

# Informe Proyecto 1

Análisis estadístico

# Santiago Tabares Osorio, Juan Andres Melo Melo

Bioingeniería, Facultad de Ingeniería, Universidad de Antioquia

Bioseñales

22 Septiembre 2024

#### Resumen

Este estudio presenta un análisis estadístico comparativo entre muestras de sujetos sanos y aquellos con enfermedades neurodegenerativas, específicamente Parkinson, Huntington y Esclerosis Lateral Amiotrófica (ALS), utilizando datos de la dinámica de la marcha. Las pruebas estadísticas incluyen el test de normalidad de Shapiro-Wilk, la prueba de homogeneidad de varianzas de Levene, y según los resultados, la prueba t de Student o la prueba U de Mann-Whitney para comparar grupos. Se evaluaron varios parámetros relacionados con la marcha para cada grupo de pacientes, limitando la muestra a 5 sujetos por grupo para garantizar la coherencia del análisis. Los resultados permiten observar diferencias significativas en las dinámicas de la marcha entre los grupos, lo que puede contribuir a mejorar la comprensión de la fisiopatología de estas enfermedades y ayudar en el diseño de intervenciones terapéuticas más efectivas.

# 1. Introducción

Las enfermedades neurodegenerativas, como el Parkinson, la enfermedad de Huntington y la Esclerosis Lateral Amiotrófica (ALS), suelen tener un impacto significativo en la marcha y la movilidad de los pacientes. Cuantificar con precisión las dinámicas de la marcha es clave para mejorar la comprensión de la fisiopatología subyacente a estas condiciones, así como para medir la efectividad de intervenciones terapéuticas. La base de datos utilizada en este estudio, disponible en PhysioNet [1], incluye registros de la marcha de pacientes con Parkinson (n = 15), Huntington (n = 20), ALS (n = 13) y un grupo de control sano (n = 16). Los datos se obtuvieron a través de resistencias sensibles a la fuerza bajo el pie, proporcionando información valiosa sobre la distribución y dinámica de las fuerzas durante la marcha. En este estudio, se aplican pruebas estadísticas para comparar estos parámetros entre los grupos, con el objetivo de identificar diferencias significativas que puedan reflejar alteraciones en la dinámica de la marcha relacionadas con estas enfermedades.

# 2. Materiales y métodos

Para este análisis, se utilizó la base de datos disponible en PhysioNet que contiene registros de la marcha de pacientes con Parkinson (n = 15), enfermedad de Huntington (n = 20), Esclerosis Lateral Amiotrófica (ALS) (n = 13) y un grupo control de sujetos sanos (n = 16). Los datos fueron obtenidos utilizando resistencias sensibles a la fuerza, las cuales capturan la presión

ejercida bajo el pie durante la marcha. Estas señales proporcionan una representación precisa de la dinámica de la marcha y su variabilidad entre los grupos.

Para el análisis estadístico, se limitaron las muestras a 5 sujetos por grupo, seleccionados aleatoriamente para asegurar una comparación equilibrada. Se realizaron las siguientes pruebas estadísticas:

Prueba de normalidad de Shapiro-Wilk, para verificar si los datos seguían una distribución normal en cada grupo.

Prueba de homogeneidad de varianza de Levene, para evaluar si las varianzas entre los grupos eran homogéneas.

Dependiendo de los resultados anteriores, se aplicó una prueba t de Student para comparar las medias entre los grupos si los datos eran normales y homogéneos, o una prueba U de Mann-Whitney si no se cumplían los supuestos de normalidad o igualdad de varianzas.

Se evaluaron múltiples parámetros relacionados con la marcha, como el intervalo y el balanceo de cada pie. Además, se generaron gráficas comparativas para cada parámetro entre los grupos de sujetos sanos y aquellos con enfermedades neurodegenerativas. Los análisis se realizaron utilizando Python y librerías estadísticas y de visualización como SciPy y Matplotlib.

