

Proyecto 2: Análisis de señales ECG

Luisa F. Enciso¹ y Jader S. Chingal¹.

¹Universidad De Antioquia Facultad De Ingeniería, Bioingeniería, Bioseñales

luisa.enciso@udea.edu.co
jstalyn.chingal@udea.edu.co

I. CONTEXTUALIZACIÓN

A. Prediction of atrial fibrillation from at-home single-lead ECG signals without arrhythmias.

Para este estudio se utilizan señales de ECG (459.889) de una sola derivación, recogidas mediante parches ambulatorios que monitorearon a los pacientes durante hasta 14 días. Estas señales no presentaban episodios de FA, pero el objetivo era predecir el riesgo de que ocurriera en un plazo de dos semanas.

Primero, las señales de ECG fueron segmentadas en intervalos de entre 10 minutos y 24 horas. Luego se realizó una limpieza y normalización de los datos para

asegurar su calidad. A partir de estas señales, se extrajeron diferentes tipos de características: demográficas (edad y género), variabilidad del ritmo cardíaco (HRV) y latidos ectópicos como contracciones auriculares prematuras (PAC) y ventriculares (PVC). Además, se implementó un modelo de red neuronal profunda (DL Only model) para analizar automáticamente la morfología de las señales de ECG, capturando patrones relevantes permitiendo una presentación más detallada y precisa de los datos.

A partir de estas características, se entrenaron varios modelos de predicción, combinando diferentes conjuntos de datos. El modelo más avanzado (All Features model) incluyó todas las características disponibles, tanto las manuales como las extraídas por el aprendizaje profundo.

Prediction of atrial fibrillation from at-home single-lead ECG signals without arrhythmias

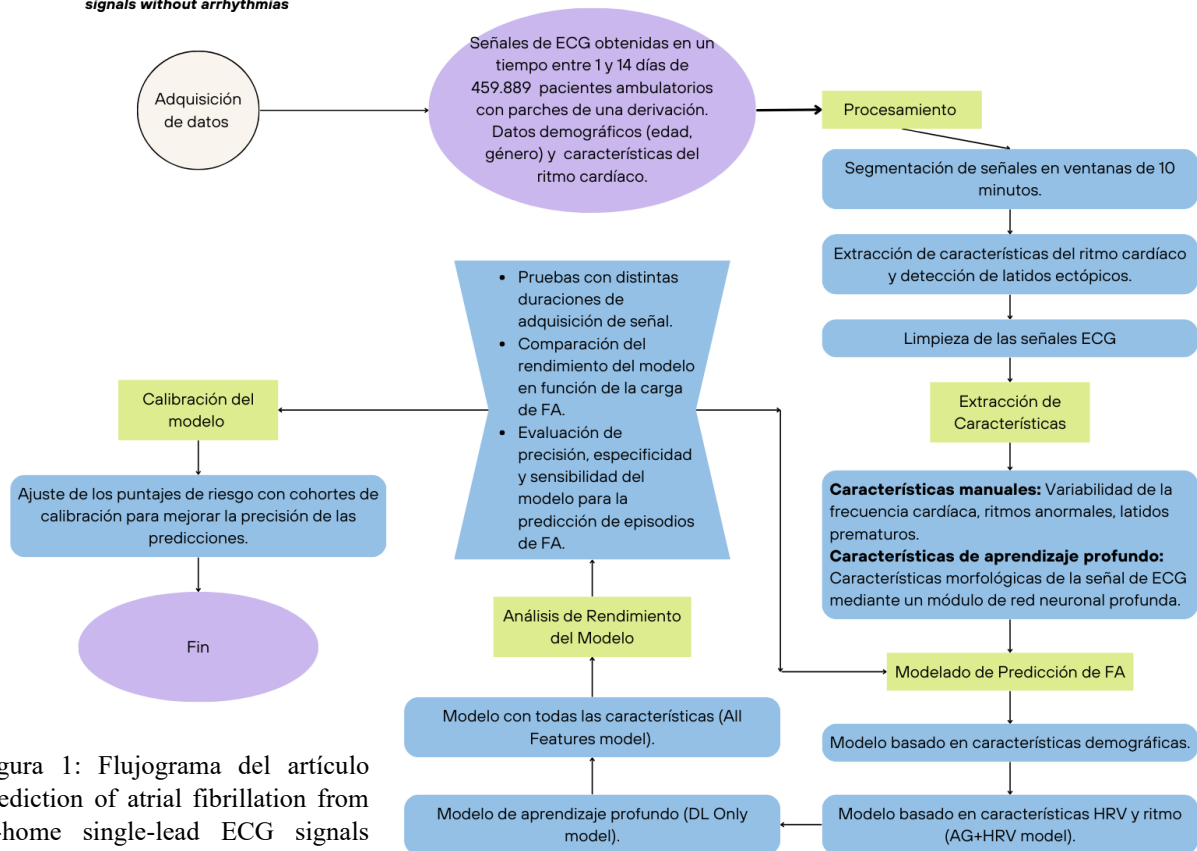


Figura 1: Flujograma del artículo Prediction of atrial fibrillation from at-home single-lead ECG signals without arrhythmias.

Este modelo demostró ser el más preciso, alcanzando un área bajo la curva (AUC) de 0.80, mejorando significativamente en comparación con modelos que solo consideraban características demográficas o HRV.

Para mejorar la interpretación de los resultados, se ajustó el modelo utilizando una cohorte de calibración. Así, el modelo fue capaz de predecir con alta precisión el riesgo de FA, lo que puede ayudar a identificar a los pacientes que necesitan monitoreo prolongado o intervención temprana.

B. Optimal Multi-Stage Arrhythmia Classification Approach.

En el artículo se desarrolló un enfoque multi-etapas para la clasificación de arritmias basado en señales de ECG de 12 derivaciones. Esta metodología incluyó varios pasos clave:

Primero, se aplicaron técnicas de reducción de ruido utilizando un filtro pasa bajo de Butterworth para eliminar ruido de alta frecuencia, seguido del método Robust LOESS para corregir el desplazamiento de la línea base y, finalmente, el método Non Local Means (NLM) para reducir el ruido residual.

Después, se procedió a la extracción de características. Estas se basaron en la medición de la magnitud, la duración y las relaciones entre los picos y valles de las ondas P, QRS y T del ECG. Esto produjo hasta 39,830 características diferentes. Estas características fueron utilizadas en combinación con métodos de clasificación avanzados como Decision Trees (Árboles de Decisión), K-Nearest Neighbors (KNN) y Gradient Boosting Trees (GBT) entre otros.

