

Block-Term Decomposition Convergence Dynamics as a Biomarker for Atrial Fibrillation

Lucas José Lemos Braz

lucas.jlb19@alu.ufc.br

Universidade Federal do Ceará

Fortaleza, CE, Brazil

C. Alexandre R. Fernandes

alexandrefernandes@ufc.br

Universidade Federal do Ceará

Sobral, CE, Brazil

Resumo

Early and reliable detection of Atrial Fibrillation (AF) from short duration signals remains a significant clinical challenge. In this work, we demonstrate that the temporal dynamics of Block Term Decomposition (BTD) convergence serves as a robust biomarker. Using the vector representation of these parameters in ECG segments of very short duration (only 5 R-R intervals), our Bi-LSTM architecture achieved an F1-Score of 96.33%. This result establishes a new paradigm for AF detection, proving that an analysis focused on the trajectory of the decomposition process dispenses with complex attribute engineering and enables a fast and accurate diagnosis.

Keywords

Atrial Fibrillation, Block-Term Decomposition, Convergence Dynamics, Deep Learning, ECG

1 Introdução

As doenças cardiovasculares estão entre as principais causas de mortalidade no Brasil e continuam apresentando uma tendência alarmante de crescimento [1]. Muitas dessas doenças surgem de irregularidades na condução dos impulsos elétricos do coração, conhecidas como arritmias, que podem aumentar significativamente o risco de Acidente Vascular Cerebral (AVC) e insuficiência cardíaca [2]. Dentre elas, a Fibrilação Atrial (FA) é a mais comum, caracterizada por contrações descoordenadas nos átrios devido à geração anormal de impulsos elétricos. Fatores como envelhecimento populacional e maiores taxas de insuficiência cardíaca estão associados com o aumento de casos de FA [3].

A automação e aprimoramento do diagnóstico de FA são importantes para reduzir a carga de trabalho dos especialistas, acelerar o tempo de resposta de diagnóstico e tratamento e melhorar a acessibilidade em ambientes com recursos limitados. Ademais, prover um diagnóstico precoce também é de extrema importância, uma vez que o tratamento antecipado limita e até impede o avanço da FA [4].

O diagnóstico para FA é geralmente baseado em sintomas como dor no peito e pulso irregular, além de uma análise visual dos sinais de Eletrocardiograma (ECG) por especialistas [2]. Nos últimos anos, métodos computacionais, especialmente técnicas de Aprendizado de Máquina (AM), têm demonstrado grande eficácia na detecção de FA, atuando como uma ferramenta de auxílio à profissionais da saúde, assim acelerando e aumentando a precisão do diagnóstico desta doença [5].

Diversas estratégias computacionais têm sido exploradas. Abordagens baseadas em atributos extraídos dos segmentos de *Intervalo R-R* (IRR), como características temporais e de variabilidade cardíaca, alcançaram bons resultados com algoritmos tradicionais de

AM [6–8]. Mais recentemente, o aprendizado profundo ganhou destaque, com modelos baseados em *Rede Neural Recorrentes* (RNNs) e *Redes Neurais Convolucionais* (CNNs) que aprendem diretamente do sinal de ECG bruto, capturando tanto o ritmo quanto a morfologia das ondas [9–11].

A sofisticação dessas abordagens continua a crescer, com a exploração de arquiteturas multimodais que integram ao ECG dados de variabilidade cardíaca e demográficos [12], ou que aprendem um espaço latente compartilhado entre diferentes tipos de sinais, como ECG e fotopletismografia [13]. Finalmente, uma linha de pesquisa distinta foca na extração e análise direta da Atividade Atrial (AA) [14].

Entre as abordagens computacionais, as decomposições tensoriais vêm ganhando espaço na análise de sinais de ECG [15, 16]. Tais técnicas extraem as fontes de um sinal de ECG, permitindo uma análise mais profunda. Em particular, a decomposição em termos de bloco, ou *Block-Term Decomposition* (BTD), tem mostrado vantagens em relação às decomposições tradicionais, oferecendo unicidade e estabilidade temporal em condições menos restritivas [17].

Indo além da análise das fontes decompostas, a própria dinâmica do processo de convergência da BTD surge como uma fonte promissora de biomarcadores, uma vez que sua trajetória reflete a estrutura matemática do sinal subjacente. Recentemente, o potencial diagnóstico desses parâmetros foi demonstrado por [18], que obteve sucesso na classificação da FA ao utilizar uma representação escalar da convergência da BTD, o estado final da decomposição, em combinação com atributos de variabilidade cardíaca. Contudo, a rica informação sequencial contida em toda a trajetória do processo de convergência permanece como uma fonte de informação ainda inexplorada.

Para investigar esta lacuna, utilizamos um conjunto de dados consolidado a partir de três bases públicas de ECG, extraímos os parâmetros de convergência da BTD de segmentos de curtíssima duração, contendo apenas cinco IRR. A partir destes dados, construímos duas representações de atributos distintas: uma escalar, baseada no estado final da convergência para comparação com o estado da arte, e outra vetorial, capturando toda a dinâmica do processo. O poder discriminativo de ambas as abordagens é avaliado, comparando-se o desempenho de modelos de aprendizado de máquina tradicionais com o de arquiteturas de redes neurais recorrentes, projetadas para explorar dependências temporais.