## 3. Requerimientos

Enfermedad de Parkinson: El diagnóstico de la enfermedad de Parkinson se basa principalmente en criterios clínicos. Los

médicos evalúan los síntomas motores clave, como temblores en reposo, rigidez muscular, bradicinesia (lentitud en el movimiento) y la inestabilidad postural. No existe una prueba de diagnóstico específica para el Parkinson, por lo que el diagnóstico suele depender del historial médico del paciente, un examen neurológico y la exclusión de otras posibles causas de los síntomas. Los síntomas motores del Parkinson generalmente se manifiestan después de una pérdida significativa de neuronas dopaminérgicas en la sustancia negra del cerebro, lo que retrasa el diagnóstico temprano. Además, los síntomas iniciales, como cambios en el olfato, depresión y estreñimiento, son inespecíficos, lo que dificulta aún más el diagnóstico temprano. Herramientas de imagen, como la tomografía por emisión de positrones (PET) y la tomografía por emisión de fotón único (SPECT), pueden ayudar en algunos casos, pero no están ampliamente disponibles para un diagnóstico temprano [4].

Enfermedad de Huntington: El diagnóstico se confirma mediante una prueba genética que detecta la repetición anormal de trinucleótidos (CAG) en el gen HTT. Además de la prueba genética, los médicos evalúan los síntomas motores (como movimientos involuntarios conocidos como corea), síntomas psiquiátricos y cognitivos que suelen aparecer en fases iniciales. A pesar de la claridad de la prueba genética, el desafío en el diagnóstico temprano radica en el inicio tardío de los síntomas motores evidentes. Muchos individuos portadores del gen pueden no mostrar síntomas significativos durante varios años, incluso décadas. Los primeros signos de la enfermedad pueden incluir cambios sutiles en el comportamiento, irritabilidad o depresión, que no siempre se asocian inmediatamente con la enfermedad de Huntington. El uso de biomarcadores y estudios de neuroimagen en investigación puede ayudar a predecir la aparición de la enfermedad, pero no están estandarizados para el diagnóstico clínico temprano [5].

Esclerosis lateral amiotrófica (ELA o ALS por sus siglas en inglés): El diagnóstico de ALS es complejo y se basa en la exclusión de otras enfermedades. Incluye un examen neurológico completo, estudios de electrodiagnóstico (EMG), estudios de conducción nerviosa y pruebas de imagen como resonancia magnética para descartar otras causas. El criterio de diagnóstico más utilizado es el de El Escorial, desarrollado por la World Federation of Neurology. El diagnóstico temprano de ALS es un desafío porque los síntomas iniciales, como la debilidad muscular o el desgaste, suelen ser inespecíficos y pueden confundirse con otras afecciones. No existen biomarcadores fiables y específicos que confirmen el diagnóstico de ALS en etapas tempranas, lo que retrasa el tratamiento. Los esfuerzos actuales se centran en identificar biomarcadores en el líquido cefalorraquídeo y la sangre, así como en mejorar las técnicas de neuroimagen, pero estos métodos aún no están disponibles para su uso rutinario [6].

Funcionamiento de la función Detrend: La función detrend de SciPy, en particular del módulo scipy.signal, se utiliza para eliminar tendencias lineales (y opcionalmente de otros tipos) de los datos. Esto es útil en análisis de señales, donde las tendencias pueden ser causadas por fenómenos externos o ruido y pueden enmascarar las características reales de la señal.

En cuanto al desarrollo matemático:

$$x(t) = mt + b + r(t)$$

Donde, m es la pendiente de la tendencia (la tasa de cambio de la señal), b es el término independiente (el valor inicial o desplazamiento), r(t) es la parte "real" o "detrended" de la señal (sin la tendencia). La función detrend elimina la tendencia lineal mt + b, devolviendo solo r(t).

La tendencia lineal de una señal se ajusta usando una regresión lineal. Para un conjunto de datos  $x = \{x1, x2, ..., xn\}$ , la tendencia lineal se ajusta con el modelo:

$$x^{\wedge}(t) = mt + b$$

Donde m y b se estiman utilizando el método de mínimos cuadrados.