Para la clasificación, se entrenaron varios modelos de aprendizaje automático, como los árboles de decisión, K-Nearest Neighbors (KNN), Random Forest y, finalmente, los modelos de boosting de árboles de gradiente (GBT) y extreme gradient boosting trees (EGBT). Se realizó una búsqueda exhaustiva de los hiperparámetros óptimos para maximizar la precisión.

El modelo final alcanzó niveles de precisión comparables a los de los cardiólogos, logrando un puntaje F1 de 0.992 en pruebas con datos externos, mostrando su eficacia en la clasificación automática de arritmias en señales de ECG.

Optimal Multi-Stage Arrhythmia Classification Approach

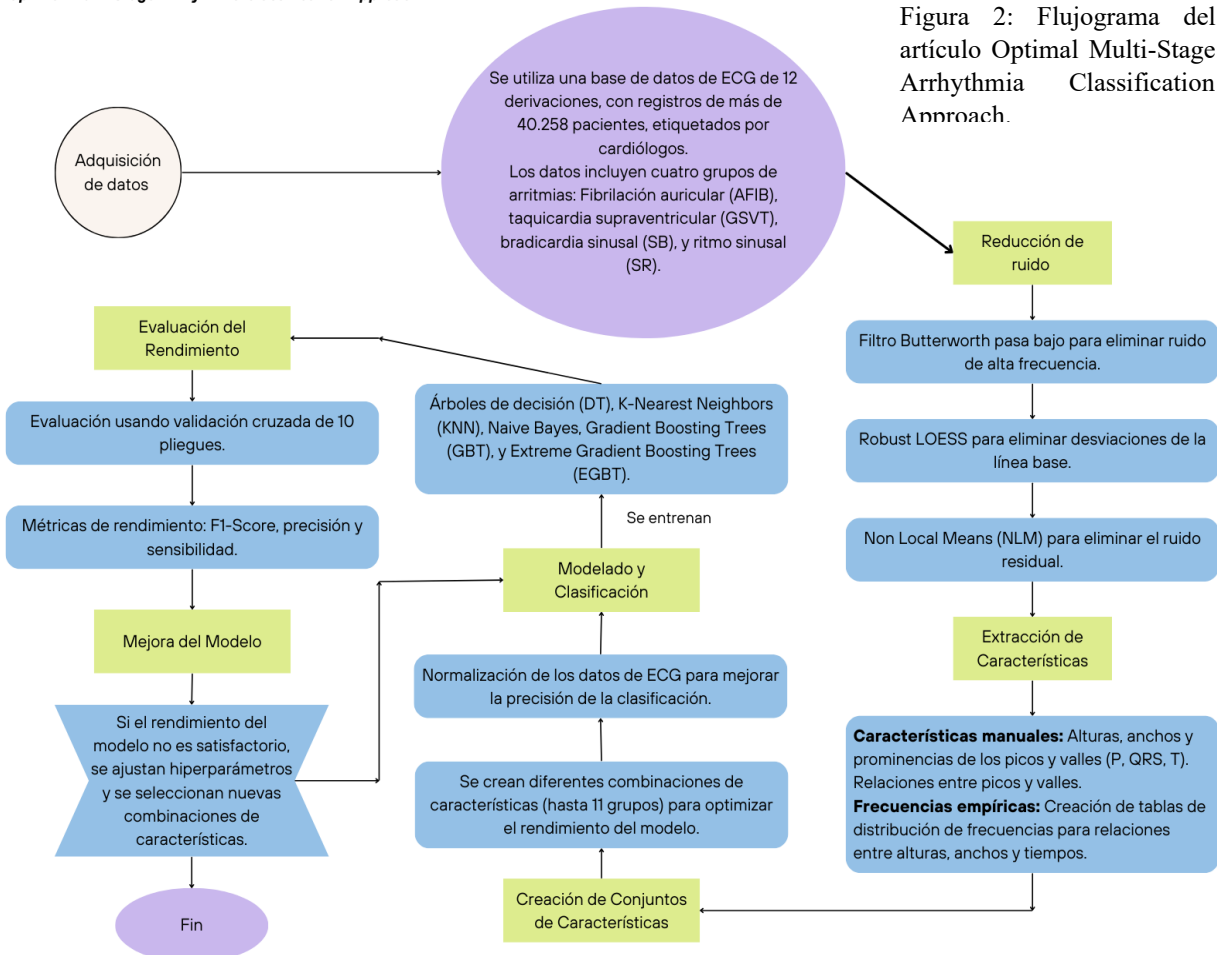


Figura 2: Flujograma del artículo Optimal Multi-Stage Arrhythmia Classification Approach.

C. An Arrhythmia classification approach via deep learning using single-lead ECG without QRS wave detection.

En el artículo, las metodologías desarrolladas se centran en la clasificación de arritmias utilizando señales de ECG de una sola derivación mediante aprendizaje profundo. El enfoque clave es el uso de redes neuronales convolucionales (CNN) para detectar múltiples tipos de arritmias sin la necesidad de una detección previa de ondas QRS, lo que permite un análisis directo de las señales ECG.

Primero, los datos se obtuvieron de tres bases de datos públicas: MIT-BIH Arrhythmia Database (MITDB), Atrial Fibrillation Database (AFDB) y MIT-BIH Ventricular Fibrillation Database (VFDB), con señales segmentadas en intervalos de 5 y 10 segundos. Se empleó una técnica de muestreo superpuesto para aumentar la cantidad de muestras, generando nuevos datos a partir de segmentos de ECG que se superponían parcialmente.

El modelo CNN utilizado en el estudio está diseñado para trabajar con señales de ECG de una sola derivación. Su

arquitectura incluye varias capas convolucionales seguidas de operaciones de Max Pooling y una capa final completamente conectada que clasifica los ritmos cardíacos. El modelo fue entrenado con un algoritmo de descenso de gradiente estocástico con momentum (SGDM) en mini-lotes y optimizado para trabajar con 200 épocas usando aceleración con GPU. Las señales fueron procesadas en dos duraciones de intervalo (5 y 10 segundos) para evaluar cuál era más eficaz.

