1	8 ms	98	93	96	0.9770
AC-DCT	1	75 retrasos	92	91	95	0.9840
MNPD	3		99	99	99	0.9977
nSC	3		99	98	98	0.9940
MNPM	3		99	97	98	0.9953

TABLA 2.4: Resultados Globales

Capítulo 3

Implementación y validación de algoritmos

3.1. Implementación del trabajo 1: Autocorrelación

3.1.1. Introducción

En la recreación para el trabajo de la *autocorrelación* anteriormente explicado hay que tener en cuenta que la base de datos usada en éste es menor y distinta que la base de datos usada para la recreación. El esquema seguido durante el proceso corresponde a la siguiente figura:

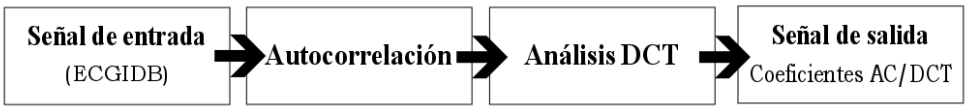


FIGURA 3.1: Esquema de bloques del trabajo AC

Dentro de las señales que proporciona la citada base de datos, se usarán las que ya incluyen el preprocesamiento (*ECG I filtered*), ya que el preprocesamiento usado en el trabajo es perfectamente compatible con el usado en la base de datos.

El programa utilizado para trabajar con las señales es MATLAB2015 y se trabajará de forma matricial y vectorial para ahorrar tiempos en ejecuciones cíclicas. Principalmente se usarán funciones implementadas por MATLAB para realizar las operaciones que requiere el trabajo.

3.1.2. Realización

Una vez tenemos el preprocesamiento de las señales hecho, el siguiente paso es realizar la **autocorrelación** de las mismas. Como vimos en 2.1.1.2 la ecuación usada para la autocorrelación es:

$$\hat{R}_{xx}[m] = \frac{1}{\hat{R}_{xx}[0]} \sum_{i=0}^{N-|m|-1} x[i]x[i+m] \tag{3.1}$$

Para obtener los resultados en MATLAB usaremos la función *xcorr* para cada una de las señales, con una ventana igual a la longitud de la señal completa (10000 muestras) ya que, en nuestro caso, la frecuencia de muestreo es la mitad de la que indican como referencia para la bases de datos usada en sus caso y además cumple la condición de contener varios ciclos de latido.

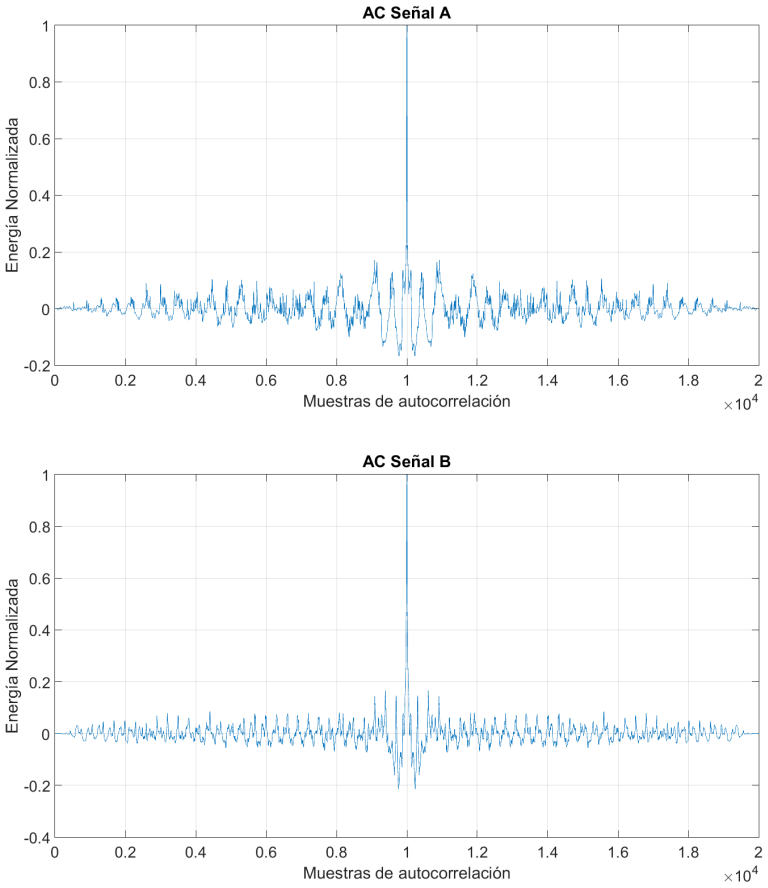


FIGURA 3.2: Autocorrelación de dos señales

El número M, correspondiente a los retrasos a introducir al realizar la autocorrelación de las señales, debe ser, aproximadamente, igual a la duración del complejo QRS. Después de mirar en la documentación sobre la base de datos e indagar en la visualización gráfica de las señales, se fija como valor adecuado M=500 para satisfacer las condiciones.

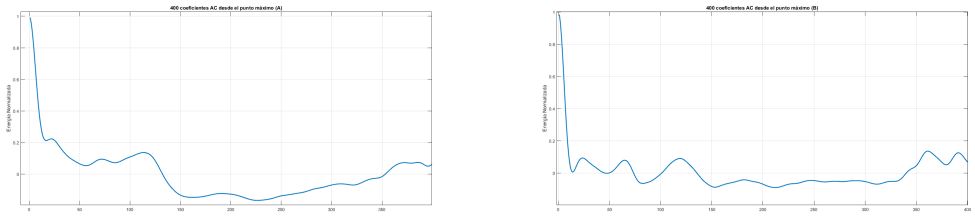
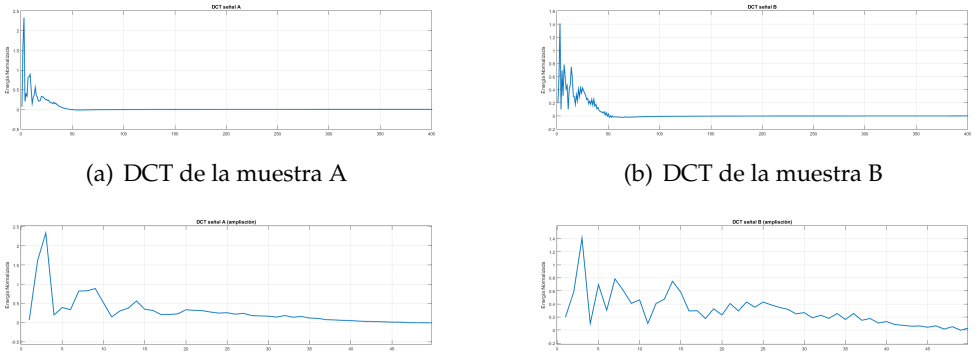


FIGURA 3.3: Autocorrelación de dos señales con M=400

Una vez realizada la autocorrelación de las señales, se realiza la DCT (Transformada de Coseno de Discreto) de los primeros 400 coeficientes de la autocorrelación. Se puede observar la reducción dimensional ya que los coeficientes relevantes tras este proceso disminuyen notablemente.



(a) DCT de la muestra A

(b) DCT de la muestra B

(c) Ampliación sobre los coef. de la muestra A

(d) Ampliación sobre los coef. de la muestra B

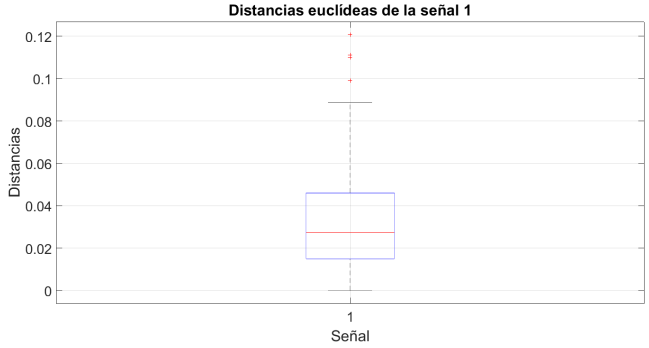
FIGURA 3.4: DCT de los coeficientes AC y ampliación de la zona relevante

Una vez realizados estos dos procesos tenemos como resultado una serie de coeficientes que serán los usados para comparar y tratar de identificar a los individuos dentro de la base de datos. Como ya se explicó en 2.1.2 se usan dos métodos de comparación principales:

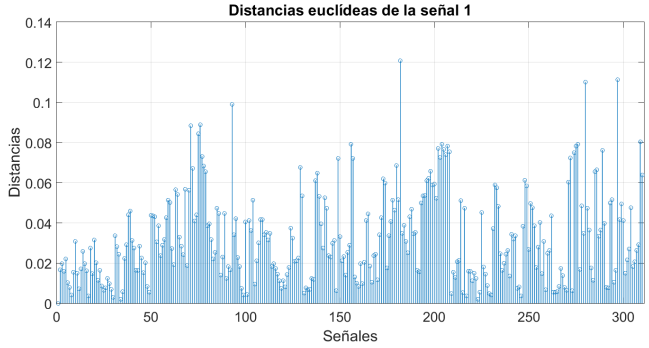
- Distancia euclídea normalizada 2.2
- Registro de verosimilitud gaussiana normalizada 2.3

Además de esto se calculan los ratios de falsos positivos y falsos negativos que pueden tener ambas métricas.

La **distancia euclídea** es ampliamente utilizada en diversos ámbitos. En nuestro caso, se usa para averiguar la diferencia entre las diversas señales (procesadas) teniendo en cuenta las múltiples dimensiones que éstas pueden tener.



(a) Boxplot



(b) Stem

FIGURA 3.5: Distancias euclídeas respecto a la señal 1

En la figura 3.5 podemos observar las distancias euclídeas respecto a la señal 1 dibujadas en forma de caja y de puntos graficados. El valor mínimo (0) corresponde con la distancia respecto a sí misma, incluida debido a la forma matricial de los cálculos. Podemos observar en el resto de distancias diversos valores, a partir de los que dilucidar si la muestra pertenece o no al mismo sujeto de estudio.

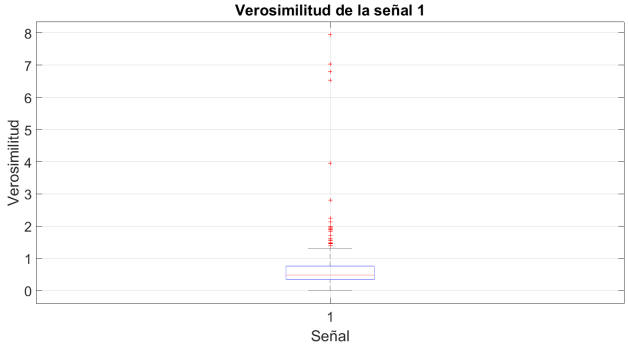
Para calcular la **verosimilitud gaussiana** tenemos que hallar, en primer lugar, la covarianza de la base de datos para posteriormente invertirla e incluirla en la función correspondiente. Una vez realizado este proceso tenemos una matriz cuadrada simétrica en la que se recoge la verosimilitud de cada señal con respecto al resto.

Calculamos la media y la desviación estándar, tanto con las muestras de un mismo sujeto como con un sujeto distinto, para obtener una descripción estadística de la coincidencia y diferencia de las muestras con un mismo sujeto o con diferente.

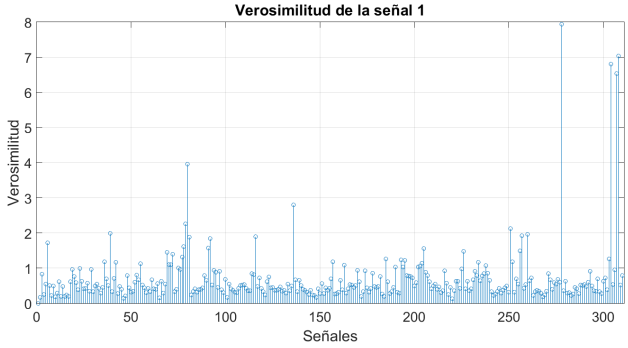
Para desestimar los falsos positivos (FP) y falsos negativos (FN), primero hay que hallar el punto t de intersección de las distribuciones gaussianas correspondientes a un mismo sujeto y a diferente sujeto (2.1.2.3). Esto se calcula tanto para la distancia euclídea como para la verosimilitud gaussiana y se procede a la clasificación.

3.1.3. Evaluación de la clasificación

Se calculan los resultados usando la DCT de cada sujeto comparado con la base de datos de todos los demás sujetos y se determina la mejor coincidencia. Esto se realiza



(a) Boxplot



(b) Stem

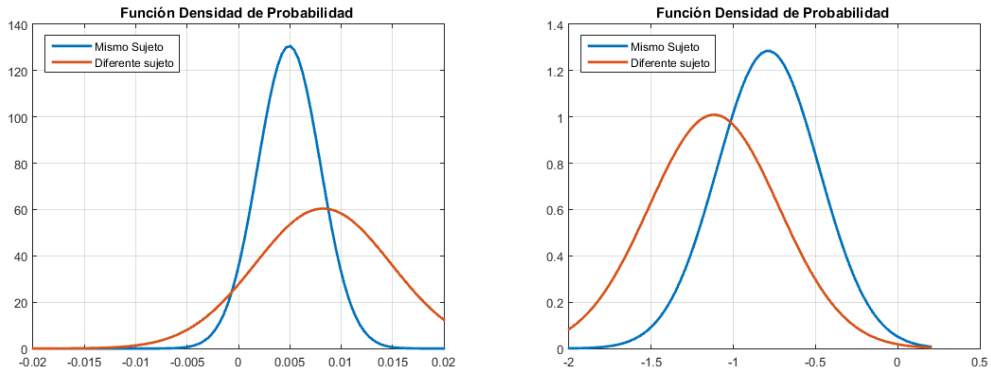
FIGURA 3.6: Verosimilitud respecto a la señal 1

tanto para la distancia euclídea como para la verosimilitud gaussiana, con lo que se pueden comparar los datos obtenidos entre ambos.

Para realizar la comparativa se tienen en cuenta diversos valores de C y M (coeficientes de la autocorrelación y de DCT).

M	***C***	***FN***	***FP***	***Tasa de Reconocimiento de Sujeto***
200	20	0.0770	0.0543	0.9559
200	50	0.0666	0.0426	0.9678
400	20	0.0777	0.0541	0.9562
400	50	0.0531	0.0460	0.9645

TABLA 3.1: Valores de clasificación. Distancia euclídea normalizada.



(a) Euclídea (b) Gaussiana

FIGURA 3.7: Funciones de densidad de probabilidad

M	*C*	*FN*	*FP*	*Subject Recognition Rate*
200	20	0.1840	0.0835	0.9255
200	50	0.1403	0.0736	0.9359
400	20	0.1802	0.1099	0.8992
400	50	0.1276	0.0992	0.9104

TABLA 3.2: Valores de clasificación. Verosimilitud gaussiana.

Comparando estos valores con los del trabajo original, podemos observar una alta correlación entre ambos con pequeñas diferencias, probablemente debidas al mayor número de datos usados en esta recreación y a la no reproducción exacta de los métodos, tanto por falta de explicación concisa, como por posibles errores cometidos durante la recreación. A pesar de estos escollos, el método puede considerarse reconstruido aceptablemente y verificado desde el punto de vista de los resultados.

3.2. Implementación del trabajo 2: Frecuencia

3.2.1. Introducción

De nuevo en este trabajo debemos tener en cuenta la diferencia de la base de datos ya que existen diferencia tanto a la hora de tomar los datos como a las muestras por segundo y al número de señales. Una vez aclarado esto, pasamos a ver el esquema seguido en el trabajo de la *frecuencia*, el cual es un poco más denso que el del anterior trabajo.

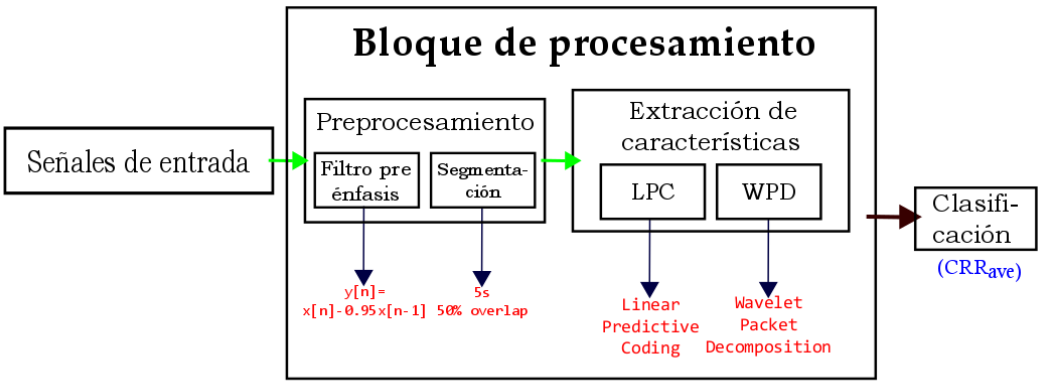


FIGURA 3.8: Diagrama del trabajo de Frecuencia

En lo referente a la base de datos, al preprocesado que contienen, al tratamiento de las señales de forma vectorial y matricial y al programa utilizado, tendremos en cuenta las mismas consideraciones que en el trabajo anterior 3.1.1.

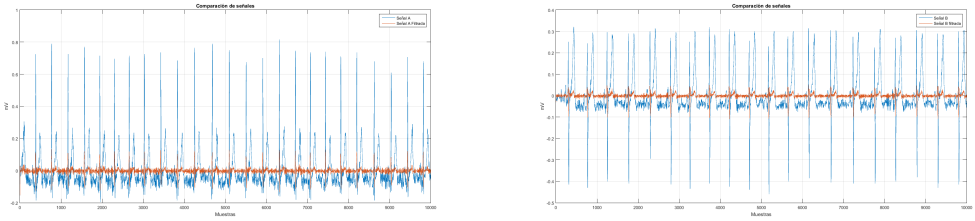
3.2.2. Realización

3.2.2.1. Preprocesamiento

En primer lugar, las señales de ECG pasan a través de un filtro pre énfasis cuya ecuación es 2.6:

$$y[n] = x[n] - 0{,}95x[n-1] \tag{3.2}$$

Como vimos esto es usado para realzar la zona de alta frecuencia y aplanar el espectro. Podemos ver un ejemplo de aplicación de este filtro en la siguiente figura:



(a) Señal A (b) Señal B

FIGURA 3.9: Comparación de señales tras el filtrado

Una vez realizado este paso, en el trabajo de referencia, se realiza una segmentación cuyo principal objetivo es aumentar el número de muestras de entrenamiento. En el caso que nos ocupa, no se llevará a cabo dicha segmentación por disponer de numerosas muestras, consideradas suficientes, en la base de datos utilizada. Además, esta segmentación acarrea una pérdida de precisión sobre las señales completas, lo que apoya de nuevo la opción elegida.

3.2.2.2. Extracción de características

Como ya vimos en 2.2.3 se usan dos métodos para la extracción de características. En primer lugar, los primeros 40 coeficientes del espectro LPC del ECG se usan como característica. En segundo lugar, el método WPD extrae las características usando la 'wavelet' 'db2' en un paquete de descomposición 'wavelet' de 5 niveles.

El LPC se usa para predecir valores futuros de la señal. El mencionado valor futuro responde a la ecuación 2.7. Podemos observar la recreación de una señal mediante los coeficientes obtenidos por el LPC.

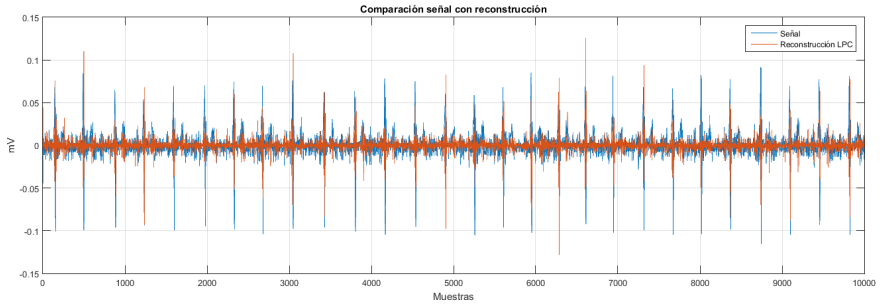


FIGURA 3.10: Comparación de una señal y su reconstrucción LPC mediante la función *levinson*

Para averiguar los coeficientes LPC de las señales se utiliza la recursión de Levinson-Durbin. El proceso en MATLAB es fácil dado que incorpora la función *levinson* que implementa el algoritmo necesario para realizar esta tarea. También permite obtener el error correspondiente a la aproximación, lo cual es útil para saber la precisión que se tiene en la misma. Podemos observar en la imagen que la reconstrucción resulta un

tanto imprecisa.

Sin embargo, para realizar el LPC correctamente y minimizar el error, MATLAB ofrece la función *lpc* que realiza esta tarea de forma directa. Tras este paso, los primeros 40 coeficientes del LPC se recogen para ser usados como característica de la señal de la que se obtienen.

El método WPD se usa para extraer otras características de las señales a través de la descomposición en niveles (5 en nuestro caso) según un patrón, que en nuestro caso es la familia de *wavelet* ortogonales de Debauchie. Para llevar a cabo este proceso, en MATLAB, se utiliza la función *wpdec* especificando que es de nivel 5 y de la familia *'db2'*. Con esto obtenemos una serie de parámetros de los coeficientes de cada nodo. Estos parámetros estadísticos son, por ejemplo, máximo, mínimo, desviación estándar, media y entropía.