Dado que la señal tiene n puntos, podemos usar el enfoque matricial de mínimos cuadrados para estimar m y b. Definimos la matriz de diseño A:

$$A = [[1, t1], [1, t2], ..., [1, tn]]$$

Donde t1, t2, ..., tn son los tiempos o índices de las muestras, y el vector de observaciones x es:

$$x = [x1, x2, ..., xn]$$

El problema de mínimos cuadrados se resuelve con la ecuación normal:

$$(b, m) = (A^t A)^{-1} A^t x$$

Esto proporciona los coeficientes b y m que mejor ajustan la tendencia lineal de los datos. Una vez estimados mmm y bbb, la señal sin tendencia se obtiene restando la tendencia ajustada de los datos originales:

$$r(t) = x(t) - (mt + b)$$

Donde r(t) es la señal sin tendencia, que es lo que devuelve scipy.signal.detrend [7].

Funcionamiento del filtro Hampel: El filtro Hampel es una técnica de procesamiento de señales para detectar y eliminar los outliers (valores atípicos) en una serie temporal o secuencia de datos. Se basa en el uso de una ventana deslizante y una medida robusta de la dispersión para identificar valores que se desvían significativamente de la tendencia local de los datos.

Desarrollo matemático: Dado un conjunto de datos  $x = \{x1, x2, ..., xn\}$ , el filtro Hampel evalúa cada dato xi dentro de una ventana deslizante de tamaño w centrada en xi. El algoritmo aplica los siguientes pasos:

Para cada valor en la serie xi, se considera una ventana de tamaño w alrededor de xi, es decir, los valores:

$$Ventana(xi) = \{xi - w, xi - w + 1, ..., xi + w\}$$

En esta ventana, los índices negativos y mayores a n (extremos) pueden ser tratados de manera especial (por ejemplo, ignorados o rellenados).

Se calcula la mediana de los valores dentro de la ventana:

$$x \sim i = mediana(\{xi - w, ..., xi + w\})$$

La mediana es una medida robusta de la tendencia central, lo que significa que es resistente a valores atípicos dentro de la ventana.

Se calcula la Desviación Absoluta de la Mediana (MAD) dentro de la ventana. Esto proporciona una medida robusta de la dispersión de los valores:

$$MAD = mediana(|xj - x \sim i|), j \in \{i - w, ..., i + w\}$$

La MAD es robusta a los valores extremos, a diferencia de la desviación estándar, lo que la hace adecuada para detectar outliers.

Se define un umbral de decisión para identificar valores atípicos. Si el valor absoluto de la diferencia entre xi y la mediana  $x\sim i$  es mayor que un múltiplo k de la MAD, se considera un outlier. La condición es:

$$|xi - x \sim i| > k \cdot MAD$$

Donde k es un parámetro ajustable que determina cuán estricto es el filtro. Típicamente, k=3 es una elección común, que significa que cualquier valor que se desvíe más de tres veces la MAD será tratado como un valor atípico.

Si xi es detectado como un outlier (es decir, si cumple la condición anterior), entonces puede ser reemplazado por la mediana local  $x\sim i$ :

Esto elimina el valor atípico y lo reemplaza por una estimación basada en los datos vecinos [8].

Entropía de permutación: La entropía de permutación (PE, por sus siglas en inglés: Permutation Entropy) es una medida no lineal que cuantifica la complejidad y el grado de desorden en una serie temporal. Introducida por Bandt y Pompe en 2002 [2], se ha utilizado ampliamente para analizar datos en diversos campos, como la bioingeniería, debido a su simplicidad, bajo costo computacional y capacidad para capturar patrones de orden y desorden en señales fisiológicas.

Desde la perspectiva bioingeniería, la entropía de permutación es útil para analizar la dinámica de señales fisiológicas, como electrocardiogramas (ECG), señales cerebrales (EEG), y patrones de marcha, al proporcionar una forma de detectar anomalías o cambios patológicos en el comportamiento del sistema biológico.

Desarrollo matemático: Dada una serie temporal  $\{x1, x2, ..., xn\}$  la entropía de permutación mide el grado de aleatoriedad en los patrones de la secuencia considerando el orden relativo entre los elementos de la serie.

Primero, se reconstruye la serie temporal en forma de vectores de dimensión m llamados vectores de retardo embebido. Estos vectores representan subsecuencias locales de la serie. Para una serie xt, se construyen vectores de longitud m usando un retardo  $\tau$ , de la siguiente manera:

$$xt = [xt, xt + \tau, xt + 2\tau, ..., xt + (m - 1)\tau]$$

Aquí, m es el orden de la permutación (número de puntos en cada subsecuencia) y  $\tau$  es el retardo temporal.