La evaluación del modelo incluyó pruebas con un conjunto de datos externo (CUDB) para simular condiciones del mundo real y evitar el sobreajuste. En cuanto a los resultados, ambos modelos (5 y 10 segundos) demostraron una alta precisión, con valores de sensibilidad y especificidad superiores al 95% para la mayoría de las arritmias. Además, el modelo de 5 segundos mostró un rendimiento comparable al de 10 segundos, pero con una detección más rápida, lo que lo hace ideal para su implementación en dispositivos portátiles para monitoreo en tiempo real.

An Arrhythmia classification approach via deep learning using single-lead ECG without QRS wave detection

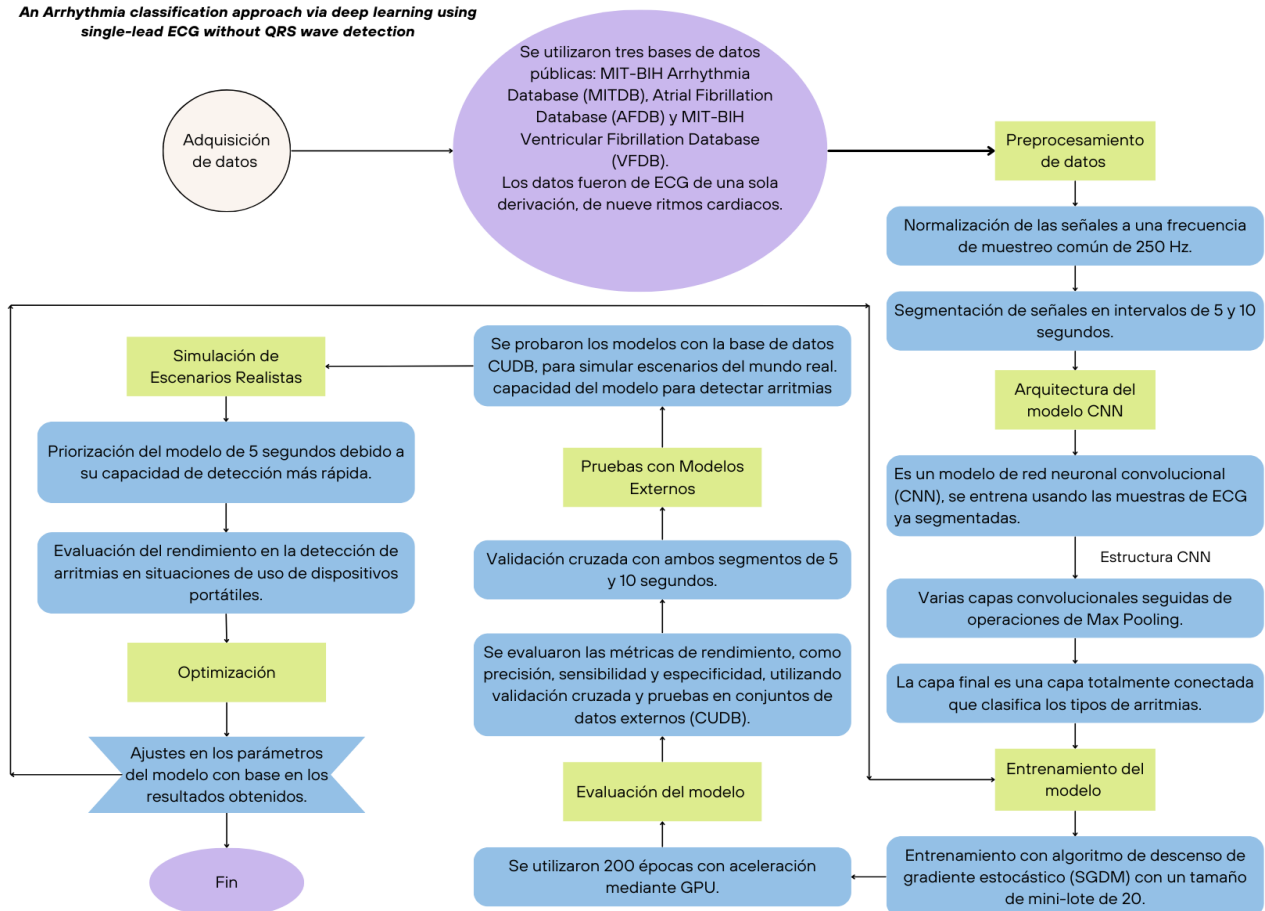


Figura 3: Flujograma del artículo An Arrhythmia classification approach via deep learning using single-lead ECG without QRS wave detection

II. PROCESAMIENTO DE DATOS

A. Detrending.

El artículo describe que la mayoría de los conjuntos de datos de ECG muestran tendencias generales que podrían surgir de los movimientos musculares del paciente o de las fluctuaciones en el voltaje del aparato de registro. En consecuencia, resulta imperativo erradicar estas tendencias antes de avanzar con los procedimientos de procesamiento de señales. Para lograr esto, se emplea una metodología de ajuste polinomial denominada *tendencia diferente*. Esta técnica consiste en restar el polinomio ajustado a la señal original, lo que produce una señal corregida que carece de tendencias. En el presente estudio, se utilizó la función *detrend* de la librería *scipy*. Para evaluar su eficacia, se aplicó a las medias de los datos correspondientes a sujetos que presentaban trastornos de bradicardia sinusal (SB) y fibrilación auricular (AFIB), tal como se muestra en la figura 4. Esta figura demuestra de manera eficaz cómo la función elimina con éxito las tendencias de las señales, lo que facilita un análisis más preciso de los datos.

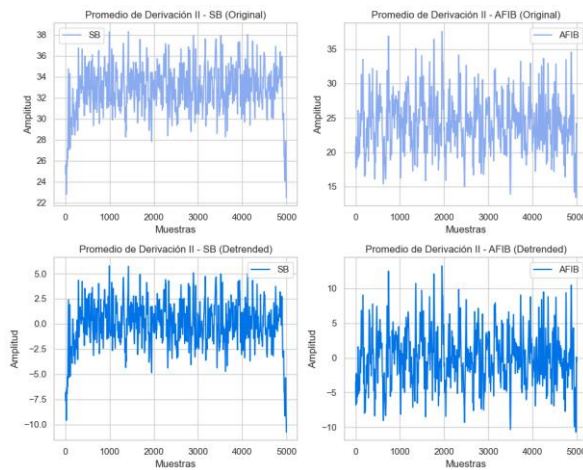


Figura 4: Promedio de un ECG típico en bradicardia sinusal (SB) y fibrilación auricular (AFIB), antes y después de la eliminación de la tendencia.