Assim, nossa hipótese central é que a trajetória temporal dos parâmetros de convergência da Hankel-BTD contém informação sequencial suficiente para distinguir entre FA e Ritmo Sinusal Normal (RSN) com alta acurácia. Para testar esta hipótese, este trabalho teve como objetivos: (1) Avaliar a representação vetorial dos parâmetros de convergência da BTD como atributos para modelos de AM; e (2) Demonstrar que modelos sequenciais, como RNNs, exploram

mais eficientemente essa informação temporal em comparação com modelos estáticos tradicionais.

2 Fundamentação da Extração de Atributos via Hankel-BTD

A análise de sinais de ECG com FA pode ser abordada como um problema de Separação Cega de Fontes, ou *Blind Source Separation* (BSS), no qual se busca isolar a AA da atividade ventricular e de outros ruídos. Para esta tarefa, a BTD surge como uma ferramenta poderosa, pois generaliza as decomposições matriciais para dados multidimensionais (tensores), preservando a unicidade da solução sob condições menos restritivas que métodos tradicionais como PARAFAC/CP [19].

Para aplicar a BTD a um sinal de ECG, é necessário primeiro transformá-lo em um tensor. Este processo, chamado de hankelização, mapeia um segmento de sinal $\mathbf{x} = [x_1, x_2, \dots, x_N]$, de comprimento N , em uma matriz de Hankel $\mathbf{H} \in \mathbb{R}^{L \times N}$, onde as amostras são alinhadas na sua anti-diagonal. Ao empilhar as matrizes de Hankel de múltiplas derivações do ECG, obtém-se um tensor de terceira ordem $\mathcal{H} \in \mathbb{R}^{I \times J \times K}$.

A BTD é então aplicada a este tensor \mathcal{H} , decompondo-o em uma soma de R tensores, ou blocos, de baixo *rank* multilinear $(L_r, L_r, 1)$, conforme a equação:

$$\mathcal{H} \approx \sum_{r=1}^R (\mathbf{A}_r \mathbf{B}_r^T) \circ \mathbf{c}_r, \quad (1)$$

onde os fatores $\mathbf{A}_r \in \mathbb{R}^{I \times L_r}$, $\mathbf{B}_r \in \mathbb{R}^{J \times L_r}$ e $\mathbf{c}_r \in \mathbb{R}^K$ representam as fontes subjacentes do sinal e \circ denota o produto de Kronecker. A decomposição é obtida por algoritmos de otimização iterativos, como o de Mínimos Quadrados Não-Lineares, que minimizam o erro entre o tensor original e sua aproximação.

Conforme demonstrado por [17], a atividade atrial em sinais com FA pode ser modelada como uma soma de exponenciais complexas, como descrito na equação:

$$s_{r,n} = \sum_{l=1}^{L_r} \lambda_{l,r} z_{l,r}^{(n-1)}, \quad (2)$$

no qual r indica a r -ésima fonte atrial estimada, n é o índice de tempo discreto, L_r é o número de termos exponenciais, $z_{l,r}$ é o l -ésimo polo da r -ésima fonte, e $\lambda_{l,r}$ é o coeficiente de escala.

Essa modelagem leva a uma estrutura de Vandermonde nas matrizes de Hankel decompostas:

$$\mathbf{H}_S^{(r)} = \mathbf{V}_r \text{diag}(\lambda_{1,r}, \dots, \lambda_{L_r,r}) \hat{\mathbf{V}}_r^T \in \mathbb{R}^{I \times J}, \quad (3)$$

em que \mathbf{V}_r e $\hat{\mathbf{V}}_r$ são matrizes de Vandermonde.

Assim, sob condições brandas, garante a unicidade da decomposição para os sinais com FA. Por outro lado, para sinais com RSN, que possuem uma morfologia mais complexa e determinística, a unicidade da decomposição Hankel-BTD não é garantida.

Essa diferença fundamental na estrutura matemática dos sinais reflete-se diretamente na eficiência da convergência do algoritmo da BTD: um sinal de FA com solução única converge de forma mais rápida e estável, enquanto um sinal de RSN resulta em uma convergência mais lenta e computacionalmente mais custosa [18]. A hipótese é confirmada visualmente na Figura 1, que mostra a trajetória média do erro do algoritmo para as duas classes. Esta

assinatura de convergência distinta é a base para a extração de nossos atributos. A convergência visivelmente mais rápida e estável para os sinais de FA fundamenta a hipótese de que a dinâmica do processo é um biomarcador distintivo.