Cada subsecuencia xt es transformada en una permutación que describe el orden relativo de sus valores. Por ejemplo, si para un vector de tres elementos [x2, x5, x3], el orden relativo de los elementos es x2 < x3 < x5, entonces el patrón correspondiente será (0, 2, 1). Hay m! posibles permutaciones para cada subsecuencia de m elementos.

Se calcula la frecuencia de cada permutación en la serie completa. Denotemos por pi la proporción de veces que la i-ésima permutación ocurre en la serie. Como hay m! permutaciones posibles, la probabilidad asociada a cada permutación es:

$$pi = (N^{\circ} de \ veces \ que \ aparece \ la \ permutación \ i) \ / \ n - (m-1)\tau$$

La entropía de permutación se define utilizando la fórmula de la entropía de Shannon aplicada a la distribución de probabilidades de las permutaciones:

$$HPE = \sum pi * log(pi)$$

Sumatoria desde i=1 hasta m!

Este valor de entropía está normalizado entre 0 y  $\log(m!)$ , donde:

- Un valor cercano a 0 indica una secuencia altamente predecible y ordenada.
- Un valor cercano a log(*m*!) indica una secuencia completamente aleatoria.

#### 4. Resultados y discusión

a.

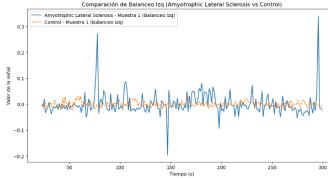


Figura 1: Comparación de sujeto con ALS y un sujeto sano; durante la fase de balanceo izaujerdo.

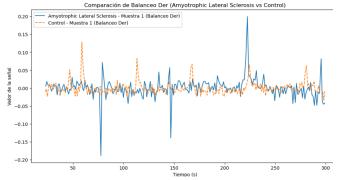
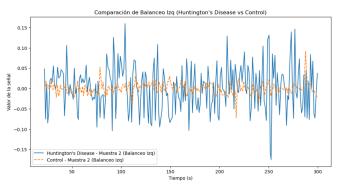


Figura 2: Comparación de sujeto con ALS y un sujeto sano; durante la fase de balanceo derecho.

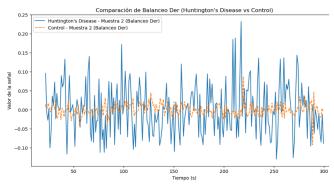
En las imágenes se puede observar cómo el paciente con Esclerosis Lateral Amiotrófica (ALS) muestra una varianza mayor en los valores de la señal a lo largo del tiempo comparado con un sujeto sano, dicha variabilidad se presenta con picos pronunciados en zonas donde en un sujeto sano no deberían presentarse, cabe aclarar que los picos más pronunciados o con cambios más abruptos pueden ser ruido provocado por interferencia con los sensores o algún movimiento brusco adicional a la marcha. Estos pronunciamientos pueden interpretarse como disfunciones en el control neuromuscular, afección que suele estar asociada con la pérdida de la coordinación motora.

Las imágenes denotan cómo un sujeto sano presenta una mayor estabilidad, respecto al comportamiento y amplitud de los picos y a los patrones que estos presentan en las distintas fases del balanceo. Que las señales presenten valores más cercanos a cero, y además tengan patrones repetitivos y no erráticos; podrían tomarse como un indicador de un control neuromotor más eficiente y predecible durante el balanceo.

Las amplitudes de los picos alcanzadas por el sujeto con ALS, sugieren activación extrema del sistema motor durante períodos cortos de tiempo pero repetitivos, lo que podría derivarse en espasmos propios de condiciones neurodegenerativas.