B. Compression.

Para facilitar una comparación precisa de las señales sin sesgos, es imperativo que todas las señales estén dentro de un rango estandarizado antes del examen. Este procedimiento de normalización se lleva a cabo mediante una técnica denominada *compresión* descrita por la ecuación 1, que implica la modificación de los valores de todas las señales para ajustarlas a un rango uniforme, preservando así sus atributos esenciales y mitigando las fluctuaciones externas de magnitud. Esta compresión

permite realizar una evaluación equitativa entre los distintos conjuntos de datos, garantizando que las diferencias detectadas se deriven de variaciones intrínsecas dentro de la señal y no de discrepancias en la escala de los datos.

$$s(t_k) = \frac{c(t_k) - x_{min}}{x_{max} - x_{min}} \quad [1]$$

Además, para verificar la efectividad de este método, se realizó una comprobación utilizando el promedio de datos agrupados por patología, observándose los resultados en la figura 5. En esta figura se puede apreciar cómo las señales de los sujetos con bradicardia sinusal (SB) y fibrilación auricular (AFIB) se ajustan al mismo rango, lo que facilita la comparación entre ellas sin que se introduzcan sesgos debidos a la magnitud de la señal. Este enfoque asegura que las diferencias identificadas entre las distintas patologías sean intrínsecas a la señal y no producto de inconsistencias en la escala de los datos.

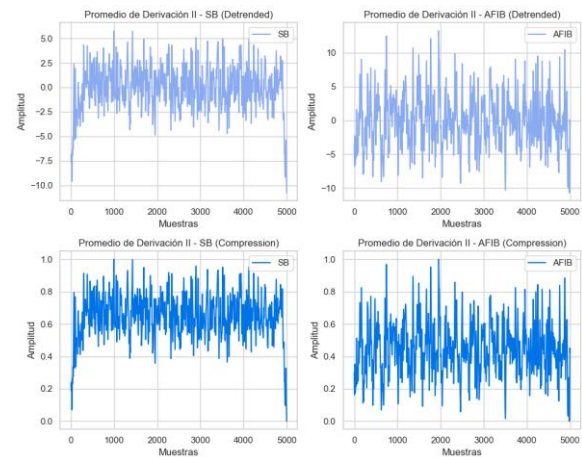


Figura 5: Comparación del Promedio de las Señales de ECG para Sujetos con Bradicardia Sinusal (SB) y Fibrilación Auricular (AFIB), antes y después de la Compresión.

C. Detrending.

El proceso de eliminación de tendencias se repite en este momento para eliminar cualquier tendencia residual que pueda persistir en las señales del electrocardiograma (ECG) tras las transformaciones anteriores. Esta segunda implementación de la metodología de ajuste polinomial es imprescindible para garantizar que los atributos de las señales permanezcan inalterados por variaciones globales externas.

Esta fase es de suma importancia, ya que las tendencias pueden ocultar patrones significativos dentro de la señal que son pertinentes para un análisis posterior. Al volver a aplicar el procedimiento de eliminación de tendencias, nos aseguramos de disponer de datos impecables y precisos, lo que facilita un resultado analítico más fiable.

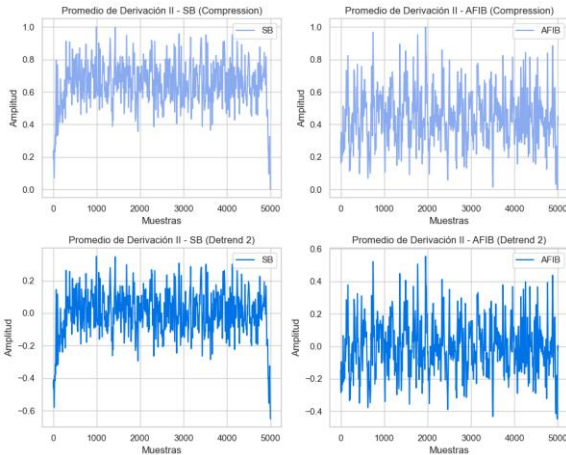


Figura 6: Comparación del promedio de las señales ECG para sujetos con SB y AFIB, antes y después del segundo detrend.

D. Power Espectral

En los espectros de potencia de los conjuntos de datos de ECG analizados, se evidencia que la mayor parte de la potencia se concentra en el rango de frecuencias de 0 a 20 Hz. Este fenómeno es común en las señales de ECG, donde las variaciones y los componentes de la actividad cardíaca predominan en este intervalo, reflejando las dinámicas fisiológicas del corazón.

Debido a esta distribución predominante, se decide calcular la bicoherencia dentro del mismo rango de frecuencias, es decir, de 0 a 20 Hz. La bicoherencia, que mide la coherencia entre diferentes frecuencias de una señal, proporciona información adicional sobre las interacciones no lineales y las relaciones entre las componentes de frecuencia en esta región crítica. Este análisis permite identificar patrones específicos y relaciones entre diferentes frecuencias que podrían estar asociadas con diversas condiciones patológicas, como la bradicardia sinusal (SB) y la fibrilación auricular (AFIB). Además, al centrar el análisis en este rango, se optimiza la relevancia de los resultados obtenidos, garantizando que las interpretaciones de la bicoherencia sean pertinentes y directamente relacionadas con los eventos fisiológicos que ocurren en el corazón.