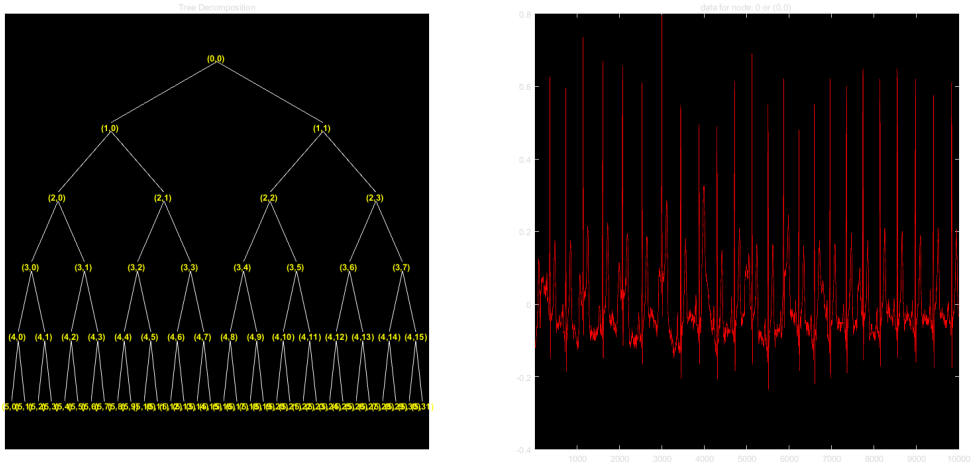


FIGURA 3.11: Información de los nodos tras pasar por la descomposición *wavelet*. Nodo 1

3.2.2.3. Clasificación

Para la clasificación debemos organizar un sistema de red neural tal como se explica en 2.2.3, con dos capas ocultas, función de entrenamiento de gradiente escalado conjugado, y dejando un 70 % de las muestras para pruebas y el 30 % restante para entrenamiento.

En MATLAB, para desarrollar una red neural, disponemos de una interfaz de ayuda para efectuar los ajustes necesarios en la configuración de la misma. El comando para comenzar con esta tarea es *nnstart*, en la cual seleccionamos la opción *'Pattern Recognition app'*. A continuación pasamos a la configuración concreta de la red, en la cual se piden una serie de parámetros.

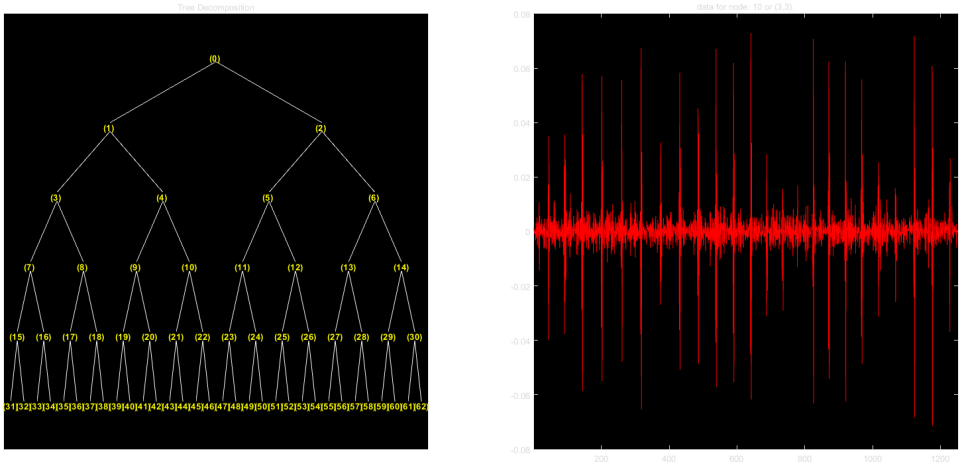
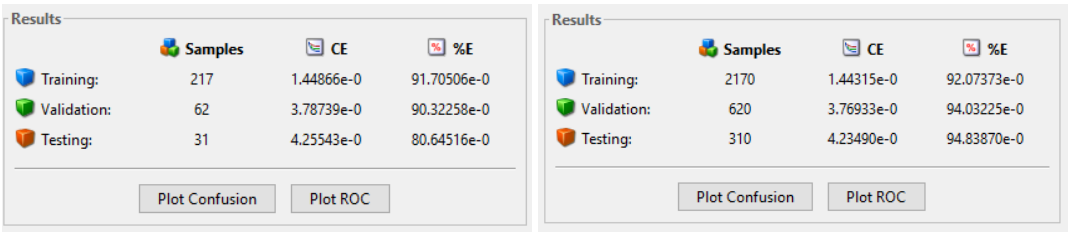


FIGURA 3.12: Información de los nodos tras pasar por la descomposición *wavelet*. Nodo 10

Respecto a los porcentajes a introducir, MATLAB no permite la creación de la red con los porcentajes anteriormente especificados (70 % - 30 %), debido a que la no introducción de un porcentaje de validación hacen que la red no pueda converger, por lo que no encontraría coincidencias de identificación. En tal caso, tenemos la opción de escribir un *script* creando la red neural deseada en la que los valores sean correctos, y modificando algunos parámetros como el método de error cuadrático medio (*mse*).

Para la introducción de las entradas escogemos los coeficientes anteriormente calculados de LPC y WPD (respectivamente para dos ejecuciones de la red). Para la salida se configura una matriz de 1 y 0, siendo uno la correspondiente salida a la que debe pertenecer cada una de las entradas cuando estas sean acertadas, y cero para el resto. En total hay 90 sujetos por lo que habrá que configurar una matriz que asigne cada entrada a cada sujeto al que pertenecen. Tras este paso, se entrena la red y se observan los resultados.



(a) LPC (b) WPD

FIGURA 3.15: Resultados inválidos de la red neural

Como vemos, los resultados obtenidos directamente mediante la ayuda de MATLAB son erróneos, por lo que elegiremos la opción de exportar esta red a un *script* para poder ajustar algunos parámetros. En primer lugar, el número de capas ocultas no otorga precisión para utilizar este método en MATLAB, por lo que se cambia el número de

capas ocultas a 200. Dentro de este programa sí se permite la anulación del número de muestras de validación por lo que se deja a 0. Además, permite ajustar el método a error cuadrático medio, mientras que en la herramienta gráfica por defecto selecciona la entropía cruzada. Con estos parámetros se obtiene una identificación de sujeto del 90 % para el LPC, un valor que se puede considerar válido teniendo en cuenta las salvedades de la base de datos y la dificultad de reproducción de la red. Sin embargo, para el método WPD tenemos una clasificación correcta máxima del 55 % ,con los mismos ajustes de la red neural. Esto indica que la red no está totalmente ajustada al trabajo que se intenta verificar por falta de información para completarla. Además se puede vislumbrar que el hecho de una base de datos más extensa y heterogénea hace que los valores de identificación correcta bajen con respecto a una base de datos entrenada y calibrada para tal efecto.

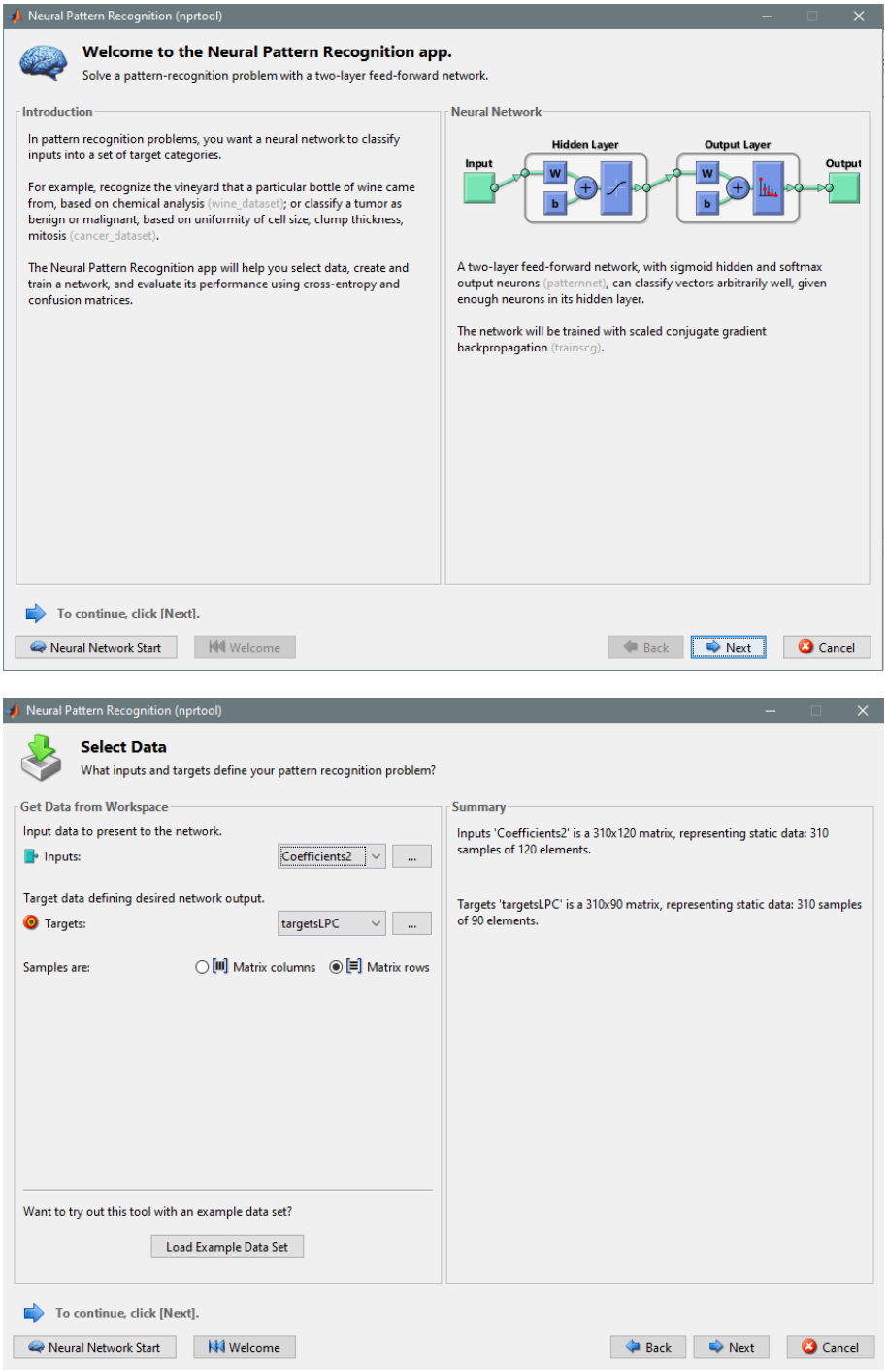


FIGURA 3.13: Pasos 1 y 2 para la configuración de la red neural en MATLAB

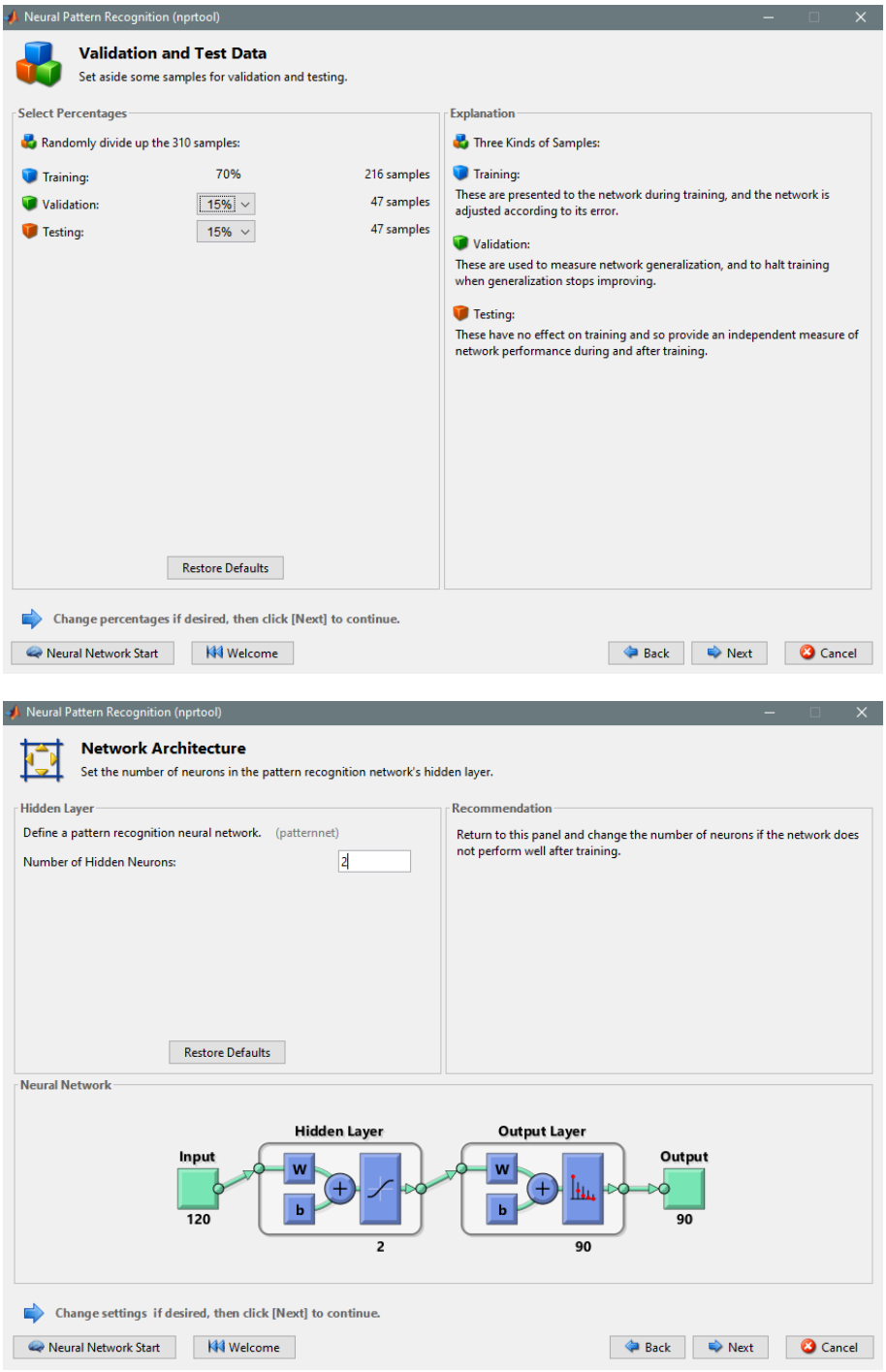


FIGURA 3.14: Pasos 3 y 4 para la configuración de la red neural en MATLAB

3.3. Implementación del trabajo 3: Fase

3.3.1. Introducción

Para la recreación del trabajo en el campo de la *fase* tendremos en cuenta el siguiente esquema de trabajo:

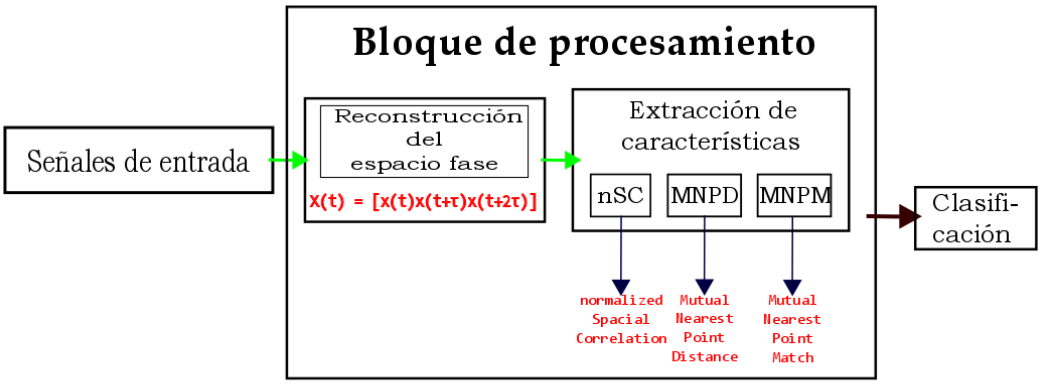


FIGURA 3.16: Diagrama del trabajo de Fase

En este esquema cabe añadir que la realización de los métodos de clasificación se realizará después de usar una técnica de granulado grueso del espacio en el que se representa la fase.

Las consideraciones tomadas respecto al uso de la base de datos serán las mismas que se tuvieron en cuenta en los anteriores casos.

3.3.2. Realización

3.3.2.1. Reconstrucción del espacio de la fase

Para la reconstrucción del espacio de la fase debemos crear un espacio tridimensional mediante la introducción de retardos en la señal original. Si esas tres señales las dibujamos juntas en un sistema de ejes cartesianos, la señal queda representada en el espacio de la fase a través de los retardos anteriormente mencionados. Para ello tenemos en cuenta la expresión:

$$\mathbf{X}(t) = [x(t)x(t+\tau)x(t+2\tau)] \tag{3.3}$$

Mediante este proceso llegamos a la reconstrucción mostrada en la siguiente figura.

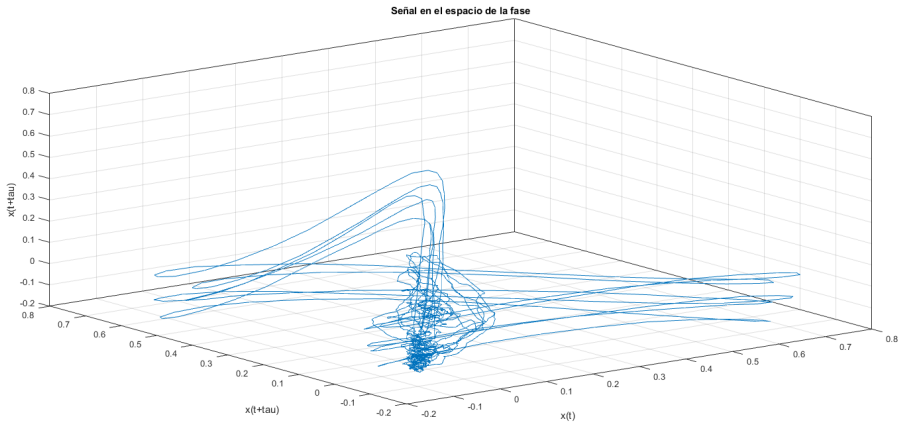


FIGURA 3.17: Representación de una señal en la reconstrucción de la fase

Una vez incluidos los retardos en cada uno de los ejes, se construye la serie normalizada $\mathbf{X}_n(t)$ a partir de $x(t)$:

$$\mathbf{X}_n(t) = \frac{\mathbf{X}(t) - x_{min}}{x_{max} - x_{min}} \tag{3.4}$$

Mediante esta normalización llegamos al mismo espacio, pero con los límites acotados entre 0 y 1 para todos los valores:

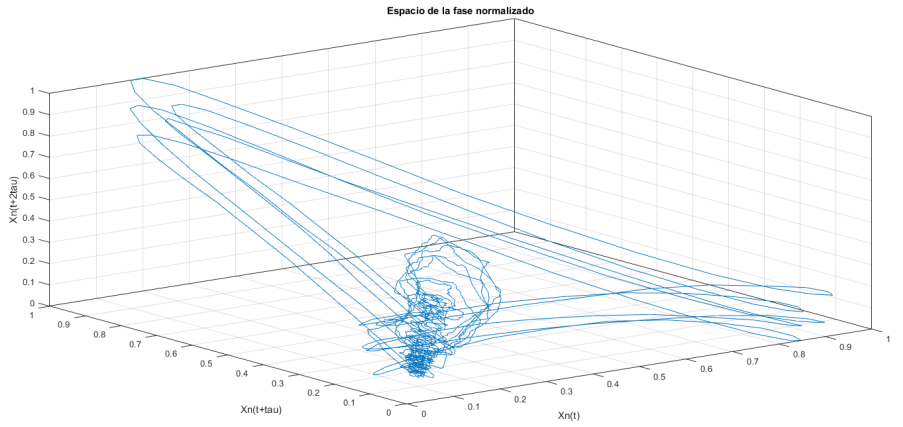
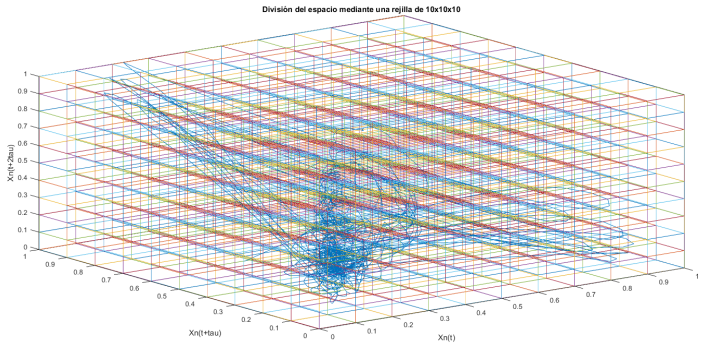


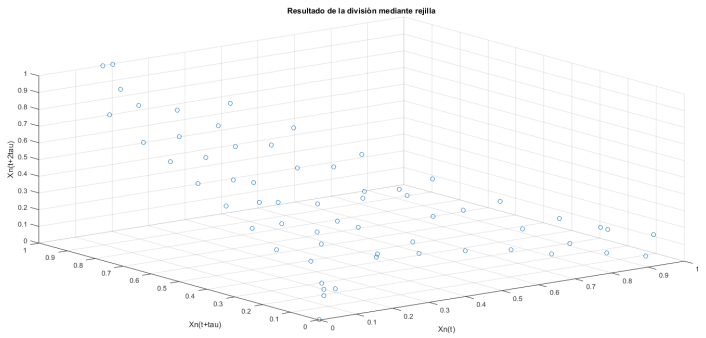
FIGURA 3.18: Representación de una señal en el espacio de la fase normalizado

3.3.2.2. Método de granulación gruesa

El objetivo de la granulación gruesa es la división del espacio de representación del espacio fase, en una rejilla cúbica de $M \times M \times M$ teniendo en cuenta las celdas atravesadas por la estructura anteriormente creada, para reducirla a otra estructura de baja resolución. Una muestra de la rejilla y el resultante de los puntos que atraviesan la misma, lo podemos observar en la siguiente figura:



(a) Señal dentro de la rejilla de división



(b) Resultado tras la división con rejilla

FIGURA 3.19: División de la señal mediante la rejilla

3.3.2.3. Métodos de comparación de estructura

Una vez obtenidas dos estructuras de granulación gruesa $\mathbf{X}_{cg}$ y $\mathbf{Y}_{cg}$ derivadas de dos señales de ECG, medimos la similitud entre las estructuras de dos maneras: su **correlación espacial normalizada** y el **punto de encuentro mutuo más cercano**. La disimilitud entre ambas se expresa por la **distancia del punto mutuo más cercano**.