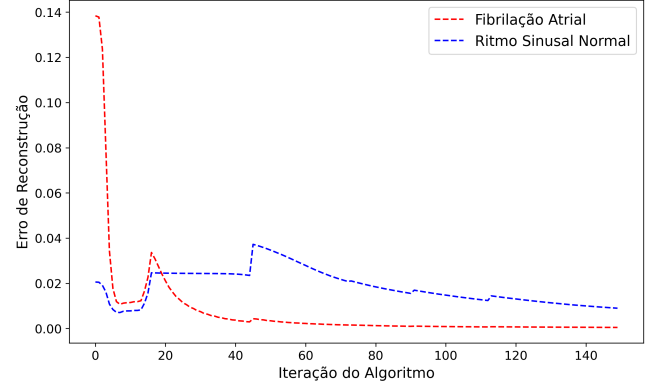


Figura 1: Erro de reconstrução médio do algoritmo durante o processo de convergência da BTD para sinais FA e RSN

3 Metodologia

Para testar a hipótese de que a trajetória de convergência da BTD contém informação diagnóstica, desenvolvemos um protocolo metodológico que se baseou: (1) no uso de três bases de dados públicas e amplamente reconhecidas, (2) na extração dos parâmetros de convergência da BTD a partir de segmentos de ECG de curtíssima duração, e (3) na avaliação comparativa de modelos de aprendizado de máquina estáticos e sequenciais para determinar a forma mais eficaz de explorar essa informação.

3.1 Base de dados

Três bases de dados conhecidas contendo sinais de FA e RSN foram utilizadas. Para compor os sinais de FA foi utilizada a base MIT-BHI *Atrial Fibrillation Database* (AFDB) e MIT-BIH *Long-term Atrial Fibrillation Database* (LTAfDB) [20]. Estas bases foram escolhidas por serem amplamente utilizadas em pesquisas envolvendo arritmias [21]. Cada gravação possui anotações sobre seus meta-dados, contendo informações sobre a taxa de amostragem, derivações e anotações clínicas, como a presença de batimentos cardíacos e a marcação de todo o complexo QRS. As condições cardíacas associadas a cada instante na gravação também são documentadas.

A base MIT-BHI AFDB é composta por 25 gravações de ECG com duas derivações de humanos com FA paroxística. Entre elas, duas gravações não possuem anotações dos batimentos e, por isso, devem ser excluídas da base. Cada gravação individual tem 10 horas de duração, com uma taxa de amostragem de 250 Hz, resolução de 12 bits e amplitude de ± 10 mV. A base MIT-BIH LTAfDB contém 84 gravações, com duas derivações, de indivíduos com FA paroxística e persistente. Cada gravação é composta por duas derivações, com duração variando entre 24 e 25 horas e uma taxa de amostragem de 128 Hz, resolução de 12 bits e amplitude de ± 20 mV.

Finalmente, a base MIT-BIH *Normal Sinus Rhythm Database* (NSRDB) [20], é composta por 18 gravações de pacientes com RSN,

isto é, pessoas sem doenças cardíacas. As gravações têm duração variando entre 20 e 24 horas e possuem taxa de amostragem de 128 Hz.

3.2 Pré-processamento

Inicialmente, utilizando as anotações dos sinais de ECG disponibilizados pelos autores das bases, foram extraídos os IRRs para serem utilizados como amostras. Nominalmente, utilizou-se um segmento de sinal de 5 IRRs, valor que demonstra um bom compromisso entre desempenho e custo computacional [18]. Na base MIT-BHI AFDB, foram extraídos apenas os segmentos positivos (FA), descartando-se os trechos marcados como RSN. Para MIT-BHI LTAADB e NSRDB, foram extraídos os trechos contendo somente FA e RSN, respectivamente.

Em seguida, os sinais brutos de ECG, foram filtrados utilizando um filtro Chebyshev passa-banda tipo II, com corte inferior de 0,35 Hz e superior de 60 Hz para suprimir ruídos da flutuação da linha de base e de alta frequência [22]. Os segmentos foram salvos para na próxima etapa ser possível extrair os parâmetros de convergência da BTM. Realizando esta divisão, a base tem a distribuição apresentada na Tabela 1.

Tabela 1: Distribuição de segmentos (amostras) das bases de dados

Base	Qtd. Segmentos (FA)	Qtd. Segmentos (RSN)	
AFDB	101491	-	
NSRDB	-	361348	
LTAADB	618183	-	
Total:	719674 (66%)	361348 (33%)	1081022

3.3 Extração de atributos utilizando Hankel-BTD

O procedimento da Hankel-BTD foi realizado utilizando o método dos Mínimos Quadrados Não-Linear. A decomposição, utilizou como parâmetros um vetor R de tamanho 5, o rank multilinear L_r , como 17 e o número de iterações limitado a 1000, que apresenta um bom desempenho na separação das fontes.

Ao realizar a decomposição, é possível capturar alguns atributos relevantes como **iter**, sendo o número necessário de iterações até a convergência, além dos vetores, contendo os seguintes parâmetros:

- **fval**: Erro de reconstrução em cada iteração;
- **delta**: O raio da região de confiança em cada iteração;
- **relfval**: A diferença no valor da função objetivo entre duas iterações sucessivas, em relação ao seu valor inicial;
- **rho**: A confiabilidade em cada tentativa de iteração;
- **relstep**: O tamanho do passo em relação à norma da iteração atual em cada iteração;

Além disso, pode-se criar um atributo adicional utilizando as matrizes fator correspondentes à decomposição para construir um tensor estimado e calcular o erro relativo entre o tensor original e o modelo BTM estimado, chamado de *relerr*. O processo de decomposição e construção dos atributos para cada um dos trechos de IRR foi cronometrado; para isso, foi utilizado um computador com Ryzen 5700x, 32GB de RAM no sistema operacional Ubuntu 22.04.