**Figura 3:** Comparación de sujeto con Huntington 's disease y un sujeto sano; durante la fase de balanceo izquierdo.

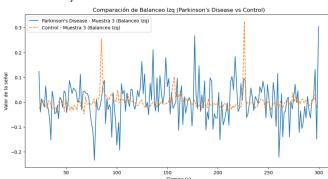


**Figura 4:** Comparación de sujeto con Huntington 's disease y un sujeto sano; durante la fase de balanceo derecho.

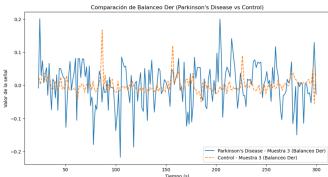
Las imágenes permiten observar cómo el sujeto con síndrome de Huntington presenta una mayor varianza en los valores de su señal a lo largo del tiempo comparado con un sujeto sano. En este caso la variabilidad de los picos oscilan entre -0.15 y 0.15 intermitentemente, estos cambios abruptos e ininterrumpidos indican una activación neuromotora errática; esto podría ser un indicador de pérdida del equilibrio durante las fases de balanceo, una condición propia de dicho síndrome [5].

Las imágenes denotan cómo el sujeto sano posee patrones definidos en la señal por su fisiología durante el ciclo de marcha, donde no se presentan oscilaciones abruptas, mostrando una señal más estable que se mantiene cerca a 0.

Las diferencias en la estabilidad de la señal durante la fase de balanceo reflejan el estado de las características motoras de cada individuo. Permitiendo determinar de forma cualitativa el nivel de deterioro que presenta un sujeto con Huntington frente a un sujeto sano.



**Figura 5:** Comparación de sujeto con Parkinson 's disease y un sujeto sano; durante la fase de balanceo izquierdo.



**Figura 6:** Comparación de sujeto con Parkinson 's disease y un sujeto sano; durante la fase de balanceo izquierdo.

Las imágenes permiten observar cómo el sujeto con síndrome de Parkinson presenta una mayor varianza comparada con el sujeto sano, en este caso la variabilidad no se hace presente solamente en los cambios abruptos de las oscilaciones sino también en la duración de los picos que en muchos casos se convierten en valles indicando una activación continua en ciertos momentos del balanceo. Si bien hay cambios abruptos en los valores en lo cuales oscila la señal, se puede observar que no llega a ser errática del todo, ya que presenta ciertos patrones de activación motora; estos patrones indican espasmos repetitivos en determinados tramos, un comportamiento esperado para un sujeto con síndrome de Parkinson [4].

Las imágenes indican que el sujeto sano presenta patrones y fluctuaciones en su señal que son característicos de su fisiología durante el ciclo de marcha, y en ciertos casos se hace presente ruido generado por los electros al capturar la señal. En cambio, el patrón del sujeto con síndrome de Parkinson muestra activaciones motoras abruptas que son consecuencia de su afección neuromotora y en ciertos casos se presentan picos que son generados posiblemente por ruido externo al estudio, movimientos adicionales al ciclo de marcha, sudor o algún registro del sensor que no involucra directamente la marcha.

**b.** Inicialmente se segmenta, en ciclos de marcha, las señales para estudiar a profundidad las alteraciones presentadas por los sujetos que presentan enfermedades neuromotoras y los sujetos de control con el fin de obtener resultados más precisos. Para determinar el tipo de prueba que se realizará, primeramente se realizan pruebas para determinar qué supuestos cumplen los datos a analizar.

#### Hipótesis para normalidad

- Hipótesis nula (H<sub>0</sub>): Los datos obtenidos de la señal segmentada siguen una distribución normal
- Hipótesis alternativa (H<sub>1</sub>): Los datos obtenidos de la señal segmentada no siguen una distribución normal

#### Hipótesis para varianza

- Hipótesis nula (H<sub>0</sub>): Las varianzas de los datos comparados presentan homocedasticidad
- Hipótesis alternativa (H<sub>1</sub>): Los varianzas de los datos comparados no presentan homocedasticidad

### Hipótesis prueba paramétrica (t-student)

- Hipótesis nula (H<sub>0</sub>): No hay diferencia significativa entre la señal del sujeto con una afección neuromotora y un sujeto sano.
- Hipótesis alternativa (H<sub>1</sub>): Hay diferencia significativa entre la señal del sujeto con una afección neuromotora y un sujeto sano.