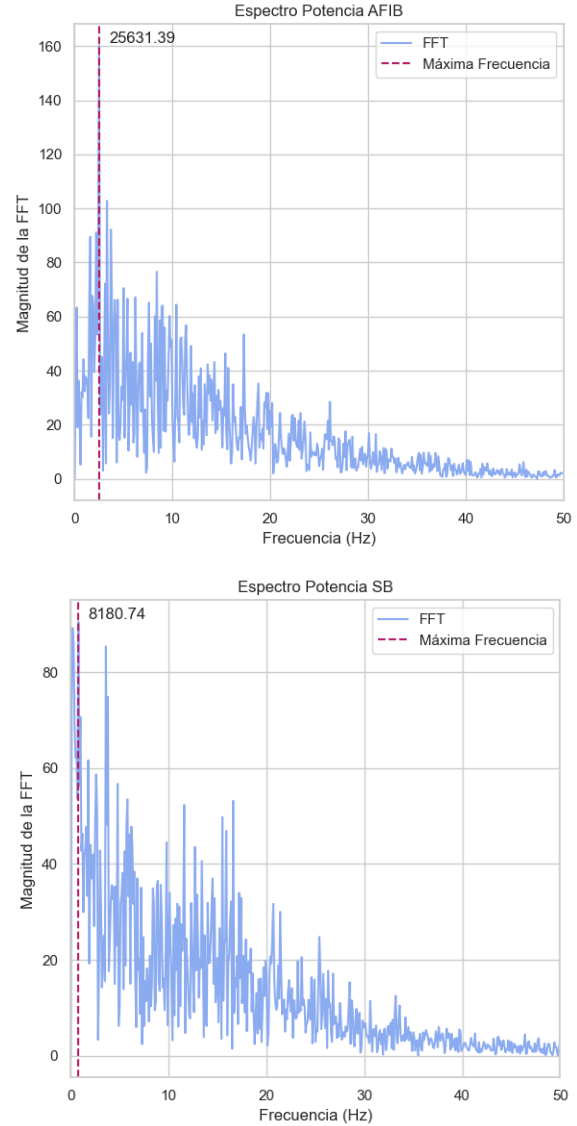


Figura 7: Espectro de potencia para la patología AFIB y SB.

Además, se puede identificar que la máxima frecuencia para AFIB es de 2.5 Hz y la máxima frecuencia para SB es 0.8 Hz.

E. Bispectrum and bicoherence.

El análisis biespectral es una técnica avanzada de procesamiento de señales que cuantifica las no linealidades cuadráticas (acoplamiento de fase) entre los componentes de una señal [4][5]. Además, extrae el grado de acoplamiento de fase cuadrático entre los componentes de frecuencia individuales de la señal. Para calcular el biespectro, los datos se dividen en N número de segmentos y se calculan sus transformadas de Fourier, por lo que se calcula con la siguiente ecuación 2:

$$b(f_1 f_2) = \sum_{j=1}^N X_j(f_1) X_j(f_2) X_j * (f_1 + f_2) \quad [2]$$

Por otra parte, la bicoherencia es una medida derivada del biespectro que cuantifica la proporción el grado de acoplamiento de fase entre diferentes componentes de frecuencia de una señal. Es una herramienta poderosa para analizar la sincronización y la coherencia en sistemas no lineales [6].

$$B(f_1 f_2) = \frac{|\sum_{j=1}^N X_j(f_1) X_j(f_2) X_j * (f_1 + f_2)|}{\sum_{j=1}^N |X_j(f_1) X_j(f_2) X_j * (f_1 + f_2)|} \quad [3]$$

Donde N es el número de segmentos, cada uno con una longitud de 5000. $X(f_1)$ y $X(f_2)$ son la transformada de Fourier de tiempo discreto calculada como transformada de Fourier discreta (DFT) utilizando el algoritmo FFT. Luego, el biespectro se normaliza de modo que tenga una magnitud en el rango (0,1).

Se realiza una evaluación de la función de biespectro y bicoherencia, aplicada tanto a un sujeto individual como al promedio de múltiples sujetos, categorizados según sus respectivas patologías: bradicardia sinusal (SB) y fibrilación auricular (AFIB). Esta comparación permite observar las diferencias en las características espectrales entre los dos grupos patológicos.

Para un sujeto específico, se presenta la Figura 8, que ilustra cómo se manifiestan las propiedades del biespectro y la bicoherencia en su señal de ECG. Esta representación visual proporciona información valiosa sobre las interacciones no lineales y las correlaciones entre diferentes frecuencias dentro de la señal.

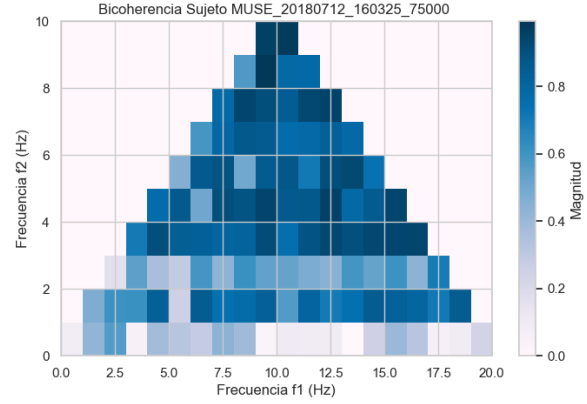


Figura 8: Biespectro para sujeto MUSE_20180712_160325_7500

Por otro lado, la Figura 9 muestra el análisis promedio de los sujetos agrupados según su patología. Este enfoque permite una visión más generalizada de las características espectrales compartidas entre los pacientes con SB y AFIB, facilitando la identificación de patrones comunes y divergencias que pueden ser indicativos de la fisiopatología subyacente.

F. Significant frequencies

En el artículo se menciona que solo se consideran aquellos valores de bicoherencia que están por encima del nivel de significación del 80 % dado por la ecuación 4.

$$\sqrt{\frac{9.2}{2 * N}} \quad [4]$$

Utilizando la ecuación 4, se procede a sumar las frecuencias que superan un umbral preestablecido.

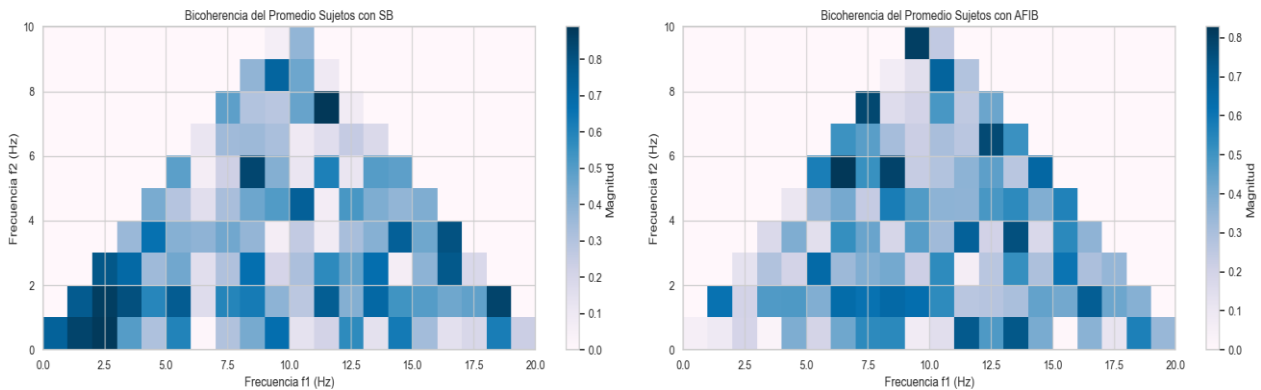


Figura 9: Biespectro para el promedio de sujetos de acuerdo con la patología SB y AFIB