3.3.1 Seleção de Atributos. Ademais, para avaliar quantitativamente o quanto de informação cada um dos atributos carrega, utilizou-se o algoritmo *Extreme Gradient Boosting* (XGBoost), para determinar a importância de cada atributo. O processo foi realizado unindo todas as bases, juntamente de uma validação cruzada com 10 dobras. A análise indicou que, respectivamente, o erro relativo (*relerr*) e o número de iterações foram os mais informativos, em seguida temos os atributos vetoriais onde *fval* e *delta* possuíam a maior capacidade discriminativa, sendo, portanto, selecionados para as etapas subsequentes de modelagem.

Assim, considerando os resultados a partir da análise dos atributos, foram criados vetores limitados a um tamanho de 150 iterações ou pontos. Esse valor foi definido com base no número médio de iterações por classe (129,56 para RSN e 59,58 para FA), buscando preservar o máximo de informações possíveis. Este valor de 150 pontos foi escolhido como um compromisso entre preservar a maior parte da dinâmica de convergência (cobrir a maioria das iterações para FA e RSN) e manter uma dimensionalidade computacionalmente tratável para os modelos sequenciais, evitando o custo excessivo de processar sequências muito longas.

Para avaliar a hipótese de que a dinâmica temporal da convergência contém informação diagnóstica superior, definimos dois conjuntos de atributos distintos para comparação. O primeiro, servindo como referência, replica a abordagem escalar proposta por [18], utilizando um vetor com os valores finais de todos os parâmetros de convergência da BTM. O segundo, que representa nossa abordagem vetorial proposta, consiste em dois vetores de 150 elementos cada, capturando a trajetória de convergência dos atributos mais informativos, *fval* e *delta*. Para a construção destes vetores, segmentos com menos de 150 iterações foram preenchidos com zeros (zero-padding), enquanto aqueles com mais de 150 foram truncados.

3.4 Randomização e divisão treino, validação e teste

Finalmente, com os indicadores coletados para cada segmento de ECG e suas respectivas classes, pode-se embaralhar as amostras para evitar qualquer viés do modelo. Em seguida, realizou-se uma divisão estratificada, preservando o balanço de classes original, da base de dados entre treino e teste, nas proporções 80% e 20%, respectivamente. Inicialmente, para os modelos tradicionais, um teste geral foi realizado com a divisão 80%-20%. Em seguida, para o conjunto de atributos com melhor desempenho, os melhores modelos foram selecionados e submetidos a um ajuste dos parâmetros utilizando uma validação cruzada com 10 dobras na base de treino. Por fim, os hiperparâmetros ajustados foram avaliados na base de teste.

Para os modelos baseados em RNNs, partiu-se da divisão treino-teste inicial, onde a base de treino foi subdividida em 80% para treino e 20% para validação, resultando em uma divisão final de 64% treino, 16% validação e 20% teste.

3.4.1 Arquitetura das RNNs. Dado que os atributos possuem dependência temporal, isto é, os valores de cada iteração variam em relação às iterações anteriores, optou-se pelo uso de RNNs. As arquiteturas específicas utilizadas, baseadas em *Long Short-Term Memory* (LSTM) e *Gated Recurrent Unit* (GRU), são apresentadas na Figura 2. Esta arquitetura foi encontrada mediante experimentos e ajuste

dos parâmetros, visando encontrar um equilíbrio entre arquiteturas propostas e o custo computacional associado ao treinamento e teste [10].

A arquitetura que apresentou o melhor desempenho consiste em: um vetor de entrada, uma camada bidirecional de LSTM ou GRU com 64 neurônios, uma camada de *Dropout* com magnitude de 0,3, que desativa aleatoriamente 30% dos neurônios para reduzir o *overfitting*; duas camadas densamente conectadas, com 64 e 32 unidades, respectivamente. Por fim, uma camada de saída com um único neurônio, utilizando a função de ativação *sigmoid* para realizar a predição.

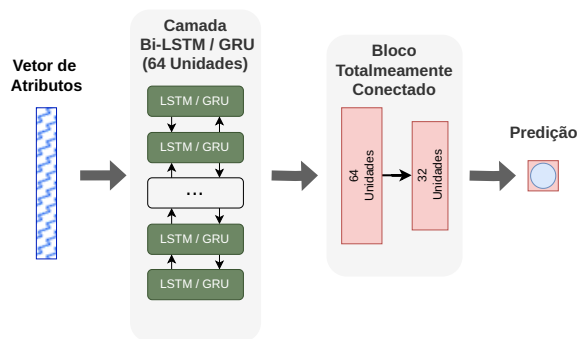


Figura 2: Arquitetura utilizada para o modelo LSTM e GRU

Para alguns dos vetores de atributos, pensou-se necessário utilizar um bloco *Bidirectional LSTM* (BI-LSTM) para cada vetor de entrada, uma vez que os vetores possuem estruturas diferentes e utilizar um bloco para cada pode extrair mais informação. A estrutura seguiu o mesmo princípio da arquitetura anterior, mas com as saídas de cada camada BI-LSTM concatenadas e conectadas ao bloco densamente conectado, como ilustrado na Figura 3.