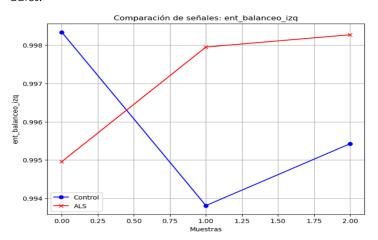
# Hipótesis prueba no paramétrica (Prueba U de Mann-Whitney)

- Hipótesis nula (H<sub>o</sub>): Las distribuciones de ambos grupos son iguales. En otras palabras, no hay diferencia en la ubicación (mediana) de las distribuciones de los dos grupos.
- Hipótesis alternativa (H<sub>1</sub>): Las distribuciones de los dos grupos son diferentes.

Cabe aclarar que el valor p-values debe ser mayor al 5% o 0.05 para aceptar la hipótesis nula, si es menor a este valor se rechaza y se acepta la hipótesis alternativa

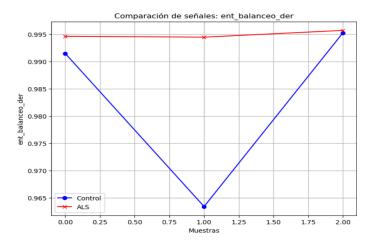
Según los resultados de los datos al aplicar las pruebas de normalidad y varianza para determinar qué hipótesis se cumple se procederá a aplicar una prueba paramétrica T-Test o una prueba no paramétrica Mann-Whitney U.

A continuación se muestran algunos de los resultados de las pruebas estadísticas hechas a una muestra de la base de datos:



Columna: ent\_balanceo\_izq Prueba realizada: t-test Estadístico: -0.7094634838190973 p-value: 0.5172030441535717 Normalidad Control (p-value): 0.686838635068145 Normalidad Enfermo (p-value): 0.16761900055705026 Homogeneidad de varianzas (p-value): 0.7656095173207919

Figura 7 y 8: Comparación de la entropía de permutación de señal segmentada de sujeto con ALS y sujeto sano en fase de balanceo izquierdo.



Columna: ent\_balanceo\_der
Prueba realizada: t-test
Estadístico: -1.1502844844392153
p-value: 0.3141172852197153
Normalidad Control (p-value): 0.2079843927438757
Normalidad Enfermo (p-value): 0.22947322034119277
Homogeneidad de varianzas (p-value): 0.3107640036300341

Figura 9 y 10: Comparación de la entropía de permutación de señal segmentada de sujeto con ALS y sujeto sano en fase de balanceo derecho.

En el grupo ALS, las diferencias fueron más evidentes en algunos parámetros clave:

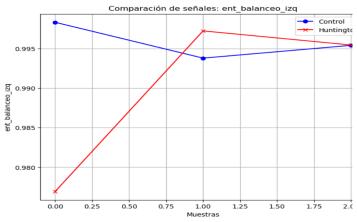
- ent\_intervalo\_izq y ent\_intervalo\_der: No se encontraron diferencias significativas (p > 0.05), lo que indica que la duración del intervalo no se vio afectada de manera considerable en el grupo ALS.
- sd\_balanceo\_izq (p = 0.002): Se encontró una diferencia altamente significativa en la desviación estándar del balanceo izquierdo, lo que sugiere una mayor variabilidad en el control motor en el lado

izquierdo en pacientes con ALS. Esto es coherente con los síntomas motores de la enfermedad, que incluye debilidad muscular progresiva y espasticidad, lo que podría alterar la estabilidad durante la marcha.

- sd\_intervalo\_izq (p = 0.015): También se encontró una diferencia significativa en la variabilidad del intervalo izquierdo, lo que refuerza la idea de que los pacientes con ALS muestran una mayor inestabilidad en la marcha.

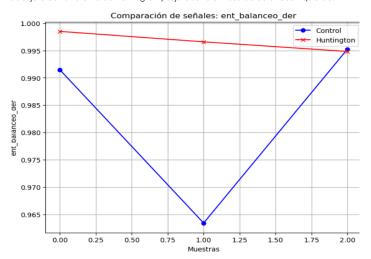
Como se puede observar al realizar la prueba de normalidad y varianza sobre los datos de las señales de muestra de la fase de balanceo, se obtuvo un valor que acepta la hipótesis nula para el caso de normalidad como para el caso de varianza. Una vez demostrado que los datos de ambas señales se distribuyen de manera normal y sus varianzas presentan homocedasticidad, se determina que se cumplieron los 2 supuestos para desarrollar una prueba t-student.