Este análisis permite determinar la cantidad de frecuencias significativas presentes en los espectros de potencia de los conjuntos de datos de ECG correspondientes a cada patología. Al aplicar esta metodología al promedio de cada grupo, se obtienen los siguientes resultados:

- Número de frecuencias significativas para la bradicardia sinusal (SB): 100
- Número de frecuencias significativas para la fibrilación auricular (AFIB): 103

III. ESTADISTICA

A. Datos obtenidos a partir de la rutina.

Se obtiene un dataframe donde se evidencia el registro, estado, la frecuencia de máxima potencia (fMP) y suma de frecuencias significativas en bicoherencia (sFSB). En la figura 10 se pueden observar las primeras 5 filas del dataframe obtenido.

	Estado	fMP	sFSB
MUSE_20180111_155154_74000	AFIB	9.7	104
MUSE_20180111_155203_15000	AFIB	2.7	108
MUSE_20180111_155758_17000	SB	3.7	109
MUSE_20180111_155839_67000	SB	2.9	102
MUSE_20180111_155859_36000	SB	2.8	102

Figura 10: Dataframe de los datos obtenidos.

Con los datos obtenidos se hace uso de la estadística para realizar un análisis más profundo. Inicialmente se hace un diagrama de cajas y bigotes de la figura 11.

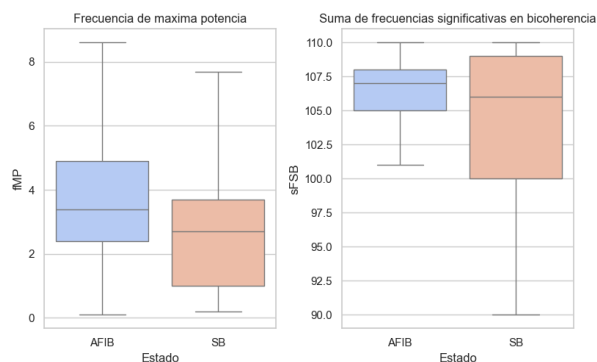


Figura 11: diagrama de cajas y bigotes para la frecuencia máxima y la suma de frecuencias significativas discriminadas por patología SB y AFIB.

La gráfica presentada compara dos métricas clave entre las condiciones de fibrilación auricular (AFIB) y bradicardia sinusal (SB). En el primer diagrama de caja,

se analiza la frecuencia de máxima potencia (fMP). Los resultados muestran que en el estado de AFIB, la fMP tiene una mayor dispersión, con valores que oscilan entre 1 y 8 unidades, mientras que la mediana se ubica cerca de 4. En cambio, en el estado SB, la mediana de la fMP es más baja, cercana a 3 unidades, y los valores están más contenidos dentro de un rango más reducido, entre 1 y 6 unidades. Esto indica que la fMP tiende a ser más variable en sujetos con AFIB, mientras que, en SB, los valores son más consistentes y moderados.

En el segundo diagrama de caja, se evalúa la suma de frecuencias significativas en bicoherencia (sFSB). Aquí, se observa que SB muestra una mayor variabilidad, con un rango que va desde 90 hasta cerca de 110 unidades, mientras que AFIB presenta una dispersión más contenida, con valores principalmente entre 105 y 110. Aunque ambos estados tienen medianas similares en torno a 107, la mayor dispersión en SB sugiere una mayor variabilidad en las características de la señal entre los sujetos en esta condición.

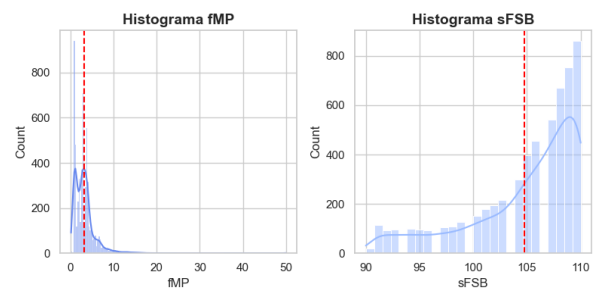


Figura 12: Histograma para fMP y sFSB

En el primer histograma, correspondiente a la fMP, se observa que la mayoría de los valores están concentrados en un rango entre 0 y 10, lo cual es indicado por la alta densidad de barras en esa región. La distribución presenta una fuerte asimetría positiva (sesgo a la derecha), lo que significa que hay pocos valores muy altos en la métrica. La línea roja punteada representa probablemente la media o mediana de los datos, que parece ubicarse cerca de 4, reflejando que la mayor parte de los valores de fMP están distribuidos alrededor de este punto, con una cola larga hacia la derecha, indicando que algunos sujetos pueden tener valores significativamente más altos de fMP.

En el segundo histograma, correspondiente a la sFSB, se puede observar una distribución diferente. La mayoría de los datos están concentrados en el rango entre 100 y 110, con un incremento gradual en la frecuencia conforme aumenta el valor de sFSB. La forma del histograma sugiere una distribución asimétrica negativa (sesgo a la izquierda), con la mayoría de los valores acumulados

cerca de la parte superior del rango. La línea roja punteada, que de nuevo probablemente indica la media o mediana, parece estar alrededor de 106, sugiriendo que este es el valor típico de sFSB en la mayoría de los sujetos. A diferencia de la fMP, los valores de sFSB tienden a estar más agrupados y muestran menos dispersión, lo que indica una mayor consistencia en esta métrica.

- Planteamiento de hipótesis

Prueba de Normalidad

H_0 =Los datos de sFSB y fMP siguen una distribución normal entre los grupos de sujetos con SB y AFIB.

H_1 = Los datos de sFSB y fMP no siguen una distribución normal entre los grupos de sujetos con SB y AFIB.

Prueba de Homocedasticidad (Levene)

H_0 =Las varianzas de sFSB y fMP son iguales entre los grupos de sujetos SB y AFIB.