I. Correlación espacial normalizada

Los elementos de $\mathbf{X}_{cg}$ y $\mathbf{Y}_{cg}$ son 1, si la trayectoria cruza la celda al menos una vez, o 0. La *correlación espacial normalizada* (**nSC**) entre $\mathbf{X}_{cg}$ y $\mathbf{Y}_{cg}$ viene expresada por la ecuación anteriormente expuesta 3.5 :

$$nsc(\mathbf{X}_{cg}, \mathbf{Y}_{cg}) = \frac{\sum_{1 \leq I,j,k \leq M} \mathbf{X}_{cg}(i,j,k) \times \mathbf{Y}_{cg}(i,j,k)}{\sqrt{N_X \times N_Y}} \tag{3.5}$$

Dependiendo del número de celdas usado en la división se obtienen estructuras más o menos esparcidas y de resolución variable que darán lugar a una cierta cantidad estadística de información y a una dificultad mayor o menor de hallar los puntos de

encuentro. En esta imagen nos podemos hacer una idea de como se reparte el **nSC** para una división de $10 \times 10 \times 10$ celdas del espacio de la fase:

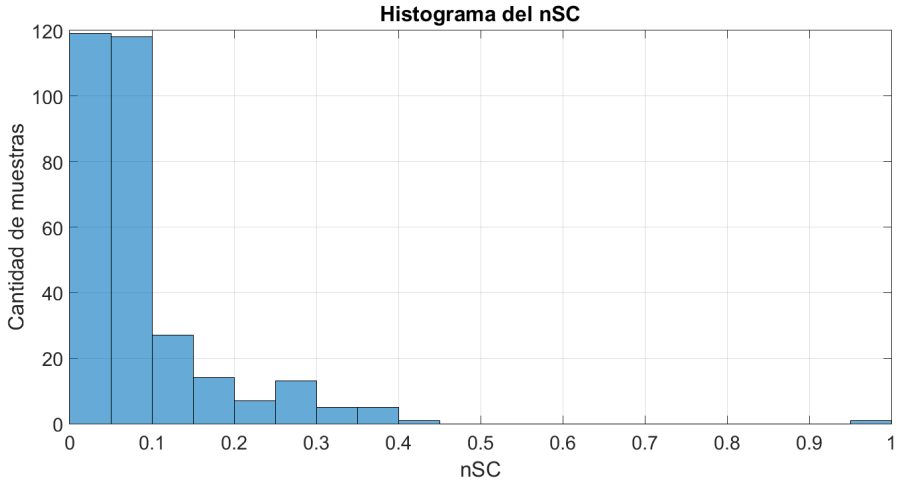


FIGURA 3.20: Histograma del nSC

II. Distancia del punto mutuo más cercano

El cálculo del MNPD se realiza calculando la distancia de cada punto ($\mathbf{x}_p$) de una estructura ($\mathbf{X}_{cg}$) con cada punto($\mathbf{y}_p$) de otra estructura ($\mathbf{Y}_{cg}$) (y viceversa). A continuación se eligen las distancias menores para cada punto y se promedian. La distancia del punto mutuo más cercano (MNPD) se calcula con la ecuación vista anteriormente 2.16 :

$$MNPD(\mathbf{X}_{cg}, \mathbf{Y}_{cg}) = \frac{\sum_{p=1}^{N_X} d_{x_p}^{y_{N_p}}}{N_X} + \frac{\sum_{p=1}^{N_Y} d_{y_p}^{x_{N_p}}}{N_X} \tag{3.6}$$

Cuanto menor sea el valor del MNPD, mayor es la similitud entre las estructuras correspondientes. Podemos observar la distribución del MNPD de una estructura con respecto al resto de ellas en la siguiente figura:

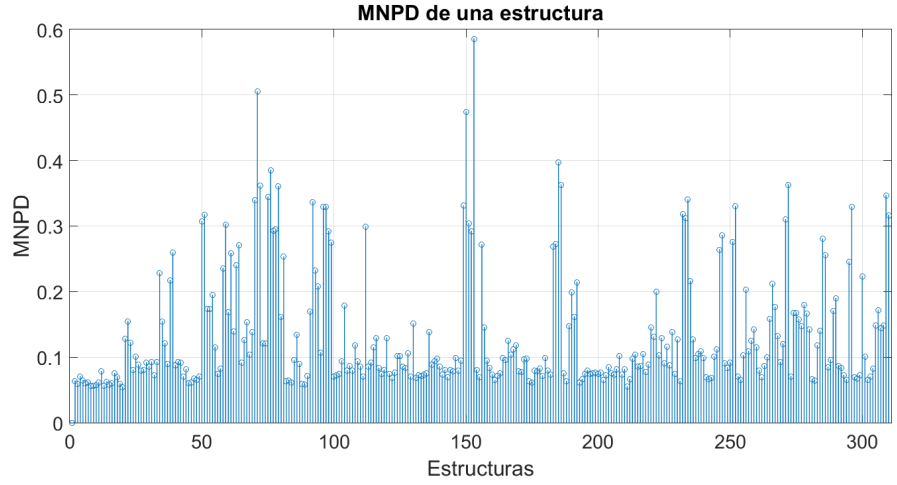


FIGURA 3.21: Representación del MNPD de una estructura

III. Punto de encuentro mutuo más cercano

Para calcular el punto de encuentro más cercano, primero se debe efectuar un desplazamiento de la estructura con respecto a su centroide. A continuación se calcula el producto de los vectores de posición correspondiente a los vectores de posición de un punto de referencia y su punto más cercano. Se suman los productos de todos los pares de puntos y se dividen por la raíz de las normas de los vectores de referencia. La ecuación que explica el cálculo viene indicada en 2.17

Este apartado será obviado, principalmente debido a que el uso de memoria que conlleva programar y ejecutar el código pertinente, bloquea directamente el ordenador.

3.3.3. Resultados

Los retardos en el tiempo se usan para expandir una señal de ECG a un espacio tridimensional de la fase. Para comprobar el efecto de la exactitud de la identificación respecto a los retardos, en el trabajo original se usaron nueve valores de τ = 4,...,36 ms con las particiones de rejilla de $M \times M \times M$ con M =10 para **nSC** y M =30 para los **MNPD** y **MNPM**.

En el trabajo original se diferencian los valores de τ usados para los distintos métodos calculados, y las partición de la rejilla $M \times M \times M$ usada. Los valores escogidos se fundamentan en el área bajo la curva (AUC) de característica de comportamiento del receptor (ROC) Así, se llega a la conclusión de que para el **nSC** los valores óptimos son τ = 16 y M =10, para el **MNPD** los valores son τ = 24 y M =30, y para **nSC** son τ = 32 y M =30.

Debido a limitaciones técnicas de la computadora usada, que hace que los programas en ejecución puedan llegar a llenar la memoria RAM del sistema con la consiguiente parada del sistema, en la recreación se usará un único τ = 24 aunque sí se respetarán los M =10 y 30 para **nSC** y **MNPD**. Con estas consideraciones llegamos a los siguientes valores de clasificación:

Método	**tau**	**M**	**% Clasificación**
nSC	24	10	95 %
MNPD	24	30	93.48 %

TABLA 3.3: Resultados de clasificación

Los resultados obtenidos son muy buenos y se acercan a los obtenidos en el trabajo original. Sería más completo compararlo con diversos valores de τ y rejillas $M \times M \times M$ para ver cómo varían los resultados y ser más preciso en la elaboración. Con eso y con todo, se puede decir que la verificación del método es satisfactoria dentro de los límites impuestos.

Capítulo 4

Conclusión

Para comenzar, la mayoría de resultados resultan satisfactorios, excepto tal vez los referidos a la red neural debido a la complejidad de uso y de comprensión del tratamiento de las señales durante su procesamiento. En este ámbito se han cumplido casi totalmente las expectaivas previas al desarrollo del trabajo.

En otro orden de cosas, el trabajo resulta laborioso y complejo de principio a fin. El simple hecho de descargar la base de datos y transformarla para ser usada adecuadamente en MATLAB se tradujo en varias horas de trabajo y múltiples líneas de código. La comprensión de las funciones incluidas en la *WFDB Toolbox* también ocupó una buena parte del tiempo en lo que se refiere a esta tarea inicial.

La recreación del método AC/DCT fue relativamente sencilla, residiendo su dificultad principal en el tratamiento de las señales de forma matricial y acorde a los índices de las mismas. Por el contrario, el método de clasificación presenta complejidad y dedicación para su consecución. De forma general, este método resulta el más intuitivo de los tres referido a la concepción del esquema de trabajo y sus elementos integrantes.

El método LPC/WPD de la frecuencia es, al contrario que el anterior, difícil de comprender y poco intuitivo, principalmente en el uso de los coeficientes 'wavelet' y la red neural. El hecho de clasificar los datos a través de una red neural añade complejidad al procedimiento, debido a la falta de conocimiento previa de estos métodos y a la dificultad de una correcta implementación. Se puede decir que, entre los tres métodos, este es el más complicado de asimilar y recrear.

La reconstrucción del espacio de la fase, en el tercero de los trabajos, a través de la adición de retardos a la señal principal y a su posterior representación gráfica mediante un sistema de ejes cartesianos en los que se usan estas señales retardadas como base, resulta elegante y de fácil comprensión. En general, el método resulta conceptualmente asequible, lo que hace que sea llamativo. Sin embargo, el procesamiento simultáneo de tres señales cargan el trabajo de una alta complejidad a la hora de afrontarlo a través de algoritmos y, principalmente, resultan costosos en cuanto a tiempo de ejecución y carga del sistema.

Este trabajo puede ser ampliado en un futuro con la descripción y verificación de un mayor número de procedimientos, pertenecientes a los grandes grupos tratados, con la

base de datos utilizada durante este trabajo para comprobar la validez de los mismos. Además, tanto a estos otros trabajos como a los ya descritos, cabe la posibilidad de ampliar la validez recurriendo a otras bases de datos.

El siguiente paso tras esto sería la introducción de un nuevo método eficiente y de bajo coste, que pueda ser implementado en sistemas de tiempo real para su utilización práctica en aplicaciones que requieran la identificación biométrica basada en electrocardiograma. El estudio de un amplio número de técnicas y algoritmos sería el comienzo para lograr este objetivo.

Bibliografía

[1] Mohammed Abo-Zahhad, Sabah M Ahmed y Sherif N Abbas. «Biometric authentication based on PCG and ECG signals: present status and future directions». En: *Signal, Image and Video Processing* 8.4 (2014), págs. 739-751.

[2] Rute Almeida y col. «Multilead ECG delineation using spatially projected leads from wavelet transform loops». En: *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 56.8 (2009), págs. 1996-2005.

[3] Lucas Ballard, Daniel Lopresti y Fabian Monrose. «Forgery quality and its implications for behavioral biometric security». En: *Systems, Man, and Cybernetics, Part B: Cybernetics, IEEE Transactions on* 37.5 (2007), págs. 1107-1118.

[4] L. Biel y col. «ECG analysis: a new approach in human identification». En: 50.3 (2001), págs. 808-812. DOI: 10.1109/19.930458. URL: http://ieeexplore.ieee.org/stamp/stamp.jsp?arnumber=930458.

[5] B. Biggio y col. «Security evaluation of biometric authentication systems under real spoofing attacks». En: *IET Biometrics* 1.1 (2012), págs. 11-24. DOI: 10.1049/iet-bmt.2011.0012. URL: http://ieeexplore.ieee.org/stamp/stamp.jsp?arnumber=6180284.

[6] Marcin D Bugdol y Andrzej W Mitas. «Multimodal biometric system combining ECG and sound signals». En: *Pattern Recognition Letters* 38 (2014), págs. 107-112.

[7] Carlos Carreiras y col. «ECG signals for biometric applications-are we there yet?» En: *Informatics in Control, Automation and Robotics (ICINCO), 2014 11th International Conference on*. Vol. 2. IEEE. 2014, págs. 765-772.

[8] Adrian DC Chan y col. «Wavelet distance measure for person identification using electrocardiograms». En: *IEEE transactions on instrumentation and measurement* 57.2 (2008), págs. 248-253.

[9] Ching-Kun Chen, Chun-Liang Lin y Yen-Ming Chiu. «Individual identification based on chaotic electrocardiogram signals». En: *Industrial Electronics and Applications (ICIEA), 2011 6th IEEE Conference on*. IEEE. 2011, págs. 1771-1776.

[10] Ching-Kun Chen y col. «A Chaotic Theoretical Approach to ECG-Based Identity Recognition [Application Notes]». En: 9.1 (2014), págs. 53-63. DOI: 10.1109/MCI.2013.2291691. URL: http://ieeexplore.ieee.org/stamp/stamp.jsp?arnumber=6710250.

[11] Chuang-Chien Chiu, Chou-Min Chuang y Chih-Yu Hsu. «A novel personal identity verification approach using a discrete wavelet transform of the ECG signal». En: *Multimedia and Ubiquitous Engineering, 2008. MUE 2008. International Conference on*. IEEE. 2008, págs. 201-206.

[12] David Pereira Coutinho, Ana LN Fred y Mario AT Figueiredo. «One-lead ECG-based personal identification using Ziv-Merhav cross parsing». En: *Pattern Recognition (ICPR), 2010 20th International Conference on*. IEEE. 2010, págs. 3858-3861.

[13] Semih Ergin y col. «ECG based biometric authentication using ensemble of features». En: *2014 9th Iberian Conference on Information Systems and Technologies (CISTI)*. IEEE. 2014, págs. 1-6.

[14] Shih-Chin Fang y Hsiao-Lung Chan. «Human identification by quantifying similarity and dissimilarity in electrocardiogram phase space». En: *Pattern Recognition* 42.9 (2009), págs. 1824-1831.

[15] Shih-Chin Fang y Hsiao-Lung Chan. «QRS detection-free electrocardiogram biometrics in the reconstructed phase space». En: *Pattern Recognition Letters* 34.5 (2013), págs. 595-602.

[16] S Zahra Fatemian y Dimitrios Hatzinakos. «A new ECG feature extractor for biometric recognition». En: *2009 16th International Conference on Digital Signal Processing*. IEEE. 2009, págs. 1-6.

[17] Shaikh Anowarul Fattah y col. «An approach for human identification based on time and frequency domain features extracted from ECG signals». En: *TENCON 2011-2011 IEEE Region 10 Conference*. IEEE. 2011, págs. 259-263.

[18] George E Forsen, Mark R Nelson y Raymond J Staron Jr. *Personal Attributes Authentication Techniques.* Inf. téc. DTIC Document, 1977.

[19] Gaetano D Gargiulo y col. «Towards true unipolar bio-potential recording: a preliminary result for ECG». En: *Physiological measurement* 34.1 (2012), N1.

[20] GD Gargiulo y col. «Towards true unipolar ECG recording without the Wilson central terminal (preliminary results)». En: *Physiological measurement* 34.9 (2013), pág. 991.

[21] R Hoekema, GJH Uijen y A van Oosterom. «Geometrical aspects of the interindividual variability of multilead ECG recordings». En: *Computers in Cardiology, 1999*. IEEE. 1999, págs. 499-502.

[22] Rudi Hoekema, Gérard JH Uijen y Adriaan Van Oosterom. «Geometrical aspects of the interindividual variability of multilead ECG recordings». En: *IEEE Transactions on Biomedical Engineering* 48.5 (2001), págs. 551-559.

[23] Loh Sik Hou, Khazaimatol S Subari y Syed Syahril. «QRS-complex of ECG-based biometrics in a two-level classifier». En: *TENCON 2011-2011 IEEE Region 10 Conference*. IEEE. 2011, págs. 1159-1163.

[24] J Willis Hurst. «Naming of the waves in the ECG, with a brief account of their genesis». En: *Circulation* 98.18 (1998), págs. 1937-1942.

[25] S.A. Israel y col. «Fusing face and ECG for personal identification». En: *Applied Imagery Pattern Recognition Workshop, 2003. Proceedings. 32nd*. 2003, págs. 226-231. DOI: 10.1109/AIPR.2003.1284276. URL: http://ieeexplore.ieee.org/stamp/stamp.jsp?arnumber=1284276.

[26] Steven A Israel y John M Irvine. «Heartbeat biometrics: a sensing system perspective». En: *International Journal of Cognitive Biometrics* 1.1 (2012), págs. 39-65.

[27] Steven A Israel y col. «ECG to identify individuals». En: *Pattern recognition* 38.1 (2005), págs. 133-142.

[28] Ibrahim Khalil y Fahim Sufi. «Legendre polynomials based biometric authentication using QRS complex of ECG». En: *Intelligent Sensors, Sensor Networks and Information Processing, 2008. ISSNIP 2008. International Conference on*. IEEE. 2008, págs. 297-302.

[29] K. H. Kim, S. W. Bang y S. R. Kim. «Emotion recognition system using short-term monitoring of physiological signals.» eng. En: *Med Biol Eng Comput* 42.3 (2004), págs. 419-427.

[30] Kyeong-Seop Kim y col. «A robust human identification by normalized time-domain features of electrocardiogram». En: *2005 IEEE Engineering in Medicine and Biology 27th Annual Conference*. IEEE. 2006, págs. 1114-1117.

[31] S. Kouchaki y col. «ECG-based personal identification using empirical mode decomposition and Hilbert transform». En: *Artificial Intelligence and Signal Processing (AISP), 2012 16th CSI International Symposium on*. 2012, págs. 569-573. DOI: 10.1109/AISP.2012.6313811. URL: http://ieeexplore.ieee.org/stamp/stamp.jsp?arnumber=6313811.

[32] M. Kyoso y A. Uchiyama. «Development of an ECG identification system». En: *Engineering in Medicine and Biology Society, 2001. Proceedings of the 23rd Annual International Conference of the IEEE*. Vol. 4. 2001, págs. 3721-3723. DOI: 10.1109/IEMBS.2001.1019645. URL: http://ieeexplore.ieee.org/stamp/stamp.jsp?arnumber=1019645.

[33] Masaki Kyoso. «A technique for avoiding false acceptance in ECG identification». En: *Biomedical Engineering, 2003. IEEE EMBS Asian-Pacific Conference on*. IEEE. 2003, págs. 190-191.

[34] Ming Li y col. «Multimodal physical activity recognition by fusing temporal and cepstral information». En: *IEEE Transactions on Neural Systems and Rehabilitation Engineering* 18.4 (2010), págs. 369-380.

[35] Justin Leo Cheang Loong y col. «A new approach to ECG biometric systems: a comparative study between LPC and WPD systems». En: *World Academy of Science, Engineering and Technology* 68 (2010), págs. 759-764.

[36] Tatiana S Lugovaya. *Biometric Human Identification Based On ECG*. 2005.

[37] J. Maatta, A. Hadid y M. Pietikainen. «Face spoofing detection from single images using texture and local shape analysis». En: *IET Biometrics* 1.1 (2012), págs. 3-10. DOI: 10.1049/iet-bmt.2011.0009. URL: http://ieeexplore.ieee.org/stamp/stamp.jsp?arnumber=6180283.

[38] Pedro A Morettin. «The Levinson algorithm and its applications in time series analysis». En: *International Statistical Review/Revue Internationale de Statistique* (1984), págs. 83-92.

[39] Babak Nasri, Mouhcine Guennoun y Khalil El-Khatib. «Using ECG as a measure in biometric identification systems». En: *Science and technology for humanity (TIC-STH), 2009 IEEE Toronto international conference*. IEEE. 2009, págs. 28-33.

[40] Ikenna Odinaka y col. «Cardiovascular biometrics: combining mechanical and electrical signals». En: *IEEE Transactions on Information Forensics and Security* 10.1 (2015), págs. 16-27.

[41] Ikenna Odinaka y col. «ECG biometric recognition: A comparative analysis». En: *IEEE Transactions on Information Forensics and Security* 7.6 (2012), págs. 1812-1824.

[42] Ikenna Odinaka y col. «ECG biometrics: A robust short-time frequency analysis». En: *2010 IEEE International Workshop on Information Forensics and Security*. IEEE. 2010, págs. 1-6.

[43] R. Palaniappan y S.M. Krishnan. «Identifying individuals using ECG beats». En: *Signal Processing and Communications, 2004. SPCOM '04. 2004 International Conference on*. 2004, págs. 569-572. DOI: 10.1109/SPCOM.2004.1458524. URL: http://ieeexplore.ieee.org/stamp/stamp.jsp?arnumber=1458524.

[44] Jiapu Pan y Willis J Tompkins. «A real-time QRS detection algorithm». En: *IEEE transactions on biomedical engineering* 3 (1985), págs. 230-236.

[45] K.N. Plataniotis, D. Hatzinakos y J.K.M. Lee. «ECG Biometric Recognition Without Fiducial Detection». En: *Biometric Consortium Conference, 2006 Biometrics Symposium: Special Session on Research at the*. 2006, págs. 1-6. DOI: 10.1109/BCC.2006.4341628. URL: http://ieeexplore.ieee.org/stamp/stamp.jsp?arnumber=4341628.

[46] Ton Van der Putte y Jeroen Keuning. «Biometrical fingerprint recognition: don't get your fingers burned». En: *Smart Card Research and Advanced Applications*. Springer, 2000, págs. 289-303.

[47] Peter Sam Raj y Dimitrios Hatzinakos. «Feasibility of single-arm single-lead ECG biometrics». En: *2014 22nd European Signal Processing Conference (EUSIPCO)*. IEEE. 2014, págs. 2525-2529.

[48] Sukkharak Saechia, Jeerasuda Koseeyaporn y Paramote Wardkein. «Human identification system based ECG signal». En: *TENCON 2005-2005 IEEE Region 10 Conference*. IEEE. 2005, págs. 1-4.

[49] Alex Sagie y col. «An improved method for adjusting the QT interval for heart rate (the Framingham Heart Study)». En: *The American journal of cardiology* 70.7 (1992), págs. 797-801.

[50] Mario Sansone y col. «Influence of QT correction on temporal and amplitude features for human identification via ECG». En: *Biometric Measurements and Systems for Security and Medical Applications (BIOMS), 2013 IEEE Workshop on*. IEEE. 2013, págs. 22-27.

[51] Jun Shen y col. «The PLR-DTW method for ECG based biometric identification». En: *2011 Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*. IEEE. 2011, págs. 5248-5251.

[52] Tsu-Wang Shen, Willis J Tompkins y Yu Hen Hu. «Implementation of a one-lead ECG human identification system on a normal population». En: *Journal of Engineering and Computer Innovations* 2.1 (2011), págs. 12-21.