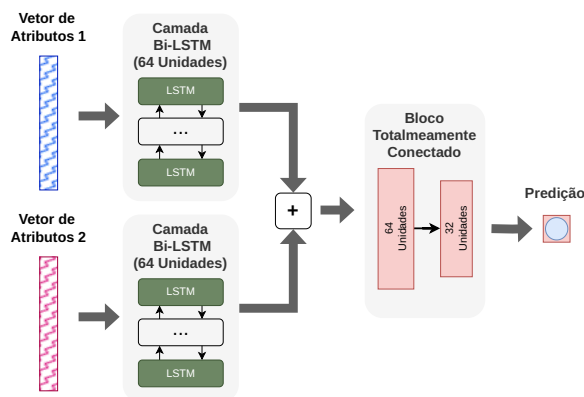


Figura 3: Arquitetura utilizada para o modelo BI-LSTM

Em todos os modelos de RNN desenvolvidos neste trabalho, foi utilizado o otimizador *Adam* com taxa de aprendizado inicial de 0,001 e a função de perda de entropia binária cruzada. Além disso,

definiu-se um máximo de 100 épocas, com lotes de 128 amostras por iteração. Para monitorar o treinamento, foi implementada uma função de ajuste programado da taxa de aprendizado. Caso a perda de validação permanecesse estável por 3 épocas consecutivas, a taxa de aprendizado era reduzida para 20% do valor atual. Também foi utilizada uma função de parada antecipada, ativada quando a perda não apresentava melhora por 5 épocas consecutivas. O modelo, então, era restaurado para a época com menor perda registrada.

4 Resultados

Para avaliar a eficácia dos atributos da BTM na classificação de FA, este estudo foi conduzido em duas etapas lógicas. Primeiramente, investigou-se o potencial dos atributos representados como valores escalares. Em seguida, explorou-se a abordagem vetorial, que constitui a principal hipótese deste trabalho, para verificar se a dinâmica temporal dos atributos contém informação adicional relevante para a classificação.

4.1 Desempenho dos Atributos Escalares da BTM

Nesta primeira análise, os parâmetros de convergência da BTM foram tratados como valores escalares únicos, representando o estado final do processo de decomposição. Foram treinados e avaliados diversos modelos de AM, desde os tradicionais até redes neurais profundas. A Tabela 2 apresenta o desempenho destes modelos em termos de Acurácia (ACC), Precisão (PRE), Sensibilidade (SE) e F1-Score.

Observa-se que múltiplos modelos alcançaram alto desempenho, com destaque para o XGBoost, que obteve o melhor desempenho geral com um F1-Score de 95,18%. Os modelos baseados em RNNs (GRU e BI-LSTM) também apresentaram resultados competitivos, muito próximos ao do XGBoost.

Tabela 2: Resultados de classificação utilizando os indicadores da BTM como valores escalares

Modelo	ACC(%)	PRE(%)	SE(%)	F1-Score(%)
XGBoost	93,60	95,27	95,10	95,18
GRU	93,33	95,35	94,60	94,97
BI-LSTM	93,28	95,21	94,65	94,93
Random Forest	93,15	94,82	94,90	94,86
Extra Trees	92,68	93,96	95,12	94,54
LightGBM	92,73	94,27	94,84	94,55
Gradient Boosting	89,33	91,35	92,76	92,05
KNN	85,74	89,23	89,36	89,30
Logistic Regression	78,29	80,72	88,53	84,44
Nayve Bayes	76,94	81,14	85,16	83,10

4.2 Desempenho dos Atributos Vetoriais da BTM

A principal hipótese deste trabalho é que a trajetória da convergência da BTM, representada como um vetor, contém informação temporal valiosa que pode ser explorada por modelos sequenciais. Para testar esta hipótese, foram conduzidos experimentos utilizando os vetores dos atributos *fval* e *delta*, que foram previamente identificados como os mais informativos.

A Tabela 3 apresenta os resultados da classificação utilizando a combinação dos vetores $fval$ e $delta$. O destaque desta análise é o modelo BI-LSTM com duas entradas, que processa cada vetor de forma independente antes de combinar a informação para a classificação final.

O modelo BI-LSTM de duas entradas alcançou um F1-Score de 96,33%, o melhor desempenho entre todas as abordagens testadas. É notável que todos os modelos, incluindo os tradicionais como o XGBoost, apresentaram uma melhora no desempenho ou o mantiveram ao utilizar os atributos vetoriais, reforçando a riqueza de informação contida nesta representação. A superioridade do BI-LSTM sobre os demais modelos, no entanto, sugere que sua capacidade de capturar dependências temporais é um fator crucial para extrair o máximo potencial dos atributos vetoriais.