Como se obtuvo un valor p mayor a 0.05 se puede decir que no hay suficiente evidencia para rechazar la hipótesis nula de la prueba t. Esto sugiere que según los datos segmentados analizados no existe diferencia estadísticamente significativa entre los grupos comparados.[9]



Columna: ent\_balanceo\_izq Prueba realizada: t-test Estadístico: 0.9007386048232776 p-value: 0.4186562899492047 Normalidad Control (p-value): 0.686838635068145 Normalidad Enfermo (p-value): 0.15160575490049466 Homogeneidad de varianzas (p-value): 0.42731144035469076

Figura 11 y 12: Comparación de la entropía de permutación de señal segmentada de sujeto con síndrome de Huntinaton y sujeto sano en fase de balanceo izaujerdo.



Columna: ent\_balanceo\_der Prueba realizada: t-test Estadístico: -1.3147959199078505

p-value: 0.25889225766745516

Normalidad Control (p-value): 0.2079843927438757 Normalidad Enfermo (p-value): 0.9559413270083094 Homogeneidad de varianzas (p-value): 0.3467808193314578

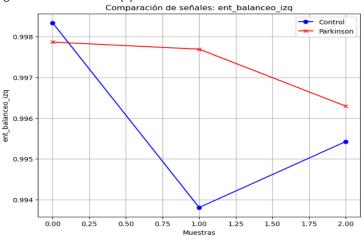
Figura 13 y 14: Comparación de la entropía de permutación de señal segmentada de sujeto con síndrome de Huntington y sujeto sano en fase de balanceo derecho.

El grupo de Huntington mostró diferencias menos pronunciadas en comparación con ALS y Parkinson:

- ent\_balanceo\_izq y ent\_balanceo\_der: No se observaron diferencias significativas (p > 0.05), lo que sugiere que el equilibrio durante el ciclo de marcha no varía significativamente en pacientes con Huntington en comparación con los controles.
- sd\_balanceo\_izq y sd\_balanceo\_der: Aunque no fueron estadísticamente significativas, las desviaciones estándar en el balanceo mostraron tendencia a ser más altas en el grupo Huntington. Esto podría reflejar la ataxia y la corea características de esta enfermedad, que podrían no haber sido suficientemente capturadas por el tamaño de muestra o la variabilidad inherente.

Como se puede observar en las imágenes cuando se realizan las pruebas de normalidad y varianza en los segmentos de las señales de la fase de balanceo, estas caen dentro de la zona de aceptación de las hipótesis nulas. Denotando con ello que los datos se distribuyen de manera normal y que presentan homocedasticidad.

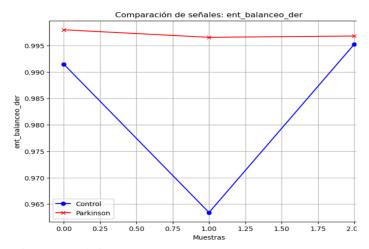
Una vez corroborado el cumplimiento de los supuestos se permite aplicar una prueba paramétrica, la t-student en este caso, para así demostrar el nivel de significancia que tienen los sujetos de estudio. Ya que el valor-p de la prueba es mayor a 0.05 indica que los datos no presentan diferencias significativas entre ellos [9].



Columna: ent\_balanceo\_izq Prueba realizada: t-test Estadístico: -1.008694610078291 p-value: 0.3701843610763914

Normalidad Control (p-value): 0.686838635068145 Normalidad Enfermo (p-value): 0.19295725466681923 Homogeneidad de varianzas (p-value): 0.35803393928612426

Figura 15 y 16: Comparación de la entropía de permutación de señal segmentada de sujeto con síndrome de Parkinson y sujeto sano en fase de balanceo izquierdo.



Columna: ent\_balanceo\_der Prueba realizada: t-test

Estadístico: -1.3677564203572463 p-value: 0.2431948572959415

Normalidad Control (p-value): 0.2079843927438757 Normalidad Enfermo (p-value): 0.3119621224076

Homogeneidad de varianzas (p-value): 0.3134281502585437

**Figura 17 y 18:** Comparación de la entropía de permutación de señal segmentada de sujeto con síndrome de Parkinson y sujeto sano en fase de balanceo derecho.