[53] Y.N. Singh y S.K. Singh. «Vitality detection from biometrics: State-of-the-art». En: *Information and Communication Technologies (WICT), 2011 World Congress on*. 2011, págs. 106-111. DOI: 10.1109/WICT.2011.6141226. URL: http://ieeexplore.ieee.org/stamp/stamp.jsp?arnumber=6141226.

[54] Yogendra Narain Singh y Phalguni Gupta. «Biometrics method for human identification using electrocardiogram». En: *International Conference on Biometrics*. Springer. 2009, págs. 1270-1279.

[55] Fahim Sufi e Ibrahim Khalil. «An automated patient authentication system for remote telecardiology». En: *Intelligent Sensors, Sensor Networks and Information Processing, 2008. ISSNIP 2008. International Conference on*. IEEE. 2008, págs. 279-284.

[56] Futoshi Tashiro y col. «Individual identification with high frequency ECG: preprocessing and classification by neural network». En: *2011 Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*. IEEE. 2011, págs. 2749-2751.

[57] Mohamed M Tawfik y Hany Selim Tarek Kamal. «Human identification using QT signal and QRS complex of the ECG». En: *Online J Electron Electr Eng (OJEEE)* 3 (2011), págs. 1-5.

[58] A Van Oosterom, R Hoekema y GJH Uijen. «Geometrical factors affecting the interindividual variability of the ECG and the VCG». En: *Journal of electrocardiology* 33 (2000), págs. 219-227.

[59] Yongjin Wang y col. «Analysis of human electrocardiogram for biometric recognition». En: *EURASIP journal on Advances in Signal Processing* 2008 (2008), pág. 19.

[60] Gerd Wübbeler y col. «Verification of humans using the electrocardiogram». En: *Pattern Recognition Letters* 28.10 (2007), págs. 1172-1175.

[61] Jianchu Yao y Yongbo Wan. «A wavelet method for biometric identification using wearable ECG sensors». En: *Medical Devices and Biosensors, 2008. ISSS-MDBS 2008. 5th International Summer School and Symposium on*. IEEE. 2008, págs. 297-300.

[62] Can Ye, Miguel Tavares Coimbra y BVK Vijaya Kumar. «Investigation of human identification using two-lead electrocardiogram (ECG) signals». En: *Biometrics: Theory Applications and Systems (BTAS), 2010 Fourth IEEE International Conference on*. IEEE. 2010, págs. 1-8.

[63] Zhaomin Zhang y Daming Wei. «A New ECG Identification Method Using Bayes' Teorem». En: *TENCON 2006-2006 IEEE Region 10 Conference*. IEEE. 2006, págs. 1-4.

[64] Zhidong Zhao y col. «A human ECG identification system based on ensemble empirical mode decomposition». En: *Sensors* 13.5 (2013), págs. 6832-6864.

Parte II

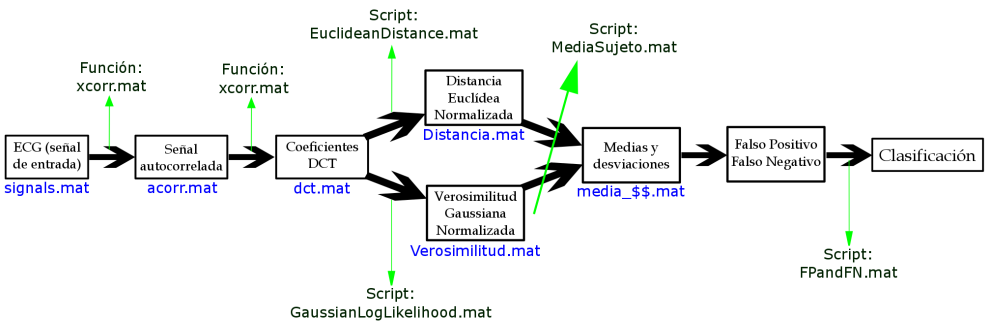
Planos

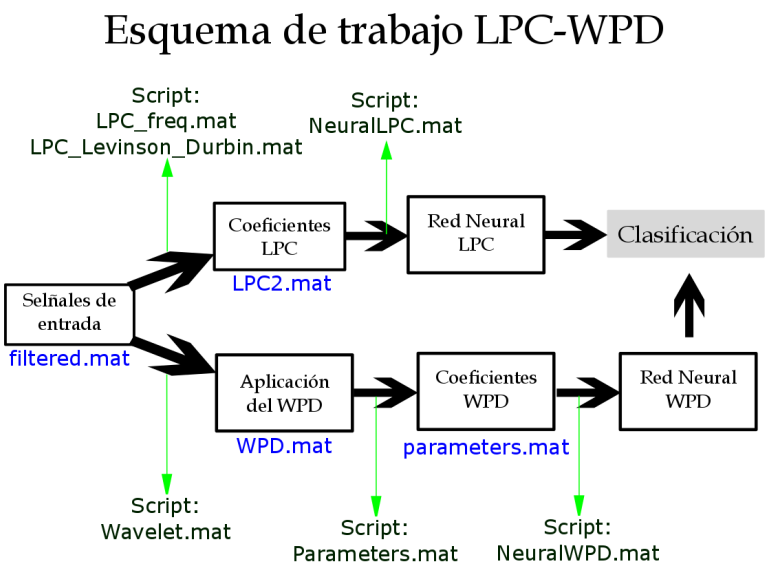
Capítulo 5

Planos

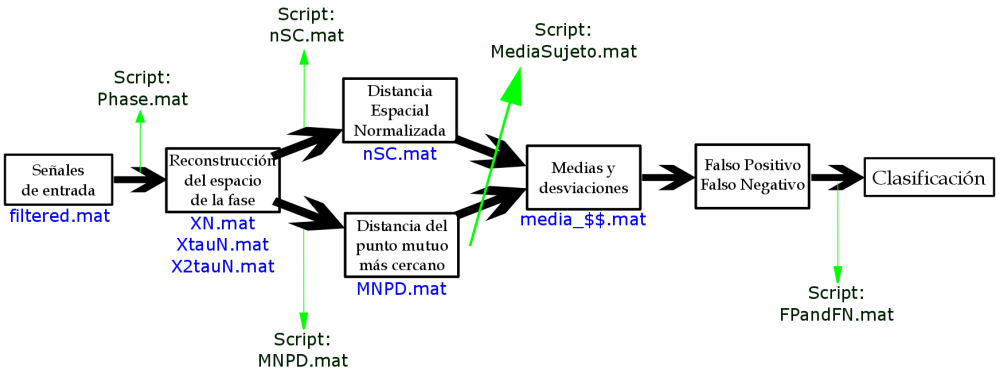
En esta sección se presentan los esquemas de cada una de las secciones aludiendo a las funciones en MATLAB. La cantidad de código implementado hace que no sea adecuado presentarlo completo en este documento.

Esquema de trabajo AC/DCT




Esquema de trabajo LPC-WPD
Script:
LPC_freq.mat
LPC_Levinson_Durbin.mat
Script:
NeuralLPC.mat
Coeficientes
LPC
LPC2.mat
Red Neural
LPC
Clasificación
Selñales de
entrada
filtered.mat
Aplicación
del WPD
WPD.mat
Coeficientes
WPD
parameters.mat
Red Neural
WPD
Script:
Wavelet.mat
Script:
Parameters.mat
Script:
NeuralWPD.mat

Esquema de trabajo nSC/MNPD



Parte III

Pliego de condiciones

Capítulo 6

Pliego de Condiciones

En esta sección se hace referencia a los requisitos mínimos, tanto de software como de hardware, para la correcta realización de los algoritmos que intentan verificar los trabajos previos.

6.1. Requisitos hardware

Para la implementación de los algoritmos, así como para su procesado, se necesita un ordenador personal. La velocidad del mismo es un parámetro fundamental a tener en cuenta y está acotada principalmente por dos factores: la velocidad del procesador y la memoria RAM. La memoria RAM es, probablemente, el factor más determinante de los dos, debido a la forma de trabajo matricial y a la ingente cantidad de datos que se manejan. Para un procesado correcto es necesario, como mínimo:

- Procesador Intel Core 2 Duo a 2.2 GHz.
- Memoria RAM de 4 GB (Mac OS X, Linux, Windows).
- Espacio en disco de 100 GB (con un mínimo de 2 GB para la base de datos).
- Conexión a Internet.

Estos requisitos no son excluyentes, teniendo más peso en el transcurso de la realización de este trabajo los determinados por el software.

6.2. Requisitos software

El software necesario para completar el trabajo, con los requisitos mínimos que conlleva, es el siguiente:

- $MATLAB^{TM}$
  - Versión R2010a o superior.
  - *Signal Processing Toolbox*
  - *Neural Network Toolbox*
  - *Wavelet Toolbox*
- TeXnicCenter (v. 2.02)
- JabRef (v. 2.10)
- Inkscape (v 0.91)

Parte IV

Presupuesto

Capítulo 7

Presupuesto

En esta sección se recoge el presupuesto incluyendo todos los costes hardware y software diferenciados.

Presupuesto Hardware

Artículo	**Unidades**	**PVP/Unidad**	**% utilizado**	**Total**
Ordenador Personal: - HP Pavilion dv7 -Intel Core 2 Duo @2.2 Ghz - Memoria RAM de 4 GB - Disco Duro de 500 GB	1	1.199,00 €	100 %	1.199,00 €
Subtotal(HW)				1.199,00 €

Presupuesto Software

Artículo	Unidades	PVP/Unidad	Total
Matlab 2105 (incluidas extensiones)	1	1.599,00 €	1.599,00 €
TeXnicCenter	1	0	0
JabRef	1	0	0
Inkscape	1	0	0
Subtotal (SW)			1.599,00 €

Otros Gastos

Concepto	PVP	Total
Copias del informe	146,00 €	146,00 €
Gasto de personal	40 €/hora (300 horas)	12.000,00 €
Subtotal (Otros Gastos)		12.146,00 €

Presupuesto Total

Concepto	PVP
Hardware	1.199,00 €
Software	1.599,00 €
Otros Gastos	12.146,00 €
TOTAL	**14.944,00 €**

Parte V

Apéndices

Apéndice A

Trabajo sobre la AC/DCT

ECG BIOMETRIC RECOGNITION WITHOUT FIDUCIAL DETECTION

Konstantinos N. Plataniotis, Dimitrios Hatzinakos, Jimmy K. M. Lee

Edward S. Rogers Sr. Department of Electrical And Computer Engineering
University Of Toronto

ABSTRACT

Security concerns increase as the technology for falsification advances. There are strong evidences that a difficult to falsify biometric, the human heartbeat, can be used for identity recognition. Existing approaches address the problem by using electrocardiogram (ECG) data and the fiducials of the different parts of the heartrate. However, the current fiducial detection tools are inadequate for this application since the boundaries of waveforms are difficult to detect, locate and define. In this paper, an ECG biometric recognition method that does not require any waveform detections is introduced based on classification of coefficients from the Discrete Cosine Transform (DCT) of the Autocorrelation (AC) sequence of ECG data segments. Low false negative rates, low false positive rates and a 100% subject recognition rate for healthy subjects can be achieved for parameters that are suitable for the database.

1. INTRODUCTION

Biometric recognition promises airtight security by identifying an individual with its innate human features. The human fingerprint, voice, face, and iris are just a few features that are being used currently in biometric recognition systems. However, these features are still falsifiable. Some examples of falsification are 3D fingerprint and face models, audio recorders for voice playback, and contact lenses with copied iris features printed on. Recently, a few proposals [1-4] suggested the possibility of a new type of biometric that can be used and cannot be copied easily: the human heartbeat. The feature vectors, which are measured from different parts of the ECG signal, used in previous methods are listed in Table 1.

The validity of using ECG as a biometric recognition scheme is supported by the fact that physiological and geometrical differences of the heart in different individuals display certain uniqueness in their ECG signals [5]. Also in another recent study by PTB [6], the permanence characteristic of ECG pulses of a person was studied by noting that similarities of healthy subjects' pulses of different time intervals, from 0 to 118 days, can be seen when they are plotted one on top of each other at. These promising results suggest distinctiveness and long-term stability of the ECG as a biometric.

Previously proposed ECG recognition techniques [1-4] rely heavily on one major step to extract feature vectors: use of a fiducial detector. A fiducial detector is an automatic machine that marks the different components of an ECG signal. The problem is that these machines are built solely for the medical field in which only the approximate locations of fiducials are required for diagnostic purposes. Even if these detectors are accurate in identifying exact fiducial locations validated by cardiologists, there is no universally acknowledged rule for defining exactly where the wave boundaries lie [7].

TABLE 1: FEATURES FROM FOUR PREVIOUS EXPERIMENTS

QRS onset	QS interval	R to T onset interval
P duration	QT interval	R to T offset interval
QRS peak to peak	RS amplitude	P wave pulse width
QRS duration	ST amplitude	T wave pulse width
R wave pulse width	QRS triangular area	ST interval
S wave pulse width	RQ interval	PQ interval
ST slope	RS interval	PT interval
T wave min to max amplitude	RP interval	P onset to Q interval
ST amplitude	R to P onset interval	S to T offset interval
RQ amplitude	R to P offset interval	
RS slope	RT interval	

An example is shown on Figure 1, where two pulses' P waves from the same person are plotted on top of each other with their P onset fiducial positions (provided by ECGPUWAVE [8,9]) marked. As seen, the two pulses' P onsets are marked very differently. Both the dashed pulse and the solid-lined pulse have two troughs at around 100ms to 125ms and 140ms to 160ms. It is not clear if these small local minimums before the P wave are caused by noise or if it is part of the P wave. There is no definite

1-4244-0487-8/06/$20.00 ©2006 IEEE

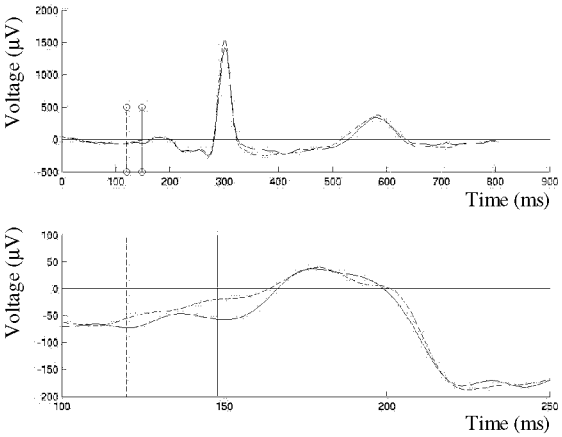


Figure 1: (Top) Two pulses from a subject of the PTB database [8] plotted on top of each other, aligning at the R peak, which happens to be also the P wave peak in this case due to the same heartrates. (Bottom) Zoomed in view at time 100ms to 250ms, showing the P wave onset markers from ECGPUWAVE [8,9]

answer which of the two areas should be marked as the onset of the P waves.

In contrast to most existing methods, the solution proposed in this paper does not require a fiducial detector. Rather, this method is dependent on estimating and comparing the significant coefficients of the Discrete Cosine Transform (DCT) of the windowed autocorrelations (AC) of heartbeat records. As such, it is insensitive to heart rate variations, simple and computationally efficient. It also does not require pulse synchronization. In addition, it exhibits better identification performance as demonstrated by computer simulations.

2. NEW APPROACH AND METHODOLOGY (AC/DCT)

Given two ECG records of arbitrary length N, each containing a multiple of heartbeat periods, the new approach proceeds as follows: 1) the ECG records are first conditioned by filtering, for DC and noise reduction, 2) the normalized autocorrelation function of each record is estimated over a window of M autocorrelation lags, 3) the DCT of the windowed autocorrelation is calculated and the first C number of significant coefficients are selected, and 4) the selected DCT coefficients of the two records are used for identification and classification. We refer to this method as the AC/DCT method. Data from different stages of this process are depicted in Figure 2.

2.1. ECG conditioning

As with the other methods [1-4], first the ECG traces are filtered to remove noise. Pass-band filtering (0.5 to 40 Hz) as in [3] is used to filter out unwanted noise and artifacts while preserving heartbeat fiducial features.

Following filtering, instead of extracting individual ECG pulses, the AC/DCT method considers a window of the ECG trace data of arbitrary length and origin. The only requirement imposed is that the data window of length N is longer than the underlying average heart beat rate so in normal situations it can contain multiple pulses. Also, it is not necessary for it to contain all complete heartbeat periods. Thus, contrary to most existing heartbeat biometric identification methods, this method introduces two main advantages: a) exact heart rate detection, which may vary between different records or even within the same record of data, is not required; and b) no synchronization of heartbeat pulses is necessary. These contribute to the appealing computational simplicity and robustness of the proposed approach.

Depending on the sampling rate, the length of the data window may vary. This offers a compromise between representing a multiple of unique and varying subject characteristics and computational complexity. As a rule of thumb, based on our experimentation, a data window of 10 seconds has been found to be a good choice for the AC/DCT method [10].

Let an ECG window of length N be $x[i]$. N would be the number of samples inside the window. For a database with a sampling rate of 1000Hz as in the PTB database [8,11] and using the typical window length value of 10 seconds, N would be equal to 10000 samples.

2.2. Autocorrelation (AC)

The autocorrelation is applied to accomplish the following objective: to blend in all samples in the ECG window to a sequence of sums of products so that the actual locations of the fiducials will not be required to be explicitly found. The estimated and normalized AC formula used for this approach is shown here:

$$\hat{R}_{xx}[m] = \frac{\sum_{i=0}^{N-|m|-1} x[i]x[i+m]}{\hat{R}_{xx}[0]} \qquad (1)$$

where $x[i]$ is the windowed ECG and $x[i+m]$ is the time-shifted version of the windowed ECG with a time lag of m = 0, 1, …, (M-1); $M << N$. M is a parameter that is to be chosen and this will be discussed later. The reader should note that it does not matter if the estimation is biased or unbiased because the division with the maximum value, $\hat{R}_{xx}[0]$, cancels out the biasing factor.

1-4244-0487-8/06/$20.00 ©2006 IEEE

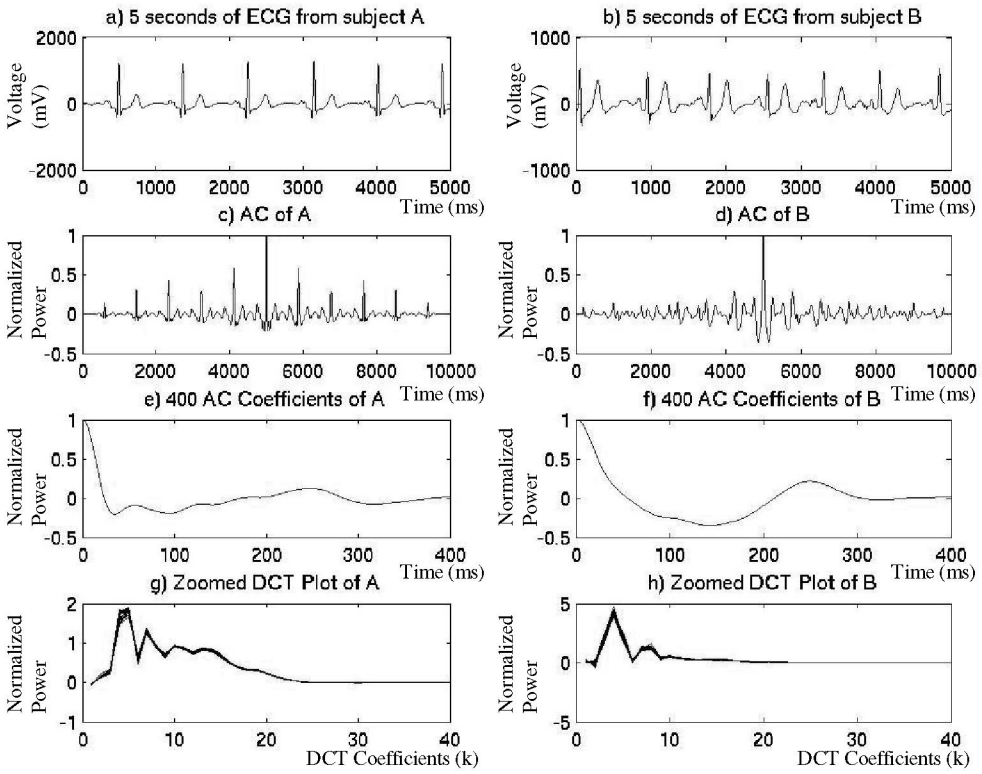


Figure 2: (a and b) 5 seconds window of ECG from two subjects of the PTB database, subject A and B. Notice that in subject B the window chops off part of a pulse. (c and d) The normalized autocorrelation sequence of A and B. (e and f) Zoomed in to 400 AC coefficients from the maximum. (g and h) DCT of the 400 AC coefficients from 10 ECG windows including the one on top. Notice that the same subject has similar shapes.

A typical ECG pulse consists of mainly three high amplitude waveforms: the P complex, the QRS complex, and the T complex. These complexes are the main contributors to this sum when the autocorrelation coefficients are calculated on a section of the ECG signal.

The utilization of a finite number of the autocorrelation lags of ECG data records for biometric identification has been motivated by the following observations:

a) ECG records have a repetitive structure but they are not periodic. Both pulse cycle lengths as well as relative distances between P, QRS and T complexes vary with respect to time of ECG acquisition, subject's physical state, mental state, and many other factors. The autocorrelation provides an automatic, shift invariant accumulation of similarity features over multiple signal cycles and therefore, we anticipate that it will be a better representative of the unique characteristics of a given ECG.

b) For a given subject, the QRS complex exhibits the least variability in time under different measurement conditions [3]. Therefore, the first M autocorrelation lags corresponding to a maximum lag of approximately equal to the length of a QRS complex. This should provide more robust representation of the subject's heartbeat characteristics.

Our expectations are confirmed by the results of Figure 3, which shows the $\hat{R}_{xx}[m]$ obtained from different ECG windows of the same subject from two different records in the PTB database [8,11] taken at a different time.

2.3. Discrete cosine transform (DCT)

The DCT is applied to the AC coefficients for dimensionality reduction. After DCT is performed, the number of important coefficients is reduced even more because a lot of the DCT coefficients will become near-zero values. This is a result of the energy compaction property of the DCT transform. Therefore, assuming we take an M-point DCT, only $C << M$ DCT coefficients will be significant as can be easily seen from Figure 2g and 2h. The C first coefficients of the DCT form the feature vector of the proposed AC/DCT biometric identification method.