Tabela 3: Resultados usando os vetores dos indicadores $fval$ e $delta$ da BTd, ordenados por F1-Score.

Modelo	ACC(%)	PRE(%)	SE(%)	F1-Score(%)
Bi-LSTM - 2 Entradas	95,13	96,62	96,04	96,33
GRU - 1 Entrada	94,59	96,37	95,46	95,91
Bi-LSTM - 1 Entrada	94,00	96,07	94,87	95,47
XGBoost	93,66	95,43	95,03	95,23
Random Forest	92,82	94,57	94,65	94,61
Extra Trees	91,10	92,72	94,01	93,36
LightGBM	91,91	93,92	93,93	93,93
KNN	90,85	93,83	92,32	93,07
Logistic Regression	81,37	81,97	92,32	86,83
Nayve Bayes	81,23	85,23	86,84	86,03

5 Conclusão

Os resultados deste estudo demonstram que a representação vetorial dos atributos de convergência da BTd é uma fonte de informação robusta e suficiente para a classificação de alta precisão da FA. A abordagem proposta, que combina os vetores dos atributos $fval$ e $delta$ com uma arquitetura BI-LSTM de duas entradas, alcança um F1-Score de 96,33%, o melhor desempenho dentre todos os modelos e configurações avaliadas. Este achado estabelece um novo paradigma para a utilização da BTd, focando na dinâmica do processo de convergência em vez de apenas em seus resultados escalares.

A importância de capturar a estrutura temporal da informação contida nos vetores de atributos é um dos achados centrais. O desempenho superior do modelo BI-LSTM em relação ao XGBoost, mesmo quando ambos utilizam os mesmos vetores de entrada, evidencia que a trajetória de convergência possui dependências sequenciais que são cruciais para a tarefa de classificação. Modelos estáticos, ainda que poderosos como o XGBoost, não são capazes de explorar eficientemente esta dimensão da informação, o que reforça a adequação das redes neurais recorrentes para este tipo de problema.

Adicionalmente, a análise reforça que a riqueza da informação reside na representação vetorial completa. A comparação com os modelos alimentados apenas com atributos escalares da BTd (Tabela 2) demonstra que, embora estes valores finais de convergência possam poder discriminativo, o desempenho é consistentemente inferior ao obtido com os vetores. Isso sugere que a dinâmica do processo de decomposição, e não apenas seu valor final, contém a

informação mais relevante para distinguir entre um sinal de FA e um de RSN.

Ao posicionar estes achados no contexto da literatura (Tabela 4), a abordagem proposta se mostra altamente competitiva. A capacidade de alcançar alto desempenho utilizando apenas 5 IRRs é um diferencial marcante, pois viabiliza a detecção de FA quase instantaneamente e a partir de um volume mínimo de dados. Esta característica é particularmente relevante para aplicações em dispositivos vestíveis, onde a aquisição de sinal pode ser intermitente, e em sistemas de triagem clínica rápida, que podem fornecer um diagnóstico preliminar sem a necessidade de longos registros de Holter.

Conclui-se, portanto, que a exploração da dinâmica vetorial da convergência da BTd, aliada a arquiteturas de redes neurais recorrentes, representa uma abordagem inovadora, eficiente e de alto desempenho para a classificação da FA. Este trabalho contribui para a literatura ao apresentar um método que dispensa a complexa engenharia de atributos e, fundamentalmente, demonstra a viabilidade de um diagnóstico preciso e oportuno a partir de sinais de ECG de curtíssima duração.