H_1 = Las varianzas de sFSB y fMP no son iguales entre los grupos de sujetos SB y AFIB.

Se realizaron pruebas de hipótesis y los resultados indicaron que los datos no siguen una distribución normal y tampoco cumplen con el supuesto de homocedasticidad, como se observa en la Figura 13 del dataframe generado.

Metric	SB Normality (p-value)	SB Normality Result	AFIB Normality (p-value)	AFIB Normality Result	Homoscedasticity (p-value)	Homoscedasticity Result
fMP	2.716097e-70	No normal	2.780254e-46	No normal	7.739821e-21	Heterocedástico
sFSB	4.848194e-48	No normal	1.895683e-33	No normal	3.224818e-193	Heterocedástico

Figura 13: Dataframe obtenido de las pruebas de normalidad y homocedasticidad.

Debido a estos resultados, se optó por realizar pruebas no paramétricas, específicamente la prueba U de Mann-Whitney. Los resultados de esta prueba mostraron que existen diferencias significativas entre los grupos analizados.

Metric	Mann-Whitney U (stat)	p-value	Significance
fMP	2141031.5	2.867017e-118	Hay diferencia Significativa
sFSB	2871664.5	3.842774e-25	Hay diferencia Significativa

Figura 14: Dataframe obtenido de la prueba U de Mann-Whitney

B. Estadística para medidas descriptivas.

Se emplea la estadística descriptiva para identificar posibles diferencias entre las señales SB y AFIB. Para ello, se elabora un dataframe que contiene los valores de la media, mediana y desviación estándar. En la figura 15 se pueden observar las primeras cinco filas del dataframe resultante.

	Estado	Media	Mediana	Desviación
MUSE_20180111_155154_74000	AFIB	3.224976e-16	-0.030115	0.125835
MUSE_20180111_155203_15000	AFIB	1.080025e-16	-0.031761	0.120065
MUSE_20180111_155758_17000	SB	6.625811e-17	-0.029410	0.112125
MUSE_20180111_155839_67000	SB	1.628031e-16	-0.023894	0.094712
MUSE_20180111_155859_36000	SB	1.486811e-16	-0.032635	0.130293

Figura 15: Dataframe de los datos estadísticos obtenidos.

Con los datos obtenidos se hace uso de la estadística para realizar un análisis más profundo. Inicialmente se hace un diagrama de cajas y bigotes de la figura 15.

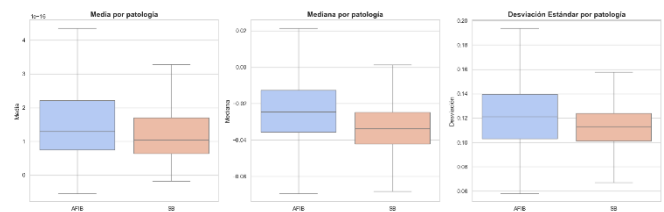


Figura 16: Diagrama de cajas y bigotes de las variables estadísticas

En términos generales, AFIB muestra mayor variabilidad en comparación con SB en las tres métricas analizadas: media, mediana y desviación estándar.

Para el primer gráfico que corresponde a la media, AFIB tiene valores más altos y dispersos, con una mediana cercana a 1.5 y un rango más amplio que SB, cuyo valor medio es más bajo, alrededor de 1.0, con menos dispersión. Esto sugiere que los valores promedio de AFIB tienden a ser mayores y más variables que los de SB.

En cuanto al segundo gráfico de la mediana, ambos grupos tienen valores cercanos a cero, aunque AFIB presenta una mayor dispersión. Esto indica que, aunque los valores centrales de ambos grupos son similares, AFIB tiene una mayor diversidad de valores en torno a esa mediana.

Finalmente, en la desviación estándar, AFIB nuevamente muestra mayor variabilidad, con un rango intercuartílico más amplio que SB. Esto significa que, en general, la dispersión de los datos es mayor en AFIB.

Por tanto, AFIB presenta consistentemente mayor variabilidad en todas las métricas en comparación con SB, lo que indica que sus datos son más diversos y presentan valores extremos con más frecuencia.

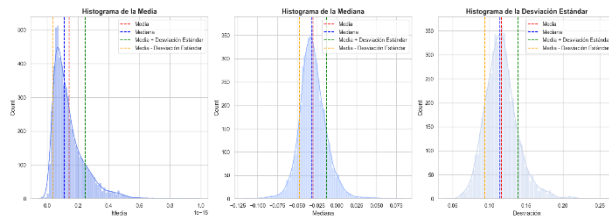


Figura 17: Histograma de las variables estadísticas

El histograma de la media muestra una clara asimetría a la derecha (distribución sesgada positivamente), donde la mayor parte de los datos se concentra en valores bajos, cercanos a cero, y una cola que se extiende hacia la derecha. La mediana y la media están cerca, lo que sugiere que el sesgo no es extremadamente fuerte, pero el hecho de que la distribución no sea normal y tenga una cola larga hacia valores mayores indica que la media no representa bien la distribución completa.

Por otra parte, el histograma de la mediana también se observa una distribución asimétrica, pero esta vez más concentrada alrededor de valores cercanos a cero. La mediana y la media están muy próximas, lo que indica que hay un menor grado de sesgo comparado con la media. Sin embargo, la ligera asimetría hacia la derecha sugiere que la distribución no es estrictamente normal.

Finalmente, el diagrama de la desviación estándar muestra una distribución sesgada hacia la derecha, con una gran concentración de valores alrededor de 0.10-0.12. Hay una clara desviación hacia valores más altos, lo que sugiere nuevamente que la distribución no es normal.

Se realiza prueba de normalidad de homocedasticidad para determinar si se realizan pruebas paramétricas y determinar si hay diferencias entre las señales SB y AFIB

Metric	SB	SB	AFIB	AFIB	Homoscedasticity (p-value)	Homoscedasticity Result
	Normality (p-value)	Normality Result	Normality (p-value)	Normality Result		
Media	2.029677e-52	No normal	2.634263e-35	No normal	8.062720e-18	Heterocedástico
Mediana	3.080074e-21	No normal	2.586992e-17	No normal	2.237689e-21	Heterocedástico
Desviación	2.738689e-27	No normal	7.456447e-10	No normal	5.819703e-75	Heterocedástico

Figura 18: Dataframe obtenido de las pruebas de normalidad y homocedasticidad.