1-4244-0487-8/06/$20.00 ©2006 IEEE

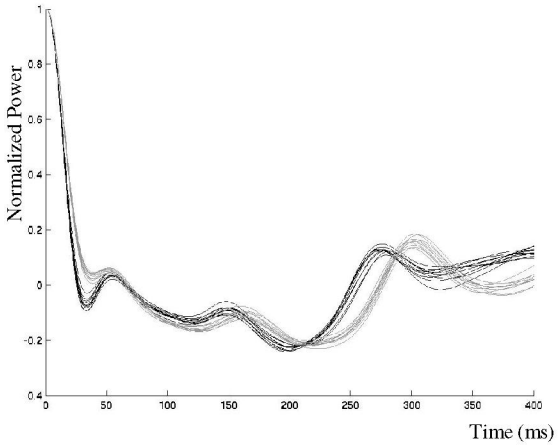


Figure 3: AC sequences of two different records taken at different times from the same subject of the PTB database [8,11]. The sequence with the same record is plotted with the same shade.

3. PERFORMANCE EVALUATION

To provide a comparative evaluation of the discriminating value of the proposed feature vector, we have carried out experiments that contain the two distance metrics described below. Furthermore, the false negative and false positive rates of these metrics will be evaluated as well.

3.1. Normalized Euclidean distance

The normalized Euclidean distance D between two feature vectors $\mathbf{x}_1$ and $\mathbf{x}_2$ is defined as

$$D(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2) = \frac{1}{C}\sqrt{(\mathbf{x}_1 - \mathbf{x}_2)^T(\mathbf{x}_1 - \mathbf{x}_2)} \qquad (2)$$

where C is the dimension of the feature vectors, which is the number of DCT coefficients in this experiment. This factor is there to make comparisons fair for different dimensions $\mathbf{x}$ might have.

3.2. Normalized Gaussian log likelihood

If a Gaussian distribution is assumed, the Gaussian log likelihood function can be used for a distance metric. Assuming that the prior probability for the occurrences of each subject is the same, and assuming that the variances for each subject are the same, the normalized Gaussian log likelihood function is defined in the following:

$$L_i(\mathbf{x}) = -\frac{1}{2C}(\mathbf{x} - \overline{\mathbf{x}}_i)^T S^{-1}(\mathbf{x} - \overline{\mathbf{x}}_i) \qquad (3)$$

where $\overline{\mathbf{x}}_i$ are the respective sample mean vectors for subject i, and S is the estimated overall covariance matrix for the whole database. The resultant L_i would indicate the score for $\mathbf{x}$ belonging to subject i. The higher the score, the higher the possibility of $\mathbf{x}$ to be a feature vector from subject i. The highest L_i value indicates that the particular $\mathbf{x}$ is most likely belonging to subject i. Since different feature vector dimensions will give different mean magnitudes, the factor C is there again to allow fair comparisons.

First, $\mathbf{x}_1$ and $\mathbf{x}_2$ were calculated from two different data records of the same subject taken at different times. Performing a large number of such trials the mean and standard deviation of the two metrics were calculated to provide a statistical description of matching same subject records. Then, $\mathbf{x}_1$ and $\mathbf{x}_2$ were calculated from two different data records from different subjects. The mean and standard deviation (SD) of the two metrics in this case provide a statistical description of discrimination between different subject records.

Figures 4 and 5 show plots of mean and SD for the proposed AC/DCT method compared with the

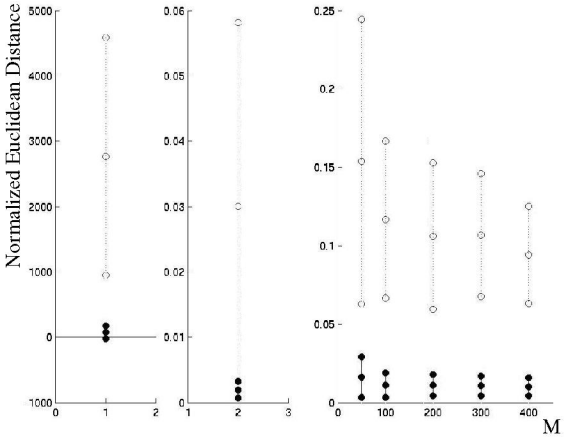


Figure 4: Normalized Euclidean distance plots of different methods. From the left: [1], [3], AC/DCT with M = 50, 100, 200, 300, 400.

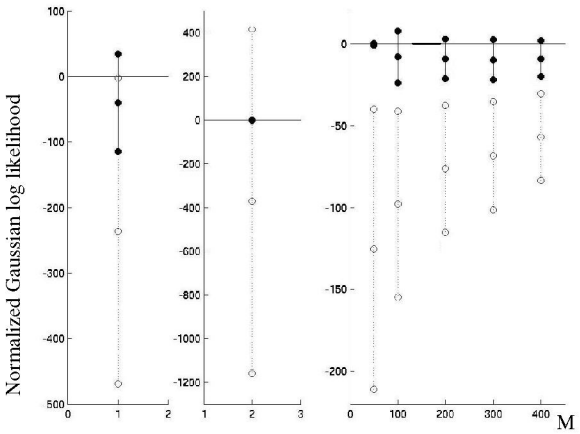


Figure 5: Normalized Gaussian log likelihood plots of different methods. From the left: [1], [3], AC/DCT with M = 50, 100, 200, 300, 400.

1-4244-0487-8/06/$20.00 ©2006 IEEE

corresponding values of previous methods using different implementation parameters. The experiment was performed with data from 14 healthy subjects with multiple records obtained from the PTB database [8,11]. An ECG window duration of 10 seconds (N = 10000 samples) was used for all experiments. Each record has a length of 100 seconds; therefore there are 10 windows for each subject.

An approximate total of 14000 pulses exist in the database. The number of DCT coefficients, C, is set differently for each M and it is the coefficient number where the value drops belong 0.2% of the highest value in the DCT sequence for metric described by (2). Due to the use of sample variance in (3), a different rule for setting C relative to the different M values is required. Experiment shows that choosing the first coefficient with an amplitude value of about 0.2% of the highest DCT coefficient at the decaying tail of the DCT sequence as the cutoff value yields the best results.

For comparison purposes, results from using the feature vectors of the methods in [1] and [3] have been also included. It is clearly observed from Figures 4 and 5 that the feature extraction of the AC/DCT method provides higher separability and discriminating capability than the other methods. Hence, this is indicative that one can expect biometric identification performance improvements with the proposed method.

3.3. False negative (FN) and false positive (FP) performance

To find FN and FP, we assume that the estimated metrics (D, or L_i) have a Gaussian distribution. This assumption is valid because the results of these comparisons are supposedly coming from either the same subject or different subject and thus, they are random variables defined on either one of the two respective probability spaces. In addition, since the determination of any D or L_i is independent at each trial, it is feasible to assume that the D's and L_i's are i.i.d. random variables. Therefore, they have Gaussian distribution from the central limit theorem.

Utilizing the Gaussian assumption, the mean and standard deviation for same and different subjects obtained earlier, FN and FP are calculated by first finding the intersection t, between the same-subject's Gaussian PDF and the different-subject's Gaussian PDF. After finding t, FN and FP can be found by (4) and (5) for the case of the normalized Gaussian log likelihood metric:

$$FN_{likelihood} = P_{same}(-\infty < x < t) \qquad (4)$$

$$FP_{likelihood} = P_{different}(t < x < \infty) \qquad (5)$$

where x is the Gaussian random variable with the mean and SD of the corresponding subject groups. Similar calculations can be applied to the normalized Euclidean distance also by reversing the ranges in the probabilities.

4. CLASSIFICATION PERFORMANCE

To estimate the classification performance of the proposed method, which is the ability to correctly classify (assign) a given pulse record to the corresponding subject, the AC/DCT method was applied to two different records of the 14 healthy subjects from the PTB database. The estimated DCT feature vector for each subject in record 1 was compared to the DCT feature vectors of all subjects in record 2 and the best match was determined. The corresponding results are given in Tables 2 and 3 for the two distance metrics described above.

TABLE 2: RESULTS FROM CLASSIFICATION EXPERIMENTS WITH TWO PTB DATABASES USING NORMALIZED EUCLIDEAN DISTANCE

M	C	FN (same database)	FP (same database)	Window Recognition Rate	Subject Recognition Rate
50	5	0.0106	0.1177	116/140	13/14
100	11	0.0049	0.0435	119/140	12/14
180	13	0.0061	0.0587	132/140	13/14
200	17	0.0052	0.0490	129/140	13/14
300	19	0.0028	0.0224	126/140	13/14
400	26	0.0022	0.0146	125/140	13/14

From the results in Table 2, we observe that the best performance has been obtained for the Normalized Euclidean Distance when M=180ms (shown shaded in Table 2), which corresponds approximately to the length of the QRS complex as to our expectations explained in section 2.2.

The results in Table 3 show that it is possible to have perfect subject recognition using the Gaussian log likelihood. With a larger C, three cases for M gave perfect subject recognition rates and two cases gave perfect window recognition rates (shown shaded). The assumption of Gaussian distribution of the ECG windows turns out to be helpful in the classification performance, yielding high recognition rates.

TABLE 3: RESULTS FROM CLASSIFICATION EXPERIMENTS WITH TWO PTB DATABASES USING NORMALIZED GAUSSIAN LOG LIKELIHOOD

M	C	FN (same database)	FP (same database)	Window Recognition Rate	Subject Recognition Rate
50	21	$5.2716(10^{-4})$	0.0529	136/140	14/14
100	27	$3.6657(10^{-4})$	0.0367	140/140	14/14
200	44	$1.6759(10^{-4})$	0.0194	140/140	14/14
300	63	$7.4346(10^{-5})$	0.0122	130/140	13/14
400	55	$6.5794(10^{-5})$	0.0085	130/140	13/14

Note that M values over 200ms give poor performances. This could be due to the inclusion of positional data from

1-4244-0487-8/06/$20.00 ©2006 IEEE

the T wave at these M values since the T wave moves relative to the QRS complex at different heartbeat rates. It is not useful information to be included.

Also note the very low false negative rates resulting from the AC/DCT method. This suggests that this method could be applied to biometric recognition scenarios with high FN costs.

5. CONCLUSIONS AND FUTURE IMPROVEMENTS

The results of the experiment show that it is possible to perform ECG biometric recognition without the use of PQRST fiducial detection. The proposed AC/DCT method provides an efficient, robust, and computationally efficient heartbeat biometric identification technique. The method offers significant computational advantages compared to existing approaches with better or comparable classification performance. An additional advantage of this technique is that is not limited to ECG records only; it is general enough that it is applicable to other modes of heartbeat recordings, such as acoustic signals, since it does not depend on ECG specific characteristics. Further experimentation however, is needed to determine the effectiveness of the method with non-healthy subjects.

6. REFERENCES

[1] T. W. Shen, W. J. Tompkins, and Y. H. Hu, "One-Lead ECG for Identity Verification," *Proceedings of the Second Joint EMBS/BMES Conference*. Houston TX, USA, 2001

[2] Lena Biel, et al., "ECG Analysis: A New Approach in Human Identification," *IEEE* Transactions on Instrumentation and Measurement, Vol. 50, No. 3, 2001.

[3] Steven A. Israel, et al., "ECG to identify individuals," *Pattern Recognition Society 2005*. Elsevier Ltd., USA, 2004.

[4] Steven A. Israel, et al., "Fusing Face and ECG for Personal Identification," *Proceedings of the 32nd Applied Imagery Pattern Recognition Workshop (AIPR' 03)*, 2003.

[5] R. Hoekema, G.J.H. Uijen, A. van Oosterom, "Geometrical aspect of the interindividual variability of multilead ECG recordings", *IEEE Trans. Biomedical. Engineering* Vol. 48, pp. 551–559, 2001

[6] G. Wuebbeler, et al., *Human Verification by Heart Beat Signals*, Working Group 8.42, Physikalisch-Technische Bundesanstalt (PTB), (http://www.berlin.ptb.de/8/84/842/BIOMETRIE/842biometriee.html)

[7] J. P. Martínez et al., "A Wavelet-Based ECG Delineator: Evaluation on Standard Databases," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, Vol. 51, No. 4, pp. 570-581, April 2004

[8] A. Goldberger, et al., "PhysioBank, PhysioToolkit, and PhysioNet: Components of a New Research Resource for Complex Physiologic Signals," *Circulation*, Vol. 101, No. 23, pp. e215-e220 [Circulation Electronic Pages; http://circ.ahajournals.org/cgi/content/full/101/23/e215], 2000

[9] Laguna P., Jané R., Bogatell E., and Anglada D. V., "QRS detection and waveform boundary recognition using ecgpuwave," 2002 (http://www.physionet.org/physiotools/ecgpuwave/)

[10] J. K. M. Lee, *ECG Feature Extraction without Fiducial Detection: Applications to ECG Biometric Recognition*, M. A. Sc. dissertation, Faculty of Applied Science and Engineering, University of Toronto, 2006

[11] Michael Oeff, et al., *The PTB Diagnostic ECG Database*, National Metrology Institute of Germany, (http://www.physionet.org/physiobank/database/ptbdb/)

1-4244-0487-8/06/$20.00 ©2006 IEEE

Apéndice B

Trabajo sobre la Frecuencia

A New Approach to ECG Biometric Systems: A Comparitive Study between LPC and WPD Systems

Justin Leo Cheang Loong, Khazaimatol S Subari, Rosli Besar and Muhammad Kamil Abdullah

International Science Index, Biomedical and Biological Engineering Vol:4, No:8, 2010 waset.org/Publication/9556

Abstract—In this paper, a novel method for a biometric system based on the ECG signal is proposed, using spectral coefficients computed through linear predictive coding (LPC). ECG biometric systems have traditionally incorporated characteristics of fiducial points of the ECG signal as the feature set. These systems have been shown to contain loopholes and thus a non-fiducial system allows for tighter security. In the proposed system, incorporating non-fiducial features from the LPC spectrum produced a segment and subject recognition rate of 99.52% and 100% respectively. The recognition rates outperformed the biometric system that is based on the wavelet packet decomposition (WPD) algorithm in terms of recognition rates and computation time. This allows for LPC to be used in a practical ECG biometric system that requires fast, stringent and accurate recognition.

Keywords—biometric, ecg, linear predictive coding, wavelet packet decomposition

I. Introduction

A BIOMETRIC system is a system that is able to identify and distinguish between individuals based on a certain physiological trait. In the past, these systems employed fingerprints, iris, voice and facial recognition to accomplish this task. Although these traits are unique to individuals, there are nonetheless loopholes within each of the systems which can compromise security.

Thus a lot of research was conducted in search of a biometric that is hard to forge and duplicate. Within the past decade, studies have looked into the viability of using electrocardiograph (ECG) as a biometric. Biel et al. (1999) first provided experimental evidence that ECG carried information specific to individuals [2], [3].

Figure 1 shows an example of an ECG signal. The ECG signal is divided into three main portions: the P wave, the QRS complex wave and the T wave. The P wave occurs during a normal atrial depolarization, followed by the rapid depolarization of the right and left ventricles producing the QRS complex wave and lastly the repolarization of the ventricles which creates the T wave.

The different stucture of the heart between individuals affect the shape of the ECG signal [6], [8], [18]. This allows for a biometric system to use this physiological trait for human identification purposes. Many systems rely on time-domain features such as the interval of the QRS complex and the amplitude of the P wave. The inherent drawbacks of such systems are that they have a higher chance of being fooled by a fake ECG signal if the locations and amplitudes of the PQRST points have been guessed [21]. There is also no universally accepted boundaries of the waves and thus the values obtained varies depending on the equipment that was used to acquire them and the location of the electrode [15].

Justin Leo Cheang Loong, Khazaimatol S Subari and Kamil Abdullah are with the Faculty of Engineering, Multimedia University, Jalan Multimedia, 63100 Cyberjaya, Selangor, Malaysia.

Rosli Besar is with the Faculty of Engineering and Technology, Multimedia University, Jalan Ayer Keroh Lama, 75450 Melaka, Malaysia

Manuscript received April 30, 2010; revised May 12, 2010.

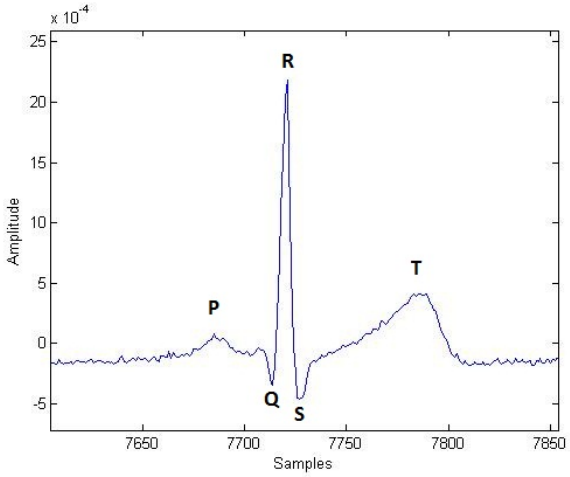


Fig. 1. Example of an ECG signal with the P, Q, R, S and T regions labelled.

Thus a new method for ECG identification is proposed, using an approach that operates in the frequency domain, specifically linear predictive coding (LPC). LPC has been used extensively in the analysis of vowel recognition in speech recognition systems because of its ability to detect poles. Even though the ECG signal is not a speech signal, it shows similar quasi-periodic properties to a phonetic segment of speech. In terms of the use of LPC for ECG recognition, the authors are aware of only one research paper whose objectives were for the purposes of differential diagnosis [7]. In this project, LPC was used to compute the spectral envelope of the ECG signal. Subsequently, the first fourty spectral coefficients were extracted as features of the classification algorithm.

Wavelet packet decomposition (WPD) has been used in the classification of electroencephalogram (EEG) signals [20]. WPD is able to provide information in the time and frequency domain and it is also a nonfiducial-point based feature extraction method. The results of WPD feature extraction method will be compared to the LPC approach for comparison.

II. Biometric Systems using ECG

Research on ECG as biometrics in the past can largely be categorised into fiducial-point based systems and nonfiducial-

International Science Index, Biomedical and Biological Engineering Vol:4, No:8, 2010 waset.org/Publication/9556

point based systems. Kyoso M. et al. (2001) used as little as 2 time-domain features for classification with an accuracy exceeding 90% [13]. In another system, Shen et al. (2002) used 7 features from the fiducial points [17].

Zhaomin Z. and Daming W. (2006) combined 14 time-domain features with Bayes' theorem for a recognition rate of 97.4% [24]. Kyoso M. (2003) used a total of 34 time-domain features in order to avoid false acceptance in ECG identification [12]. Several other studies have pre-determined the top features from the fiducial points and only incorporated those for their systems [8], [9]. Palaniappan et al. (2004), Adrian et al. (2006) and Singh et al. (2008) have also used features from the time-domain and garnered an accuracy of 97.6%, 90.8% and 99% respectively [5], [14], [18].

Yongjin et al. (2006) integrated fiducial features as well as linear discriminant analysis (LDA) and principal component analysis (PCA) in a hierarchical scheme and achieved 98.90% heartbeat recognition rate and 100% recognition rate for 13 subjects [22]. Several approaches to non-fiducial point based systems have been tried, such as the Fourier transform [11], [16], dicrete wavelet transform [6], [23], autocorrelation [15], [19], Legendre polynomials [10] and PCA/LDA [4] with a recognition rate ranging from 77% to 100% for as many as 35 subjects.

Agrafioti F. and Hatzinakos D. (2008) showed that while many systems used 1 lead for ECG identification tasks, it is possible to achieve 100% window recognition rate and 100% subject recognition rate with a database of 249 subjects in a 12 lead ECG system with a decision level fusion [1]. Nonetheless while the results are impressive, it is very impractical to use 12 leads in a realistic biometric system.

III. Methodology

A biometric system is essentially a pattern recognition problem and thus the methodology for this experiment can be broken down into 4 parts: (i) experimental setup, (ii) pre-processing, (iii) feature extraction and (iv) classification. Each part will be explained in detail in the following subsections.

A. Experimental Setup

ECG signals were recorded using a gMobilab+ console by Guger Technologies that was connected to a computer and captured using the Matlab Data Acquisition Toolbox with a sampling frequency of 256 Hz. A single lead ECG recording was done by following the connections in Figure 2. Participants were required to remain calm and relaxed throughout the recording session.

A total of 15 healthy subjects participated in this study. All were male students at Multimedia University between the ages of 18 to 22. Two ECG recordings were obtained from each participant with a duration of 65 seconds for each recording. The recordings are made on the same day for every participant, though not in the same session. The first 2.5 s and the last 2.5 s of the signal were removed and the remaining 60 s of the signal was used for training and testing.

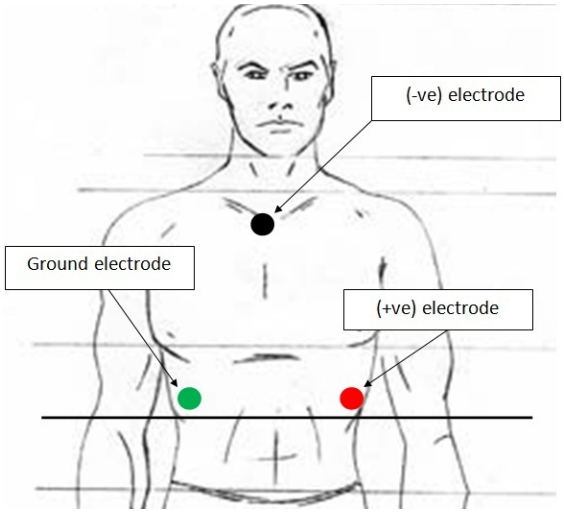


Fig. 2. Placement of the ECG electrodes for 1 lead recording.

B. Preprocessing

Preliminary processing prepares the signal for the feature extraction stage. This stage consists of two parts:

1) Pre-emphasis Filter: The ECG signal is put through a pre-emphasis filter with the following equation:

$$y[n] = x[n] - 0.95.x[n-1] \tag{1}$$

where $x[n]$ is the input signal and $y[n]$ is the output signal after pre-emphasis. The pre-emphasis filter is used to boost the higher frequency region of the signal in order to flatten the spectrum. This in turn allows for better calculation of the coefficients using LPC.