Referências

- [1] Oscar Maurício Oliveira Puentes, Aedna Canuto De Sousa Rolim, Antônio Marcos Vinícius Macêdo, Lorena Magalhães De Macedo, João Heitor Basílio De Medeiros, Laudionor Macedo Cruz Neto, and Pedro Walisson Gomes Feitosa. Análise Epidemiológica de Mortalidade por Doença Cardiovascular no Brasil. *ID on line. Revista de psicologia*, 17(65):469–479, February 2023. ISSN 1981-1179. doi: 10.14295/online.v17i65.3639. URL <https://online.emnuvens.com.br/id/article/view/3639>.
- [2] L. P. Magalhães, M. J. O. Figueiredo, F. D. Cintra, and E. B. Saad. II Diretrizes Brasileiras de Fibrilação Atrial. *Arq. Bras. Cardiol.*, 106(4):1–22, April 2016. ISSN 0066-782X, 1678-4170. doi: 10.5935/abc.20160055. URL <https://www.scielo.br/j/abc/a/QhSz5Wks4Yq7vJDknvCXwCR/?lang=pt>. Sociedade Brasileira de Cardiologia (SBC).
- [3] Joseph Ac Delaney, Xiaoyan Yin, João Daniel Fontes, Erin R Wallace, Asheley Skinner, Na Wang, Bradley G Hammill, Emelia J Benjamin, Lesley H Curtis, and Susan R Heckbert. Hospital and clinical care costs associated with atrial fibrillation for Medicare beneficiaries in the Cardiovascular Health Study and the Framingham Heart Study. *SAGE Open Medicine*, 6:205031211875944, January 2018. ISSN 2050-3121, 2050-3121. doi: 10.1177/2050312118759444.
- [4] S. Nattel, E. Guasch, I. Savelieva, F. G. Cosio, I. Valverde, J. L. Halperin, J. M. Conroy, S. M. Al-Khatib, P. L. Hess, P. Kirchhof, J. De Bono, G. Y. H. Lip, A. Banerjee, J. Ruskin, D. Blendea, and A. J. Camm. Early management of atrial fibrillation to prevent cardiovascular complications. *Eur. Heart J.*, 35(22):1448–1456, June 2014. ISSN 0195-668X, 1522-9645. doi: 10.1093/eurheartj/ehu028.
- [5] Oliver Faust, Edward J. Ciaccio, and U. Rajendra Acharya. A Review of Atrial Fibrillation Detection Methods as a Service. *Int. J. Environ. Res. Public Health*, 17(9):3093, April 2020. ISSN 1660-4601. doi: 10.3390/ijerph17093093. URL <https://www.mdpi.com/1660-4601/17/9/3093>.
- [6] Masud Shah Jahan, Marjan Mansourvar, Sadasivan Puthusserypaday, Uffe Kock Wiil, and Abdolrahman Peimankar. Short-term atrial fibrillation detection using electrocardiograms: A comparison of machine learning approaches. *Int. J. Med. Inf.*, 163:104790, July 2022. ISSN 1386-5056. doi: 10.1016/j.ijmedinf.2022.104790. URL <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1386505622001046>.
- [7] Robert Czabanski, Krzysztof Horoba, Janusz Wrobel, Adam Matonia, Radek Martinek, Tomasz Kupka, Michal Jezewski, Radana Kahankova, Janusz Jezewski, and Jacek Leski. Detection of Atrial Fibrillation Episodes in Long-Term Heart Rhythm Signals Using a Support Vector Machine. *Sensors-basel*, 20(3):765, January 2020. ISSN 1424-8220. doi: 10.3390/s20037065. URL <https://www.mdpi.com/1424-8220/20/3/765>.
- [8] Junbo Duan, Qing Wang, Bo Zhang, Chen Liu, Chenrui Li, and Lei Wang. Accurate detection of atrial fibrillation events with R-R intervals from ECG signals. *PLOS ONE*, 17(8):e0271596, August 2022. ISSN 1932-6203. doi: 10.1371/journal.pone.0271596. Publisher: Public Library of Science.
- [9] Rasmus S. Andersen, Abdolrahman Peimankar, and Sadasivan Puthusserypaday. A deep learning approach for real-time detection of atrial fibrillation. *Expert Syst. Appl.*, 115:465–473, January 2019. ISSN 0957-4174. doi: 10.1016/j.eswa.2018.08.011. URL <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0957417418305190>.

Tabela 4: Comparativo dos resultados com trabalhos relevantes da literatura.

Autor	Atributo	Modelo	Bases de Dados	Janela	ACC(%)	PRE(%)	SEN(%)
[9]	ECG (Onda original)	CNN+LSTM	AFDB, MITDB, NSRDB	30 IRRs	87,40	45,45	86,04
[7]	Variabilidade Cardíaca	SVM	AFDB	20 IRRs	98,60	—	98,90
[14]	IRR e AA	Random Forest	AFDB	29 IRRs	95,90	97,36*	96,10
[6]	IRR (Domínio do Tempo)	AdaBoost	AFDB, LTAfDB, NSRDB, MITDB	19 IRRs	83,46*	90,85	87,58
[8]	Histograma do IRR	SVM	AFDB, LTAfDB, NSRDB	29 IRRs	96,97	95,24	99,94
[10]	ECG (Onda) e PPG	CNN+BI-LSTM	MIMIC PERform	—	95,00	88,00	85,00
[11]	ECG (Onda original)	RawECGNet	UVAf, RBDB, SHDB	30 s	—	—	92,00
[12]	ECG, HRV, Demográficos	AlexNet/VGG-16	CPSC, PTB-XL, Georgia	10 s	—	46,39	92,25
[18]	BTD e Histograma do IRR	LightGBM	AFDB, LTAfDB, NSRDB	5 IRRs	97,04	97,02	97,44
Presente Trabalho	Vetor da BTD	BI-LSTM	AFDB, LTAfDB, NSRDB	5 IRRs	95,13	96,62	96,04