Los resultados indican que los datos no siguen una distribución normal y la heterocedasticidad indica que las varianzas entre los grupos SB y AFIB no son iguales, por tanto, se utiliza pruebas no paramétricas como la de Mann-Whitney. Obteniendo los resultados de la figura 19.

Metric	Mann-Whitney U Statistic	Mann-Whitney p-value	Significancia
Media	2909521.0	5.092374e-22	Hay Diferencia Significativa
Mediana	2335476.0	2.977447e-86	Hay Diferencia Significativa
Desviación	2748420.0	1.184388e-35	Hay Diferencia Significativa

Figura 19: Dataframe obtenido de la prueba U de Mann-Whitney

Con los resultados de la prueba Mann-Whitney se plantea la siguiente prueba de hipótesis:

- Hipótesis nula (H_0): No existe diferencia significativa entre las señales SB y AFIB en cuanto a la media, mediana y desviación estándar.
- Hipótesis alternativa (H_1): Existe una diferencia significativa entre las señales SB y AFIB en cuanto a la media, mediana y desviación estándar.

Para la media, el valor p es $5,09 \times 10^{-22}$, que es mucho menor que el nivel de significancia típico ($\alpha = 0,05$). Por lo tanto, se rechaza la hipótesis nula, indicando que hay una diferencia significativa entre las señales SB y AFIB en términos de medios.

Para la mediana, el valor p es aún menor, $2,98 \times 10^{-86}$, lo que refuerza la evidencia de que también hay una diferencia significativa entre las dos señales en cuanto a la mediana.

Para la desviación estándar, el valor p es $1,18 \times 10^{-35}$, lo que muestra una diferencia significativa en la variabilidad entre las señales SB y AFIB.

Por tanto, las métricas evaluadas (media, mediana y desviación estándar), los resultados indican diferencias significativas entre las señales SB y AFIB, dado que en todos los casos el valor p es mucho menor que el nivel de significancia de 0.05. Esto sugiere que las señales SB y AFIB tienen comportamientos estadísticos diferentes en cuanto a estos indicadores descriptivos.

IV. CONCLUSIONES

- Se emplearon varias técnicas de preprocesamiento para mejorar la calidad de las señales, como la eliminación de tendencias mediante detrend y la compresión de señales para asegurar una comparación justa y sin sesgos. Estos pasos resultaron fundamentales para obtener señales más limpias y homogéneas, lo que facilitó la identificación de patrones importantes relacionados con las condiciones patológicas de los pacientes (SB y AFIB). El uso de la bicoherencia permitió analizar de manera efectiva las interacciones no lineales presentes en las señales, mostrando diferencias en las frecuencias significativas para cada patología.
- Las pruebas de normalidad y homocedasticidad revelaron que los datos no se ajustan a una

distribución normal ni presentan varianzas homogéneas, lo que llevó a la implementación de pruebas no paramétricas como la U de Mann-Whitney. A través de este análisis, se observaron diferencias significativas entre las condiciones SB y AFIB en términos de las variables fMP y sFSB, sugiriendo que estas características pueden ser útiles para distinguir entre las dos patologías.

- La mayoría de las señales de ECG contienen tendencias que pueden ser causadas por el movimiento muscular del paciente o fluctuaciones en el voltaje del equipo de registro. Para eliminar estas tendencias, se utiliza un ajuste polinomial mediante la función detrend. Esta técnica resta un polinomio ajustado a la señal original, eliminando así cualquier tendencia de largo plazo en la señal y permitiendo un análisis más preciso de las variaciones fisiológicas relevantes. En la señal de bradicardia sinusal (SB) y fibrilación auricular (AFIB), se demostró que esta técnica elimina efectivamente las tendencias, facilitando la extracción de características más precisas.
- Se demostró que existen diferencias significativas entre los sujetos con bradicardia sinusal (SB) y fibrilación auricular (AFIB), puesto que la SB se asocia con un ritmo cardíaco lento y estable, reflejando en el ECG frecuencias más bajas y con menor variabilidad. En contraste la AFIB, implica una activación eléctrica caótica y desorganizada mostrando frecuencias más altas y con mayor variabilidad. Estas diferencias son coherentes con la naturaleza de cada patología y permiten una mejor clasificación y análisis de las condiciones cardíacas.

REFERENCIAS

- [1] Gadaleta, M., Harrington, P., Barnhill, E., Hytopoulos, E., Turakhia, M. P., Steinhubl, S. R., & Quer, G. (2023). Prediction of atrial fibrillation from at-home single-lead ECG signals without arrhythmias. *NPJ Digital Medicine*, 6(1), 229. Prediction of atrial fibrillation from at-home single-lead ECG signals without arrhythmias | npj Digital Medicine
- [2] Zheng, J., Chu, H., Struppa, D., Zhang, J., Yacoub, S. M., El-Askary, H., ... & Rakovski, C. (2020). Optimal multi-stage arrhythmia classification approach. *Scientific reports*, 10(1), 2898. Optimal Multi-Stage Arrhythmia Classification Approach | Scientific Reports
- [3] Liu, L. R., Huang, M. Y., Huang, S. T., Kung, L. C., Lee, C. H., Yao, W. T., ... & Chiu, H. W. (2024). An Arrhythmia classification approach via deep learning using single-lead ECG without QRS wave detection. *Heliyon*, 10(5). An Arrhythmia classification approach via deep learning using single-lead ECG without QRS wave detection - ScienceDirect
- [4] M. Á. García Gonzalez. “Estudio de la variabilidad del ritmo cardíaco mediante técnicas estadísticas, espectrales y no lineales”. Página inicial de UPCommons. [En línea]. Disponible: https://upcommons.upc.edu/bitstream/handle/2117/93657/06_garciaGonzalez_capitol5.pdf?sequence=6
- [5] Academia Lab. (2024). Biespectro. Enciclopedia. <https://academia-lab.com/enciclopedia/biespectro/>
- [6] Hagihira, Satoshi MD, PhD*,; Takashina, Masaki MD†,; Mori, Takahiko MD§,; Mashimo, Takashi MD, PhD||,; Yoshiya, Ikuto MD, PhD‡. Practical Issues in Bispectral Analysis of Electroencephalographic Signals. *Anesthesia & Analgesia* 93(4):p 966-970, October 2001. | DOI: 10.1097/00000539-200110000-00032