2) Segmenting: The signal is subsequently divided into 5 s segments with 50% overlap. In calculating the spectral envelope of the ECG signal, a longer signal will actually provide better estimation. Nonetheless the signal was segmented in order to increase the amount of training samples used for training the neural network. Preliminary testing shows that 5 s of signal was appropriate because reducing the duration of the segment will reduce the accuracy of the spectral envelope estimation and increasing the durations will result in fewer training samples.

C. Feature Extraction

Two methods were used for feature extraction. In general, for LPC, the first fourty coefficients of the ECG LPC spectrum is extracted and is used as features for the classification algorithm. For the WPD method, the features were extracted using the 'db2' wavelet in a 5-level wavelet packet decomposition.

1) Linear Predictive Coding: LPC is a technique of time series analysis that is used to predict future values of a signal as a linear function of previous samples. The predicted value can be calculated from the following equation:

$$\hat{x}[n] = -\sum_{i=1}^{p} a_i x[n-i] \tag{2}$$

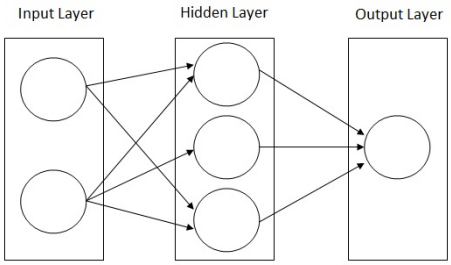


Fig. 3. A neural network consists of three layers: input, hidden and output layer.

where $x[n-i]$ are the previous values, a_i are the LPC coefficients and p is the order of the LPC. The error produced from this estimate is then the difference of the predicted value and the actual value:

$$e[n] = x[n] - \hat{x}[n] \tag{3}$$

where $x[n]$ is the actual value. The error is minimized and the LPC coefficients are found using the Levinson-Durbin recursion. The first 40 points of the LPC spectrum are taken as the feature set of the ECG signal.

2) Wavelet Packet Decomposition: In the WPD method, the signal is applied a 5-level wavelet packet decomposition using the 'db2' wavelet. Unlike the discrete wavelet transform which only decomposes the lower frequency region of the signal, WPD decomposes both the approximation and the detail coefficients to give a better representation of the signal throughout the frequency range.

The coefficients from each node were extracted and five statistical parameters were calculated from them, i.e., maximum, minimum, mean, standard deviation and entropy. These nodes represent the frequency range of 0 to 40 Hz with a resolution of 4 Hz per node. In total, there are are total of 50 parameters that are used as the feature set for WPD.

D. Classification

A neural network system consists of three layers: input, hidden and output layer as shown in Figure 3. The input layer is the feature set to be trained or classified. The hidden layer consists of many interconnected artificial neurons working in parallel to model the relationship between the input layer and the output layer. The output layer is the result obtained after running the input layer through the hidden layer.

Each neuron in the hidden layer performs a simple task which is described by this equation:

$$a = f(wp + b) \tag{4}$$

where p is the input, f is the transfer function, w is the weight to be multiplied to the input, b is the bias to be added to the input and a is the output of the neuron. The bias can be thought of as a weight, except that its value is always 1. The bias is added to the weighted input and run through the selected transfer function. If the output exceeds a certain threshold, the neuron fires. Otherwise it does nothing. A back-propagation neural network is adopted whereby the signals travel from both the input to the output and vice versa and the weights of the neurons are contiously changed until the performance goal of the system is met or the system reaches equilibrium.

TABLE I
CRR OF THE SYSTEM VARYING THE ORDER OF THE LPC AND USING 120 POINTS OF THE LPC SPECTRUM.

Order of LPC	CRR (%)
4	97.81
6	99.24
8	99.10
10	99.33
12	99.62
14	99.14
16	99.05

The extracted features from each segment are randomly divided into training and testing sets each time the system is executed with a ratio of 70% of the features used for training and the remaining 30% for testing. The training set is normalised to a mean of 0 and a standard deviation of 1 before training:

$$\hat{v} = \frac{v - \mu_v}{\sigma_v} \tag{5}$$

where $\hat{v}$ is the normalised feature vector, μ_v is the mean and σ_v is the standard deviation of features of the training set. The same process used to normalise the training set will be used to normalise the testing set during the testing of the system. Two hidden layers with 100 nodes in each layer are employed and the training function used was the scaled conjugate gradient. The training is deemed succesful only when the performance of the system calculated using mean square error reaches or falls below 10^{-3}. Otherwise the system is retrained to achieve optimal performance.

IV. Results and Discussion

The results of this experiment will be based on the average correct recognition rate:

$$\text{CRR}_{ave} = \frac{1}{R}\sum_{i=1}^{R}\frac{C_i}{T_i} \times 100 \tag{6}$$

where C_i is the number of correct classifications, R is the number of runs and T_i is the total number of testing samples. The number of runs is defined as the number of times the classification task was executed in order to obtain an average CRR. In this paper, each task was executed 5 times, since the training and testing samples for every run are randomised.

Figure 4 shows the ECG LPC spectrum of all the segments of the ECG for 5 different subjects. Visual analysis shows us that the LPC spectrum of the ECG is unique between individuals and this provides the mean to classify these individuals.

Table I shows the CRR_{ave} of the system when the order of the LPC was varied and 120 points of the LPC spectrum was used as the feature set. It can be seen that setting the order of the LPC to 4 causes the CRR_{ave} to drop. LPC of orders 6 onwards produced constant CRR_{ave} of above 99%. This is

International Science Index, Biomedical and Biological Engineering Vol:4, No:8, 2010 waset.org/Publication/9556

International Science Index, Biomedical and Biological Engineering Vol:4, No:8, 2010 waset.org/Publication/9556

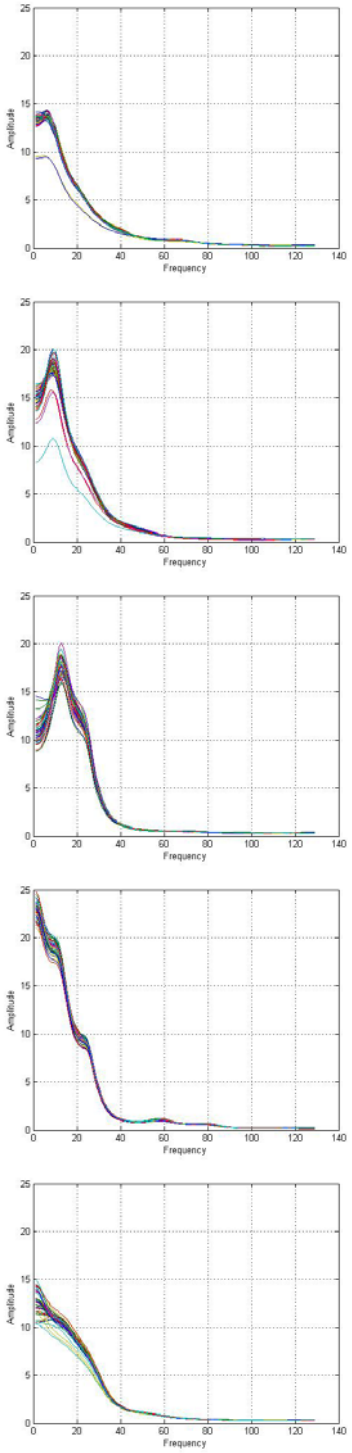


Fig. 4. The ECG LPC spectrum of 5 different subjects. It can be seen that the ECG LPC spectrum differs substantially between individuals.

TABLE II
CRR$_{ave}$ OF THE SYSTEM VARYING THE NUMBER OF POINTS OF THE LPC SPECTRUM AND USING AN LPC OF ORDER 12.

Number of points of the LPC spectrum	CRR$_{ave}$ (%)
80	99.71
70	99.90
60	99.52
50	99.67
40	99.52
30	98.88
20	97.43

TABLE III
COMPARISON BETWEEN LPC AND WPD AS THE FEATURE EXTRACTION METHOD FOR THE SYSTEM.

	WPD	LPC
Segment CRR$_{ave}$ (%)	91.52	99.52
Subject CRR$_{ave}$ (%)	92.00	100.00
Feature Extraction Time (s)	16.226	0.567

because a low order of LPC is unable to accurately model the envolope of the spectrum for each person thus decreasing the separability between the subjects. From the results, the optimal order of the LPC for the system is 12.

Table II shows the CRR$_{ave}$ of the system with the order of the LPC fixed at 12 with varying number of points of the LPC spectrum. It can be observed from the table that the system averages out at over 99% when points of 40 and above are used. The CRR$_{ave}$ starts to fall when the number of points are set to 30 and below. Looking at Figure 4, most of the energy and thus information of an individual's ECG signal are below 40 Hz. Henceforth setting the number of points to be below 40 essentially removes the important information regarding a person's ECG and consequently reduces separability.

Table III shows a comparison between the LPC spectrum and the WPD coefficients when used as the feature extraction method for the biometric system. The LPC system has the order set to 12 and the number of points set to 40 and the total number of WPD coefficients are 50. Here, two different approaches were taken to calculate the CRR$_{ave}$.

For the *segment* CRR$_{ave}$ listed in the second row in Table III, the classification algorithm was executed in the manner described in the earlier part of this discussion. However, for computation of the *subject* CRR$_{ave}$, a subject is considered to be correctly identified if the number of correctly identified segments of the signal exceeds a certain threshold. For this case, the threshold is set to 50% (i.e., more than half of the total number of segments are correctly identified).

It was observed from Table III that the WPD system managed to obtain 91.52% segment CRR$_{ave}$ and 92.00% subject CRR$_{ave}$. On the other hand, the LPC system resulted in a segment CRR$_{ave}$ of 99.52% and a 100% subject CRR$_{ave}$. Out of the 23 segments from 60 seconds of the signal, the LPC system incorrectly classified a maximum number of 4 segments only. This means that the threshold can be set as high as 82% and the LPC system will still be able to deliver 100% classification rate, allowing the LPC system to be used

in situations where high levels of security are necessary.

A further analysis into the feature extraction time reveals the fast computation time for LPC systems, taking an average of 0.567 s for 5 runs for all 15 subjects' signals. WPD proved to be more costly in terms of computation time as it takes 16.225 s to execute on average. In short, the LPC system is 28 times faster and therefore more practical for a realtime biometric system.

V. Conclusion

To conclude, a new method for ECG biometric systems was successfully implemented by using the coefficients of the LPC spectral envelope as features with classification rates of 99.52% and 100% for segment CRR_{ave} and subject CRR_{ave} respectively. In comparison, a system using WPD only managed 91.52% segment CRR_{ave} and 92.00% subject CRR_{ave}. If the segmenting approach was used, the threshold for subject identification can be set as high as 82% for LPC systems while still maintaining 100% subject identification. The LPC system is also 28 times faster in computation time compared to WPD. This makes LPC a very viable feature extraction method for situations requiring a fast, stringent and accurate security system. These results along with the 1 lead ECG signal acquisition setup of this experiment make LPC a suitable feature extractor for a practical ECG biometric system.

Acknowledgment

The authors would like to thank the Ministry of Science, Technology and Innovation, Malaysia (MOSTI) for funding this research.

References

[1] F. Agrafioti and D. Hatzinakos. Fusion of ECG sources for human identification. In *3rd International Symposium on Communications, Control and Signal Processing*, pages 1542 – 1547, St. Julians, Malta, 2008.

[2] L. Biel, O. Pettersson, L. Philipson, and P. Wide. ECG analysis: a new approach in human identification. In *Proceedings of the 16th IEEE Instrumentation and Measurement Technology Conference*, volume 1, pages 557 –561, Venice, Italy, 1999.

[3] L. Biel, O. Pettersson, L. Philipson, and P. Wide. ECG analysis: a new approach in human identification. *IEEE Transactions on Instrumentation and Measurement*, 50(3):808 – 812, 2001.

[4] O. Boumbarov, Y. Velchev, and S. Sokolov. ECG personal identification in subspaces using radial basis neural networks. In *IEEE International Workshop on Intelligent Data Acquisition and Advanced Computing Systems: Technology and Applications*, pages 446 – 451, Rende, Italy, 2009.

[5] A. D. C. Chan, M. M. Hamdy, A. Badre, and V. Badee. Person identification using electrocardiograms. In *Canadian Conference on Electrical and Computer Engineering*, pages 1 – 4, Ottawa, Canada, 2006.

[6] C.-C. Chiu, C.-M. Chuang, and C.-Y. Hsu. A novel personal identity verification approach using a discrete wavelet transform of the ECG signal. In *International Conference on Multimedia and Ubiquitous Engineering*, pages 201 – 206, Busan, Korea, 2008.

[7] B. A. Eisenstein and R. J. Vaccaro. Feature extraction by system identification. *IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics*, 12(1):42 – 50, 1982.

[8] Y. Gahi, M. Lamrani, A. Zoglat, M. Guennoun, B. Kapralos, and K. El-Khatib. Biometric identification system based on electrocardiogram data. In *New Technologies, Mobility and Security*, pages 1 – 5, Tangier, Morocco, 2008.

[9] M. Guennoun, N. Abbad, J. Talom, S. M. M. Rahman, and K. El-Khatib. Continuous authentication by electrocardiogram data. In *IEEE Toronto International Conference Science and Technology for Humanity*, pages 40 – 42, Toronto, Canada, 2009.

[10] I. Khalil and F. Sufi. Legendre polynomials based biometric authentication using QRS complex of ECG. In *International Conference on Intelligent Sensors, Sensor Networks and Information Processing*, pages 297 – 302, Sydney, Australia, 2008.

[11] K.-S. Kim, T.-H. Yoon, J.-W. Lee, D.-J. Kim, and H.-S. Koo. A robust human identification by normalized time-domain features of electrocardiogram. In *27th Annual International Conference of the Engineering in Medicine and Biology Society*, pages 1114 – 117, Shanghai, China, 2005.

[12] M. Kyoso. A technique for avoiding false acceptance in ECG identification. In *IEEE Engineering in Medicine and Biology Society Asian-Pacific Conference on Biomedical Engineering*, pages 190 – 191, the border of Kyoto-Osaka-Nara, Japan, 2003.

[13] M. Kyoso and A. Uchiyama. Development of an ECG identification system. In *Proceedings of the 23rd Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, volume 4, pages 3721 – 3723, Istanbul, Turkey, 2001.

[14] R. Palaniappan and S. Krishnan. Identifying individuals using ECG beats. In *International Conference on Signal Processing and Communications*, pages 569 – 572, Bangalore, India, 2004.

[15] K. Plataniotis, D. Hatzinakos, and J. Lee. ECG biometric recognition without fiducial detection. In *Biometrics Symposium: Special Session on Research at the Biometric Consortium Conference*, pages 1 – 6, Baltimore, MD, 2006.

[16] S. Saechia, J. Koseeyaporn, and P. Wardkein. Human identification system based ECG signal. In *IEEE TENCON*, pages 1 – 4, Hong Kong, China, 2005.

[17] T. Shen, W. Tompkins, and Y. Hu. One-lead ECG for identity verification. In *Proceedings of the Second Joint Engineering in Medicine and Biology Society and Biomedical Engineering Society Conference*, volume 1, pages 62 – 63, Houstan, TX, 2002.

[18] Y. Singh and P. Gupta. ECG to individual identification. In *2nd IEEE International Conference on Biometrics: Theory, Applications and Systems*, pages 1 – 8, Washington, DC, 2008.

[19] J. C. Sriram, M. Shin, T. Choudhury, and D. Kotz. Activity-aware ECG-based patient authentication for remote health monitoring. In *Proceedings of the 2009 International Conference on Multimodal Interfaces*, pages 297 – 304, Cambridge, MA, 2009.

[20] W. Ting, Y. Guo-zheng, Y. Bang-hua, and S. Hong. EEG feature extraction based on wavelet packet decomposition for brain computer interface. *Measurement*, 41(6):618 – 625, 2008.

[21] Y.-T. Tsao, T.-W. Shen, T.-F. Ko, and T.-H. Lin. The morphology of the electrocardiogram for evaluating ECG biometrics. In *9th International Conference on e-Health Networking, Application and Services*, pages 233 – 235, Taipei, Taiwan, 2007.

[22] Y. Wang, K. Plataniotis, and D. Hatzinakos. Integrating analytic and appearance attributes for human identification from ECG signals. In *Biometrics Symposium: Special Session on Research at the Biometric Consortium Conference*, pages 1 – 6, Baltimore, MD, 2006.

[23] J. Yao and Y. Wan. A wavelet method for biometric identification using wearable ECG sensors. In *5th International Summer School and Symposium on Medical Devices and Biosensors*, pages 297 – 300, Hong Kong, China, 2008.

[24] Z. Zhang and D. Wei. A new ECG identification method using Bayes' theorem. In *IEEE TENCON*, pages 1 – 4, Hong Kong, China, 2006.

International Science Index, Biomedical and Biological Engineering Vol:4, No:8, 2010 waset.org/Publication/9556

Apéndice C

Trabajo sobre la Fase

Pattern Recognition Letters 34 (2013) 595–602

Contents lists available at SciVerse ScienceDirect

Pattern Recognition Letters

journal homepage: www.elsevier.com/locate/patrec

QRS detection-free electrocardiogram biometrics in the reconstructed phase space

Shih-Chin Fang [a], Hsiao-Lung Chan [b,c,*]

[a] Department of Neurology, Cardinal Tien Hospital Yung Ho Branch, Taipei, Taiwan
[b] Department of Electrical Engineering, Chang Gung University, Taoyuan, Taiwan
[c] Healthy Aging Research Center, Chang Gung University, Taoyuan, Taiwan

ARTICLE INFO

Article history:
Received 15 July 2010
Available online 10 December 2012

Communicated by S. Sarkar

Keywords:
Biometrics, Electrocardiogram (ECG)
QRS detection-free
Phase space reconstruction
Coarse graining

ABSTRACT

Most electrocardiogram (ECG) biometrics are based on detection of the QRS wave and comparison of structural features. ECG parameters are extracted from the waveform, but the process is arduous for noisy signals. Comparison based on phase space trajectory from a cardiac cycle as well as waveform comparison avoids the detection of ECG characteristic points, but has an alignment-free advantage. In this paper, we develop a QRS detection-free ECG biometric based on the phase space trajectory of the ECG signal. The multi-loop trajectory from a 5-s ECG epoch is condensed to a single-loop *coarse-grained structure*. The normalized spatial correlation (nSC), the mutual nearest point match (MNPM), and the mutual nearest point distance (MNPD) are considered as means of quantifying the similarity or dissimilarity between coarse-grained structures. We test our method on a population of 100 subjects. The accuracies of personal identification achieved for a single-lead ECG are 96%, 95%, and 96% for the MNPD, nSC, and MNPM methods respectively. When we analyze the phase space trajectory of a three-lead ECG, the accuracies increase to 99%, 98%, and 98% respectively. The coarse-grained phase space trajectory of an ECG signal is unambiguous and easy to compute, rendering ECGs a practical alternative to other biometrics.

© 2012 Elsevier B.V. All rights reserved.

1. Introduction

It has recently been proposed that security systems incorporating more than one biometric, for example personal identification systems based on both fingerprints and palm prints, would be more effective than those relying on a single biometric (Ribaric and Fratric, 2005). Electrocardiograms (ECG) have an advantage over other biometrics in that they must be acquired from a living body. The ECG biometric can also be applied to secure the resource-constrained body sensor network as well as human identification and authentication (Bui et al., 2009). The ECG features currently in use include amplitudes, durations, and intervals; the areas of the *P*, *Q*, *R*, *S*, *T* waves (Biel et al., 2001; Kyoso and Uchiyama, 2001; Palaniappan and Krishnan, 2004; Israel et al., 2005; Shen, 2006) (Fig. 1(a)). However, computing these features is arduous, particularly when the ECG signal is contaminated by noise and the characteristic points of the waveform are difficult to discern.

Rather than detecting characteristic points, it is possible to find robust features in noisy data by comparing a specific pattern to the whole waveform. For example, the methods of template matching (Shen et al., 2002) and template differencing (Wübbeler et al., 2007) are used to quantify the similarity and dissimilarity between two ECG waveforms (upper trace in Fig. 1(b)). It is also possible to quantify morphological differences in the wavelet domain (Chan et al., 2008a). During comparisons, one ECG waveform is usually shifted forward or backward with respect to the other until the best fit is achieved (Wübbeler et al., 2007). In addition, principal component analysis can be used to extract morphological features without detecting ECG characteristic points (Irvine et al., 2008).

Rather than being directly compared to the underlying waveforms, an ECG template can be embedded in three-dimensional space using the time-delay technique (lower trace in Fig. 1(b)). This transformation maps short-term temporal characteristics of the wave to a specific geometric structure. It then becomes possible to compare two ECG epochs in terms of their phase space trajectories, calculating either spatial correlation (a similarity measure) or the distance between nearest-neighbor points (a dissimilarity measure) (Fang and Chan, 2009).

The major advantage of the phase space viewpoint is that the *R*-waves do not need to be exactly aligned as long as the essential waveform is included. In addition, a three-lead ECG can be directly mapped to a three-dimensional phase-space trajectory. This method produces much higher identification accuracy (99%) in a 100-subject group than embedding a single-lead ECG into three-dimensional phase space (93%) (Fang and Chan, 2009).

All the aforementioned methods are based either on a representative waveform extracted from one cardiac cycle, or the average

* Corresponding author. Address: Department of Electrical Engineering, Chang Gung University, 259 Wenhwa 1st Road, Kweishan, Taoyuan 333, Taiwan. Tel.: +886 3 2118800x5145; fax: +886 3 2118026.
E-mail addresses: chanhl.net@msa.hinet.net, chanhl@mail.cgu.edu.tw (H.-L. Chan).