- [10] Bader Aldughayfiq, Farzeen Ashfaq, N. Z. Jhanjhi, and Mamoona Humayun. A Deep Learning Approach for Atrial Fibrillation Classification Using Multi-Feature Time Series Data from ECG and PPG. *Diagnostics*, 13(14):2442, January 2023. ISSN 2075-4418. doi: 10.3390/diagnostics13142442. URL <https://www.mdpi.com/2075-4418/13/14/2442>. Number: 14 Publisher: Multidisciplinary Digital Publishing Institute.
- [11] Noam Ben-Moshe, Kenta Tsutsui, Shany Biton Brimer, Eran Zvuloni, Leif Sörnmo, and Joachim A. Behar. Rawecgnet: Deep learning generalization for atrial fibrillation detection from the raw ecg. *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*, 28(9):5180–5188, 2024. doi: 10.1109/JBHI.2024.3404877.
- [12] Araz Rawshani, Aidin Rawshani, Gustav Smith, Jan Boren, Deepak L Bhatt, Mats Börjesson, Johan Engdahl, Peter Kelly, Antros Louca, Truls Ramunddal, Erik Andersson, Elmir Omerovic, Zacharias Mandalenakis, and Vibha Gupta. Integrating deep learning with ECG, heart rate variability and demographic data for improved detection of atrial fibrillation. *Open Heart*, 12(1):e003185, January 2025. ISSN 2053-3624. doi: 10.1136/openhrt-2025-003185. URL <https://openheart.bmj.com/lookup/doi/10.1136/openhrt-2025-003185>.
- [13] Zhicheng Guo, Cheng Ding, Duc Do, Amit Shah, Randall J. Lee, Xiao Hu, and Cynthia Rudin. Improving Atrial Fibrillation Detection Using a Shared Latent Space for ECG and PPG Signals. *Harvard Data Science Review*, 7(1), January 2025. doi: 10.1162/99608f92.9e63a630. URL <https://hdsr.mitpress.mit.edu/pub/vifgdv1v>.
- [14] Gerald Hirsch, Søren H. Jensen, Erik S. Poulsen, and Sadasivan Puthusserypady. Atrial fibrillation detection using heart rate variability and atrial activity: A hybrid approach. *Expert Syst. Appl.*, 169:114452, May 2021. ISSN 0957-4174. doi: 10.1016/j.eswa.2020.114452. URL <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0957417420311064>.
- [15] Pedro Marinho R. de Oliveira and Vicente Zarzoso. Temporal Stability of Block Term Decomposition in Noninvasive Atrial Fibrillation Analysis. In *2018 52nd Asilomar Conference on Signals, Systems, and Computers*, pages 816–820. IEEE, October 2018. doi: 10.1109/ACSSC.2018.8645164. URL <https://ieeexplore.ieee.org/document/8645164>. ISSN: 2576-2303.
- [16] Pedro Marinho R. De Oliveira, Vicente Zarzoso, and Carlos Alexandre R. Fernandes. Coupled Tensor Model of Atrial Fibrillation ECG. In *2020 28th European Signal Processing Conference (EUSIPCO)*, pages 915–919, Amsterdam, Netherlands, January 2021. IEEE. ISBN 978-90-827970-5-3. doi: 10.23919/Eusipco47968.2020.9287494. URL <https://ieeexplore.ieee.org/document/9287494/>.
- [17] Vicente Zarzoso. Parameter estimation in block term decomposition for noninvasive atrial fibrillation analysis. In *2017 IEEE 7th International Workshop on Computational Advances in Multi-Sensor Adaptive Processing (CAMSAP)*, pages 1–5. IEEE, December 2017. doi: 10.1109/CAMSAP.2017.8313173. URL <https://ieeexplore.ieee.org/document/8313173>.
- [18] Renan Henrique Cardoso, Carlos Alexandre Rolim Fernandes, and Pedro Marinho Ramos de Oliveira. Detection of atrial fibrillation from ecg using btd tensor decomposition. *Journal of Communication and Information Systems*, 40(1):20–30, May 2025. doi: 10.14209/jcis.2025.3. URL <https://jcis.sbrt.org.br/jcis/article/view/900>.
- [19] Lieven De Lathauwer. Decompositions of a Higher-Order Tensor in Block Terms—Part II: Definitions and Uniqueness. *SIAM J. Matrix Anal. Appl.*, 30(3): 1033–1066, January 2008. ISSN 0895-4798, 1095-7162. doi: 10.1137/070690729.
- [20] Ary L Goldberger, Luis AN Amaral, Leon Glass, Jeffrey M Hausdorff, Plamen Ch Ivanov, Roger G Mark, Joseph E Mietus, George B Moody, Chung-Kang Peng, and H Eugene Stanley. Physiobank, physiotoolkit, and physionet: components of a new research resource for complex physiologic signals. *circulation*, 101(23): e215–e220, 2000.
- [21] Ali Rizwan, Ahmed Zoha, Ismail Ben Mabrouk, Hani M. Sabbour, Ameena Saad Al-Sumaiti, Akram Alomaiy, Muhammad Ali Imran, and Qammer H. Abbasi. A Review on the State of the Art in Atrial Fibrillation Detection Enabled by Machine Learning. *IEEE Rev. Biomed. Eng.*, 14:219–239, 2021. ISSN 1937-3333, 1941-1189. doi: 10.1109/RBME.2020.2976507. URL <https://ieeexplore.ieee.org/document/9016113/>.
- [22] Leif Sörnmo and Pablo Laguna. Electrocardiogram (ECG) Signal Processing. In *Wiley Encyclopedia of Biomedical Engineering*. John Wiley & Sons, Ltd, 2006. ISBN 978-0-471-74036-0. doi: 10.1002/9780471740360.ebs1482. URL <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/pdf/10.1002/9780471740360.ebs1482>. _eprint.