0167-8655/$ - see front matter © 2012 Elsevier B.V. All rights reserved.
http://dx.doi.org/10.1016/j.patrec.2012.11.005

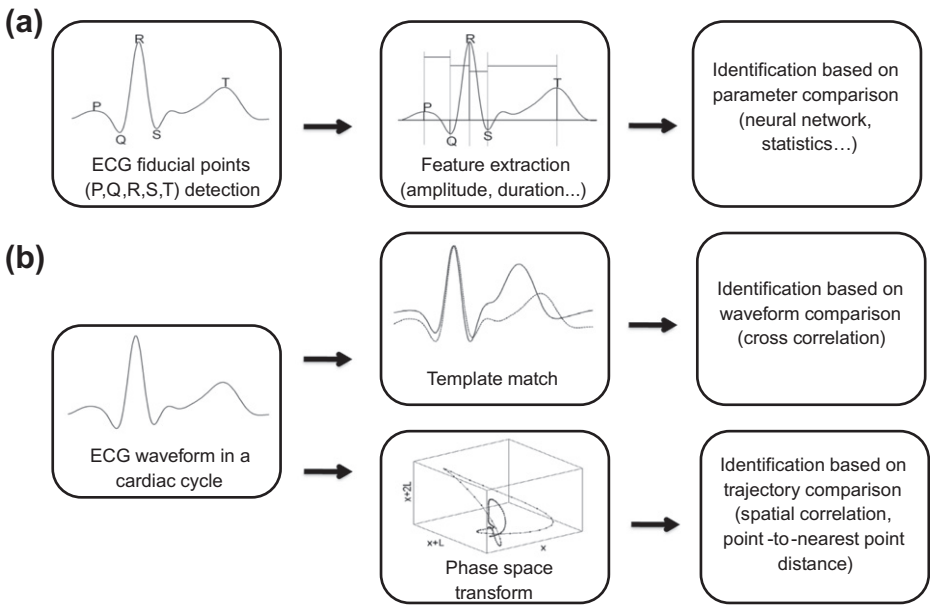


Fig. 1. (a) ECG fiducial points are detected for computing morphological features including amplitudes, durations, and intervals. The person identification is performed based on the extracted features. (b) The ECG waveform serves as a specific pattern for identification by template match (upper trace). Another method is to transform an ECG signal to a phase space trajectory by time-delay technique (lower trace). The recognition is performed by the similarity or dissimilarity index between phase space trajectories.

waveform from multiple cardiac cycles. They also use a fixed reference point such as the position of the QRS complex, usually taken as the *R* peak. Recently, ECG biometrics without QRS detection was proposed (Plataniotis et al, 2006; Wang et al., 2008). This method calculates the autocorrelation of an ECG signal over every 5-s window, and then parameterizes the autocorrelation series with a discrete cosine transform. The Euclidean distance between parameter vectors serves to identify individuals. This method achieved a correct recognition rate of 94.5% (205 out of 217 windows) in ECG data drawn from 13 healthy subjects in the Physikalisch-Technische Bundesanstalt (PTB) diagnostic ECG database. Its accuracy was 97.8% (89 out of 91 windows) in a sample of 13 subjects from the MIT/BIH arrhythmia database (Wang et al., 2008). By defining an ECG epoch as any period containing multiple cardiac cycles, obviating the need for QRS detection, this method becomes eminently practical for ECG biometrics.

A multi-cycle ECG signal appears as a multi-loop trajectory in phase space which contains nearly repeating topological patterns. This paper proposes a novel method to reduce the multi-loop trajectory to a single loop by defining a coarse grid over the phase space. We test various methods for quantifying the similarity or dissimilarity between two of these coarse-grained, single-loop structures. The performance of the proposed identification method was compared to the performance of the autocorrelation/discrete cosine transform method. Our statistics are based on an ECG dataset derived from 100 subjects.

2. Methods

2.1. ECG recording and preprocessing

100 subjects (37 men and 63 women from 16 to 84 years old) were enrolled in the study. Each subject sat in an armchair during ECG recording. The first electrode pair, named the anterior lead, was placed on the left fifth intercostal space along the mid-clavicular line. The second pair, named the lateral lead, was placed in the middle of the axillary line. The third pair, or posterior lead, was placed between the medial scapula and the thoracic spine. Two 30-s ECG signals separated by an interval of 30 min were recorded from each subject with the same electrodes placement. The ECG signal was digitized at 250 Hz using a Nicolet EEG machine (The Nicolet, Conshohocken, PA, USA). The digital ECG signal was then processed by a 4th-order Butterworth filter with a bandpass of 1–30 Hz to remove the low-frequency baseline and high-frequency noise. A 5-s ECG signal was taken from each filtered recording for subsequent analysis. All data processing tasks, including filtering, phase space reconstruction, and individual identification, were implemented using MATLAB 7.4 (The MathWorks, Natick, MA, USA).

2.2. Phase space reconstruction

Two kinds of ECG signals are used for biometric identification: the single-lead (anterior) ECG and the three-lead ECG. Each type of signal is embedded into three-dimensional phase space by a different method.

A 5-s, single-lead ECG epoch $x(t)$ is expanded into a time series of three-component vectors $\boldsymbol{X}(t)$ by the time-delay technique as follows (Fig. 2(c)):

$$\boldsymbol{X}(t) = [x(t)x(t+\tau)x(t+2\tau)] \tag{1}$$

The series $\boldsymbol{X}_n(t)$ is constructed by normalizing each element to the range of $x(t)$.

$$\boldsymbol{X}_n(t) = \frac{\boldsymbol{X}(t) - x_{\min}}{x_{\max} - x_{\min}} \tag{2}$$

Here $x_{\max}$ and $x_{\min}$ are the maximum and minimum values of $x(t)$. Plotting $\boldsymbol{X}_n(t)$ in three dimensions creates a trajectory (Fig. 2(e)) that nearly repeats itself several times. Fig. 3 shows the phase space expansions using different time delays, $\tau = 4,\ldots,36$ ms. All phase-space expansions produce two major loops corresponding to QRS complex and *T* wave, respectively.

The three-lead ECG (composed of x_a, x_l and x_p for the anterior, lateral, and posterior leads respectively) is also assembled into a series of three-dimensional vectors $\boldsymbol{X}(t)$:.

$$\boldsymbol{X}(t) = [x_a(t)x_l(t)x_p(t)] \tag{3}$$

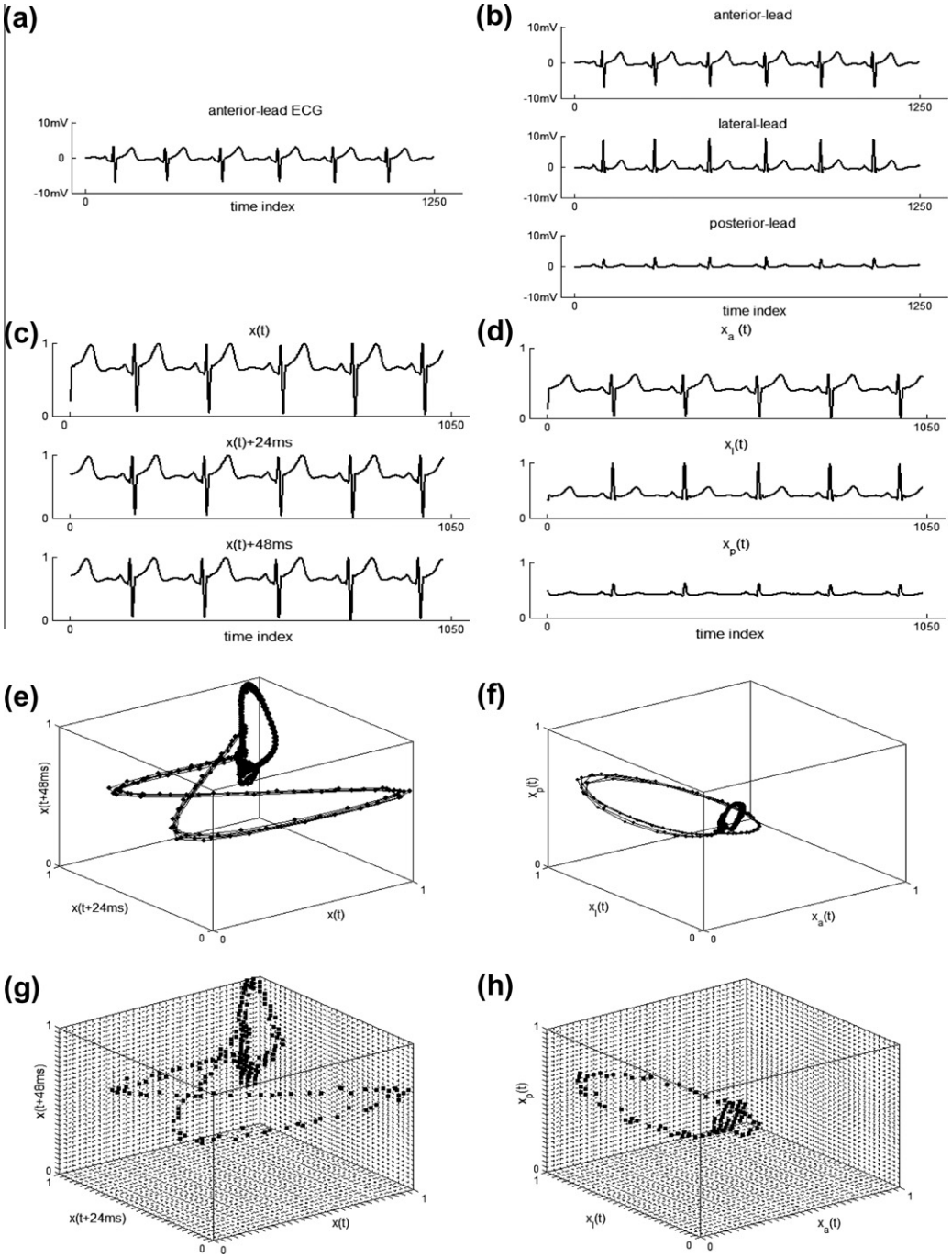


Fig. 2. (a) A single-lead ECG measured at the anterior site. The times are spaced by 4 ms. (b) An ECG of the anterior, lateral and posterior leads. (c) The single-lead ECG is transformed into three time series by time delay and amplitude normalization. (d) The three-lead ECG is normalized to range between 0 and 1. (e) The three-dimensional vectors of time-delayed single-lead ECG values trace out a phase-space trajectory with multiple loops. (f) Plotting the three-lead ECG vectors results in another multi-loop trajectory. (g) The single-lead ECG trajectory is reduced to a coarse-grained structure by partitioning the phase space into a $30 \times 30 \times 30$ grid. (h) The same coarse-graining operation is applied to the three-lead ECG trajectory.

This vector is normalized to $\boldsymbol{X}_n(t)$ using Eq. (2), where $x_{\max}$ and $x_{\min}$ now refer to the maximum and minimum of all elements in $\boldsymbol{X}(t)$. Plotting $\boldsymbol{X}_n(t)$ in three-dimensional phase space yields another repeating pattern (Fig. 2(f)) of closely spaced curves.

2.3. Coarse-graining method

The multi-loop trajectories (Fig. 2(e) and (f)) reveal detailed, repeating ECG characteristics. We reduce the trajectory to a low-resolution structure by dividing the phase space into an $M \times M \times M$ cubic grid and noting which cells are traversed by the trajectory. Any cell crossed at least once by the trajectory is noted as a point with value 1 at the position of its indices $(i,j,k)_{1 \leqslant I,j,k \leqslant M}$. As shown in Fig. 2(g) and (h), the resulting *coarse-grained structure* retains the topological pattern of the original trajectory, but looks like a single loop. The most appropriate size for the cells depends on the method to be employed for comparing two structures. Coarse-grained structures also offer a computational advantage over the original trajectories.

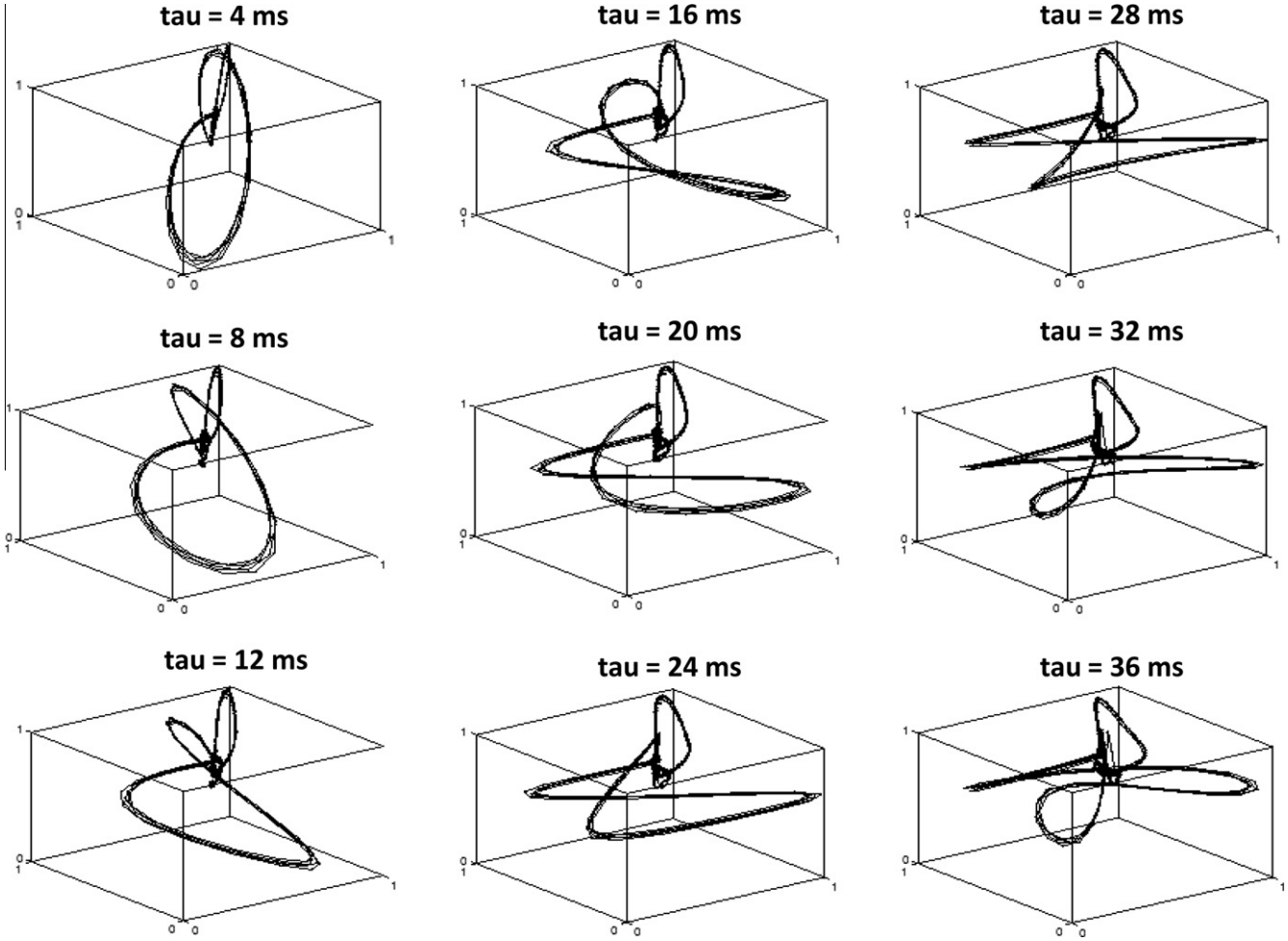


Fig. 3. A 5-s ECG is transformed to 3-dimensional phase space trajectories based on different time delays from tau = 4 to 36 ms. All phase-space expansions produce two major loops corresponding to QRS complex and *T* wave.

2.4. Structure comparison methods

Let $\boldsymbol{X}_{\mathrm{cg}}$ and $\boldsymbol{Y}_{\mathrm{cg}}$ be the coarse-grained structures derived from two different ECG epochs. In this section we quantify the similarity between the structures in two ways: their normalized spatial correlation and the mutual nearest point match. Their dissimilarity is expressed by the mutual nearest point distance.

2.4.1. Normalized spatial correlation

The elements of $\boldsymbol{X}_{\mathrm{cg}}$ and $\boldsymbol{Y}_{\mathrm{cg}}$ are either 1 (if the trajectory crossed the cell at least once) or 0. The normalized spatial correlation (nSC) between $\boldsymbol{X}_{\mathrm{cg}}$ and $\boldsymbol{Y}_{\mathrm{cg}}$ is

$$\mathrm{nSC}(\boldsymbol{X}_{\mathrm{cg}}, \boldsymbol{Y}_{\mathrm{cg}}) = \frac{\sum_{1\le i,\ j,\ k\le M} \boldsymbol{X}_{\mathrm{cg}}(i,j,k) \times \boldsymbol{Y}_{\mathrm{cg}}(i,j,k)}{\sqrt{N_{\boldsymbol{X}} \times N_{\boldsymbol{Y}}}} \tag{4}$$

where $N_{\boldsymbol{X}}$ and $N_{\boldsymbol{Y}}$ are the numbers of nonzero points in $\boldsymbol{X}_{\mathrm{cg}}$ and $\boldsymbol{Y}_{\mathrm{cg}}$ respectively. The nSC value ranges from 0 (completely isolated structures) to 1 (completely overlapping structures).

Partitioning the phase space into large cells produces low-resolution structures, reducing the amount of information that can be captured by the spatial correlation statistic. On the other hand, partitioning the space into small cells produces sparse structures, increasing the difficulty of point matching. Fig. 4(a) shows an example of two such structures based on a $10 \times 10 \times 10$ cell partition. The three-dimensional structure is "unfolded" by plotting the entire sequence of 1000 elements (from bottom-left corner to top-right corner) as a linear array. There is little overlap between the two structures, so the nSC value is small (Fig. 4(c)). In contrast, structures from the same subject have similar topological patterns (Fig. 4(b)), resulting in a high nSC value (Fig. 4(d)).

2.4.2. Mutual nearest point distance

An alternative way to compare coarse-grained structures is to compute the distance between corresponding points. Fig. 4(e) shows how the mutual nearest point distance (MNPD) is computed from two structures upon a $30 \times 30 \times 30$ cell partition. Taking every point ($\boldsymbol{x}_p$) of one structure ($\boldsymbol{X}_{\mathrm{cg}}$) in turn as a reference, we determine the nearest point ($\boldsymbol{y}_{\mathrm{NP}}$) in the other structure ($\boldsymbol{Y}_{\mathrm{cg}}$). We then calculate the Euclidian distance between this point and its nearest point ($d_{x_p}^{y_{NP}}$). Fig. 4(e) shows one of the point-to-nearest-point correspondences. The whole series of distances is then averaged, and a similar procedure is applied in the opposite direction using each point in $\boldsymbol{Y}_{\mathrm{cg}}$ as a reference. The MNPD is defined as the sum of the two mean distances:

$$\mathrm{MNPD}(\boldsymbol{X}_{\mathrm{cg}}, \boldsymbol{Y}_{\mathrm{cg}}) = \frac{\sum_{p=1}^{N_{\boldsymbol{X}}} d_{x_p}^{y_{Np}}}{N_{\boldsymbol{X}}} + \frac{\sum_{p=1}^{N_{\boldsymbol{Y}}} d_{y_p}^{x_{Np}}}{N_{\boldsymbol{X}}} \tag{5}$$

Structures with very different topologies have a large MNPD (Fig. 4(e)), and those with similar topologies have a small MNPD (Fig. 4(f)).

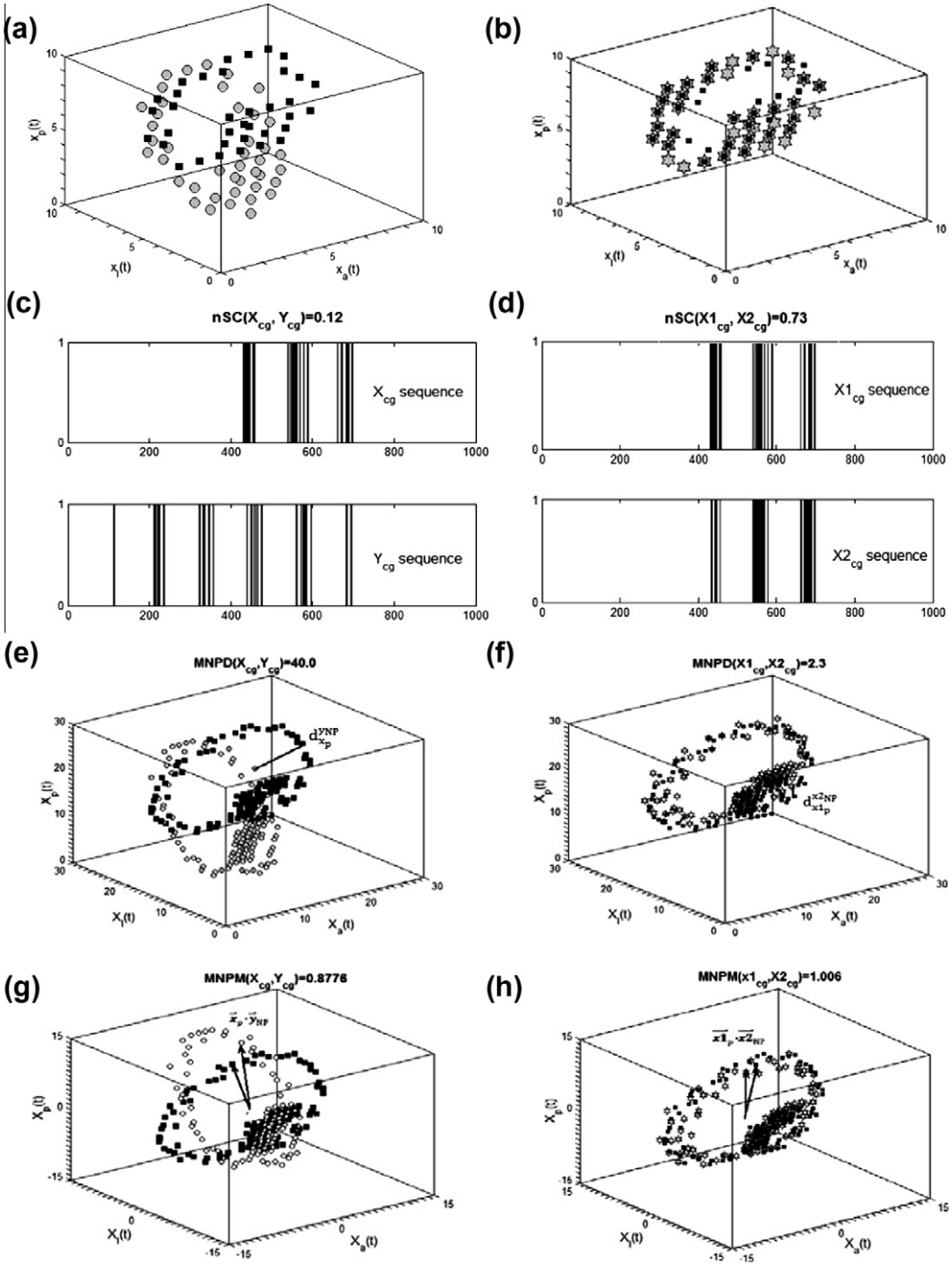


Fig. 4. (a) Coarse-grained structures derived from the three-lead ECGs of two different subjects over a $10 \times 10 \times 10$ phase space partition. The derived structures have different topologies. (b) Two coarse-grained structures from the same subject, although derived from independent epochs, have similar topologies. (c) The coarse-grained structures from different subjects are plotted as a sequence of 1000 points corresponding to the grid cells (from the bottom-left corner to the top-right corner). The value 1 indicates that the original phase space trajectory passes through the cell. There is little overlap between the structures, so the normalized spatial correlation (nSC) is small. (d) The same operation performed on similar structures gives a large nSC value. (e) Coarse-grained structures from two different subjects over a $30 \times 30 \times 30$ phase space partition. An example of the point-to-nearest-point distance is given by the solid line ($d_{x_p}^{y_{NP}}$). The mutual nearest-point distance (MNPD) statistic is constructed from the average of all such distances (see text for details). (f) The MNPD of two coarse-grained structures obtained from ECG signals of the same subject. (g) The structure is moved toward the origin by subtracting its centroid. The similarity between a point in one structure and its nearest point in the other structure is quantified as the inner product of their associated position vectors ($\vec{x}_p \cdot \vec{y}_{NP}$). The mutual nearest-point match (MNPM) statistic aggregates all inner products. (h) The MNPM of similar structures is higher than that for distinct structures (g).

2.4.3. Mutual nearest point match

The mutual nearest point match (MNPM) method attempts to find a correspondence between two coarse-grained structures. First, each structure is shifted toward the origin (from Fig. 4(e) to (g), and from (f) to (h)) by subtracting its centroid. We calculate the inner product of the position vectors corresponding to a reference point and its nearest point (Fig. 4(g) and (h)), as a measure of similarity in both magnitude and angle. The inner products of all point-to-nearest-point pairs are summed, then divided by the square root of sum of the reference vectors' squared norms:

$$\mathrm{MNPM}(\boldsymbol{X}_{\mathrm{cg}}, \boldsymbol{Y}_{\mathrm{cg}}) = \frac{\sum_{p=1}^{N_X} \vec{x}_p \cdot \vec{y}_{NP} + \sum_{p=1}^{N_Y} \vec{y}_p \cdot \vec{x}_{NP}}{2 \times \sqrt{\sum_{p=1}^{N_X} |\vec{x}_p|^2} \times \sqrt{\sum_{p=1}^{N_Y} |\vec{y}_p|^2}} \quad (6)$$

Note that the MNPM is also computed twice, once using each structure as a reference. Structures with different topologies have a small MNPM (Fig. 4(g)), while those with similar topologies have a large MNPM (Fig. 4(h)).

2.5. Autocorrelation and the discrete cosine transform (Wang et al., 2008)

For the sake of comparison, we also compute the autocorrelations (AC) of the 5-s ECG signals. The Fourier coefficients of the autocorrelation time series are derived from a discrete cosine transform (DCT). The difference between two ECG series is then quantified by the Euclidian distance between their DCT coefficients.

2.6. Assessment of identification performance

The decision of whether or not two ECG epochs match is determined by comparing one of the three indexes to a threshold. The nSC and MNPM are both similarity measures, so should be higher than the threshold if the two epochs are from the same subject. The MNPD and AC-DCT distance are both related to dissimilarity, so should be lower than the threshold if the two epochs come from the same subject. The threshold is different for each quantifying index.

To determine the appropriate threshold for each index, we test a sequence of values. At each threshold and for each index, we measure the proportion of subjects whose first and second epochs are identified as sufficiently consistent. This proportion is named the sensitivity, and represents the true positive rate of the method. The specificity is defined as the proportion of distinct ECG pairs from different individuals that are identified as dissimilar. This is the true negative rate of the method. The accuracy of a method is defined as the mean of sensitivity and specificity.

As the threshold increases, plotting specificity (x axis) against sensitivity (y axis) results in the receiver operating characteristic (ROC) curve. The larger the area under the ROC curve (AUC), the better the method's overall performance. The cutoff threshold with the highest accuracy is the optimal threshold.

3. Results

The time lag is used for embedding one-lead ECG to 3-dimensional phase space. To test the effect of the identification performance by the time lag, nine time delays from $\tau = 4$ to 36 ms were tried upon the presumed $M \times M \times M$ cell partitions with $M = 10$ for nSC and $M = 30$ for MNPD and MNPM. Fig. 5(a) shows that AUC based on these settings. Using a shorter time lag such as $\tau = 4$ and 8 ms yielded a reduced AUC than a longer time lag. Maximal AUC was obtained if the time lag was set to 16, 24, and 32 ms for nSC, MNPD and MNPM, respectively. Similarly, the time lag was set to 24 ms and seven kinds of grid partitions from $M = 10$ to 40 were tested (Fig. 5(b)). MNPM required a larger M, a denser cell partition, to raise the identification performance. A smaller M, a coarser cell partition, was preferred for the nSC method. MNPD had larger AUC than nSC and MNPM regardless of cell partition. In this study, the optimal τ values were determined by comparing the AUCs using different phase-space expansions. The time lags ($\tau = 16$, 24, and 32 ms) as well as cell partitions ($M = 10$, 30, and 30) were hereafter used for nSC, MNPD and MNPM, respectively.

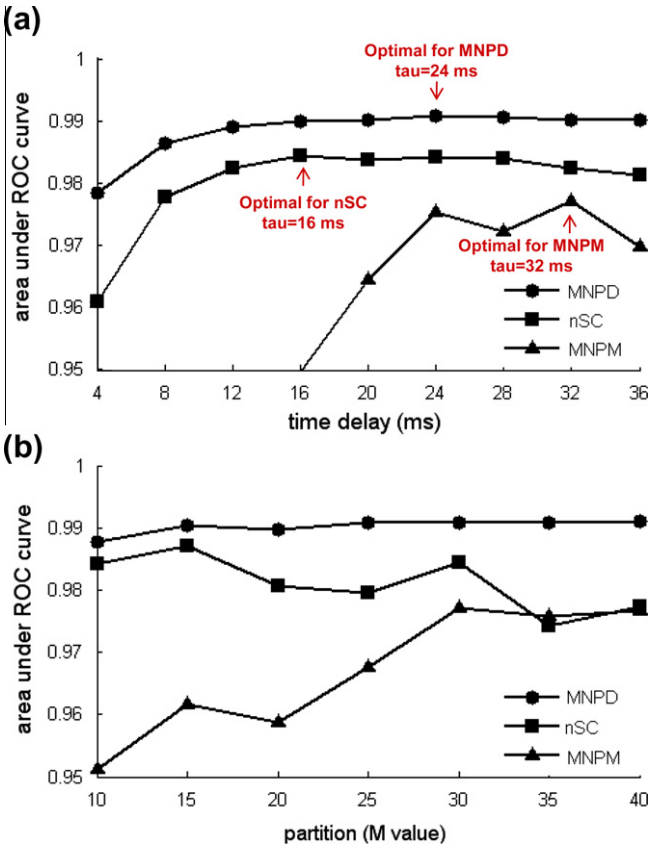


Fig. 5. (a) The area under receiver operating characteristic (ROC) curve based on nine time lags from 4 to 36 ms and the presumed $M \times M \times M$ partitions with $M = 10$ for normalized spatial correlation (nSC) and $M = 30$ for mutual nearest-point distance (MNPD) and mutual nearest-point match (MNPM). (b) The area under ROC curve of these methods based on a time lag of 24 ms and seven kinds of grid partitions from $M = 10$ to 40.

Table 1 summarizes the various performance statistics obtained by discriminating ECG epochs in terms of MNPD, nSC, MNPM, and AC-DCT distance. The overall performance of the methods can be assessed by the AUC listed in the last column. For single-lead ECG biometrics, the AUC of the MNPD, nSC, MNPM, and AC-DCT methods were 0.9908, 0.9845, 0.9770, and 0.9840, respectively, accounting for accuracy rates of 96%, 95%, 96%, and 95% respectively. MNPD had the largest AUC. When three-lead ECGs were used as the identifying patterns, the AUC of the MNPD, nSC, and MNPM methods were 0.9977, 0.9940, and 0.9953, respectively, accounting for accuracy rates of 99%, 98%, and 98%, respectively. MNPD also had the largest AUC. In addition, the three-lead ECG patterns offer greater accuracy because they possess more information.

4. Discussion

Varying electrode placement and different physiological conditions may increase the intra-individual variability that affects the identification performance. Previous researches based on the ECGs measured in different days may cover these two influence factors. In 2007, Wübbeler et al. showed ECGs in different days had different mean heart rates but their waveshapes were similar. The distribution of intra-subject distances was still distinctly separated from the inter-subject distribution. In 2008, Wang et al showed a little spread of the AC-DCT coefficients across two recordings collected a few years apart but were well distinguished among the selected 13 healthy subjects in the PTB database. They both demonstrated a

Table 1
Optimal performance of individual identification based on various methods.

Quantifying index	Lead number	Lag	Sensitivity (%)	Specificity (%)	Accuracy (%)	AUC
MNPD	1	6[a]	98	94	96	0.9908
nSC	1	4[a]	96	93	95	0.9845
MNPM	1	8[a]	98	93	96	0.9770
AC-DCT	1	75[b]	92	97	95	0.9840
MNPD	3		99	99	99	0.9977
nSC	3		99	98	98	0.9940
MNPM	3		99	97	98	0.9953

AUC: area under receiver operating characteristic curve, MNPD: mutual nearest point distance, nSC: normalized spatial correlation, MNPM: mutual nearest point match, AC-DCT: autocorrelation and discrete cosine transform.

[a] Lag: the employed embedding lag that offered the best performance among the trials from 1 (4 ms) to 10 (40 ms).

[b] Lag: the optimal recruitment of autocorrelations (from lags 0 to 75) for discrete cosine transform among the trials up to 200 lags.

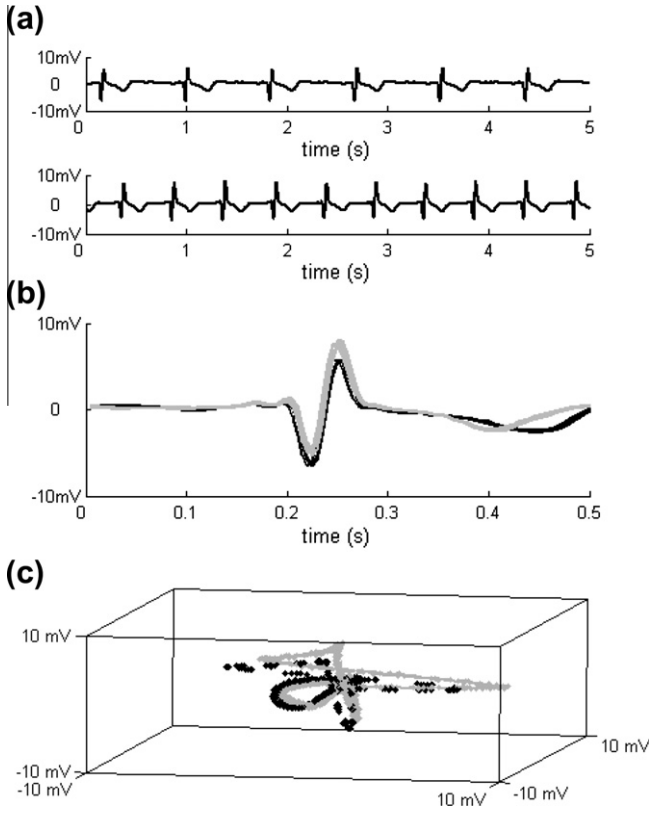


Fig. 6. (a) Two 5-s ECG epochs obtained from a subject at rest with a mean heart rate of 71 beats/min (upper trace) and in tachycardia state (120 beats/min) after stepping on a cycling ergometer (lower trace), respectively. (b) R-peak aligned ECG cycles at rest (black lines) and in tachycardia state (gray lines). (c) Transforming 5-s ECG epochs into three-dimensional phase space trajectories using 24-ms time lag (black dot lines and gray lines for resting state and tachycardia state, respectively).

long-term stability of the ECG biometrics. In this study, a preliminary test for different physiological conditions was performed on a subject who was asked to step on a cycling ergometer until his heart rate exceeded 120 beats/min. Two 5-s ECG epochs were acquired before and after the test. Fig. 6(a) shows the resting ECG (before the test) had a lower mean heart rate (71 beats/min) than the tachycardia ECG after the test. Even heart rate was largely changed during exercise, the QRS complexes during exercise still had similar waveforms as those at rest (Fig. 6(b)). The major difference is that the relative amplitude alteration between QRS complex and *T* wave which causes shifts of some loops in phase space trajectory (Fig. 6(c)). However, this is an extreme case that ventricular depolarization and repolarization are largely altered from rest to exercise. Moreover, noises also produce disturbances in matching ECG morphological patterns. The varying electrode placement as well as the altered physiological condition and noise interference create a new issue in the ECG biometrics and need in-depth researches in the future works.

In addition to different heart rates between the test epoch and the template epoch, the interval between adjacent QRS complexes in an epoch exist a beat-to-beat variation, also named as heart rate variability. Heart period variations as well as different heart rates cause a difficulty to align QRS complexes in the test epoch to the corresponding QRS complexes in the template epoch unless QRS detection is applied. Nevertheless, phase space reconstruction delineates a point-to-lagged-point relationship, the characteristic waves of ECG are mapped to multiple phase-space loops, and those of different cardiac cycles coincide with each other, regardless of unequal heart periods (Fig. 2(e) and (f)).

Rather than computing features from characteristic points, holistic identification methods incorporating whole sequences of ECG data have attracted growing interest in the literature (Shen et al., 2002; Wübbeler et al., 2007; Chan et al., 2008b; Wang et al., 2008; Fang and Chan, 2009). The method proposed in this paper enhances the feasibility of ECG biometric applications, since it does not require QRS detection. When plotted in three dimensions, the periodic ECG signal forms a distinctive trajectory of closely spaced loops. By dividing the phase space into cells larger than the distance between loops, the coarse graining method aggregates redundant points into single loop with the same geometrical pattern.

The coarse-grained structure is useful in two respects: it reduces the impact from less significant baselines between ECG characteristic waves (*P* wave, QRS complex, and *T* wave) by condensing adjacent points in phase space, and it increases the computational efficiency of the comparison.

Compared to the existing QRS detection-free method (AC-DCT, Wang et al., 2008), a phase-space structure comparison based on MNPD performs better for single-lead ECG signals. In the AC-DCT method, an autocorrelation is a sum of point-to-lagged-point products, and is calculated for a specific lag. The intra-wave relationship of each characteristic wave (the *P*, QRS, and *T* waves) is expressed by the autocorrelations with small time lags, because they refer to local structure. The AC-DCT method may suffer from mixing of local-structure information, whereas each characteristic wave has a distinctive trajectory at a specific location in the phase space.

The 5-s ECG epoch can be embedded into two-dimensional or three-dimensional phase space. As shown in Fig. 2(e), three-dimensional phase space trajectory clearly discloses significant ECG characteristic waves by at least two separated loops. Although two-dimensional reconstruction can reduce the complexity of the algorithm, the unfolding of ECG characteristics is restricted on a two-dimensional plane. That is why three-dimensional phase space reconstruction was chosen in this study.

The size of cells determines the resolution of the phase-space structure. It is a tradeoff between preserving structure's details (using a small cell size) and increasing the opportunity of structures' matching (using a large cell size). Since any cell crossed at least once by the trajectory is noted by 1, increasing sampling frequency can produce enough points to form the phase space structure but may also yield redundant points. In fact, the topological pattern of phase space trajectory is highly related to the chosen time lag and is quantified based on the cell partition. That is why we tried different cell partitions and time lags in our dataset.

In the present study, the identification performances of various methods were assessed by AUC. For single-lead ECG biometrics shown in Fig. 5(a), MNPD had larger AUC than nSC and MNPM

(0.9884 ± 0.0040 vs. 0.9801 ± 0.0075, $p < 0.05$; vs. 0.9334 ± 0.0637, $p < 0.05$). When the optimal time delay in each method was used, MNPD also had larger AUC than nSC and MNPM (0.9908 vs. 0.9845 and vs. 0.9770). When three-lead ECGs were used, MNPD still had larger AUC than nSC and MNPM (0.9977 vs. 0.9940 and vs. 0.9953). Whether the MNPD has the best performance in other data sets, we may need to enroll other independent groups. But practically it is a limitation of this study owing to the difficulty in collecting further test samples.

The phase space trajectory of a single-lead ECG depicts the relationship between a point and its near-future values. The phase space trajectory of a three-lead ECG provides richer spatial information. The latter exhibits excellent performance as a means of personal identification, but the single-lead ECG has a great advantage in that it can be measured cheaply and easily. The ECG is a mV-scale electrophysiological potential that exhibits between any two points passing through the heart. The single-lead MNPD method achieves an accuracy of 96% in our 100-subject group, just a little lower than the three-lead MNPD method (99%).

This paper proposed the nSC, MNPD, and MNPM statistics for quantifying the similarity between coarse-grained structures in phase space. For single-lead ECG structures, the MNPD method offered the best performance. The performance of the MNPM method is a little worse, due to the fact that the position vectors of corresponding points may not have a high inner product even they are close together. The inner product depends on both angle and length, so this measure is biased with respect to points far from the origin. The normalized spatial correlation had a little lower accuracy than the MNPD. Nevertheless, the spatial correlation has a major practical advantage: its low computational cost (Fang and Chan, 2009) raises the possibility of implementation by a low-efficiency microcontroller.

Phase space reconstruction does not use absolute time relationships, lending itself to an alignment-free advantage on ECG biometric (Fang and Chan, 2009), ventricular extrasystole recognition (Chan et al., 2010) or neuronal spike classification (Chan et al., 2008b). This study has demonstrated the benefits of QRS detection-free biometry using ECG epochs with multiple cardiac cycles.

An ECG is a robust physical signal capable of serving as a flexible biometric. The phase space trajectory of an ECG can be derived without recourse to QRS detection methods, and the structure of this trajectory is amenable to statistical comparison. The proposed MNPD statistic performs very well, and may enable the creation of practical ECG biometric applications in the near future.

References

Biel, L., Pettersson, O., Philipson, L., Wide, P., 2001. ECG analysis: a new approach in human identification. IEEE Trans. Instrum. Meas. 50, 808–812.

Bui, F.M., Agrafioti, F., Hatzinakos, D., 2009. Electrocardiogram (ECG) biometric for robust identification and secure communication. In: Boulgouris, N.V., Plataniotis, K.N., Micheli-Tzanakou, E. (Eds.), Biometrics: Theory, Methods, and Applications. John Wiley and Sons Inc., Hoboken, New Jersey, pp. 383–428.

Chan, A.D.C., Hamdy, M.M., Badre, A., Badee, V., 2008a. Wavelet distance measure for person identification using electrocardiograms. IEEE Trans. Instrum. Meas. 57, 248–253.

Chan, H.L., Wu, T., Lee, S.T., Fang, S.C., Chao, P.K., Lin, M.A., 2008b. Classification of neuronal spikes over the reconstructed phase space. J. Neurosci. Methods 168, 203–211.

Chan, H.L., Wang, C.L., Fang, S.C., Chao, P.K., Wei, J.D., 2010. Recognition of ventricular extrasystoles over the reconstructed phase space of electrocardiogram. Ann. Biomed. Eng. 38, 813–823.

Fang, S.C., Chan, H.L., 2009. Human identification by quantifying similarity and dissimilarity in electrocardiogram phase space. Pattern Recognition 42, 1824–1831.

Irvine, J.M., Israel, S.A., Scruggs, W.T., Worek, W.J., 2008. EigenPulse: robust human identification from cardiovascular function. Pattern Recognition 41, 3427–3435.

Israel, S.A., Irvine, J.M., Cheng, A., Wiederhold, M.D., Wiederhold, B.K., 2005. ECG to identify individuals. Pattern Recognition 38, 33–142.

Kyoso, M., Uchiyama, A., 2001. Development of an ECG identification system. In: Proc. 23rd Ann. Internat. Conf. on IEEE Engineering in Medicine and Biology Society, pp. 3722–3723.

Palaniappan, R., Krishnan, S.M., 2004. Identifying individuals using ECG beats. In: Internat. Conf. on Signal Processing and Communications, pp. 569–572.

Plataniotis, K.N., Hatzinakos, D., Lee, J.K.M., 2006. ECG biometric recognition without fiducial detection. In: IEEE Biometric Constortium Conf.

Ribaric, S., Fratric, I., 2005. A biometric identification system based on eigenpalm and eigenfinger features. IEEE Trans. Pattern Anal. 27, 1698–1709.

Shen, T.W., 2006. Quartile discriminant measurement (QDM) method for ECG biometric feature selection. In: Proc. Internat. Sympos. on Biomedical Engineering, No.10394.

Shen, T.W., Tompkins, W.J., Hu, Y.H., 2002. One-lead ECG for identity verification. In: Proc. 24th Ann. Internat. Conf. on IEEE Engineering in Medicine and Biology Society, pp. 62–63.

Wang, Y., Agrafioti, F., Hatzinakos, D., Plataniotis, K.N., 2008. Analysis of human electrocardiogram for biometrics recognition. EURASIP J. Adv. Signal Process.. http://dx.doi.org/10.1155/2008/148658.

Wübbeler, G., Stavridis, M., Kreiseler, D., Bousseljot, R.D., Elster, C., 2007. Verification of humans using the electrocardiogram. Pattern Recognition Lett. 28, 1172–1175.