En el grupo de Parkinson, se realizaron t-tests y pruebas de Mann-Whitney U en diversas variables del ciclo de marcha. Los hallazgos principales son:

- ent\_intervalo\_izq y ent\_intervalo\_der: Ninguna diferencia estadísticamente significativa fue encontrada (p > 0.05), lo que sugiere que el intervalo de la marcha no varía de manera significativa entre los grupos de Parkinson y control.
- ent\_balanceo\_izq y ent\_balanceo\_der: No hubo diferencias significativas en los parámetros de balanceo (p > 0.05), lo que indica que el equilibrio durante el ciclo de balanceo no mostró alteraciones significativas entre el grupo control y el grupo de Parkinson.
- cv\_balanceo\_der (p = 1.0): Este resultado sugiere que no existen diferencias en la variabilidad del balanceo del lado derecho. Sin embargo, en general, se encontraron p-values altos para la mayoría de las columnas, lo que implica que no se detectaron diferencias estadísticamente significativas entre los grupos.
- sd\_balanceo\_der (p = 0.036): Se observó una diferencia significativa en la desviación estándar del balanceo derecho, sugiriendo que hay más variabilidad en este parámetro en el grupo con Parkinson. Esto podría indicar una falta de control motor fino en la marcha en personas con Parkinson, una característica clínica común.

Al aplicar las pruebas de normalidad y varianza, se determinó que los datos seguían una distribución normal y presentaban homocedasticidad. Esto permitió el uso de pruebas paramétricas, como la prueba t de Student, que son más potentes y ofrecen resultados más confiables siempre que los supuestos de normalidad y varianza se cumplan, como fue este caso para los datos segmentados de esta señal.

Al obtener resultados con la prueba t de Student, es importante analizar el valor p. Dado que el valor p está por

encima 0.05 indica que no existe una diferencia significativa entre los grupos estudiados, lo que sugiere que los factores de interés no tienen un impacto significativo y medible en las variables analizadas.[9]

**c.** Comparación de resultados obtenidos en el artículo base contra los resultados obtenidos en este estudio.

Antes de iniciar la comparación, es importante señalar que el estudio original realiza un análisis de los datos de marcha usando un parámetro de filtro diferente al usado en este estudio y que la función detrend es usada de forma diferente en el artículo base. Esto podría explicar alguna de las diferencias observadas entre ambos estudios.

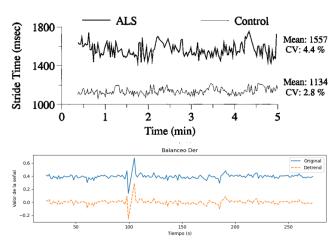


Figura 19: Comparación de la señal usada en el estudio base contra la señal filtrada usada en este estudio [10].

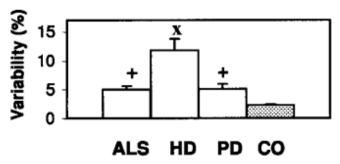


Figura 20: Variabilidad obtenida en el estudio base [10]

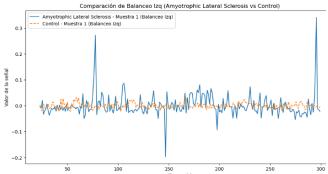


Figura 21: Variabilidad obtenida de un sujeto con ALS.

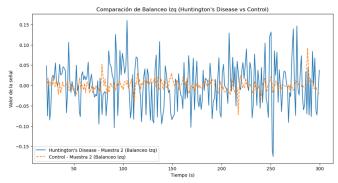


Figura 22: Variabilidad obtenida de un sujeto con síndrome de Huntington.

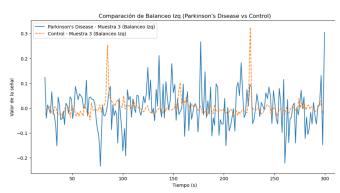


Figura 23: Variabilidad obtenida de un sujeto con síndrome de Parkinson.

Las imágenes permiten observar cómo los resultados obtenidos en el estudio base y los resultados obtenidos en este estudio tienen cierto grado de semejanza. Ya que en ambos estudios se observa cómo los sujetos con síndrome de Huntington son los que presentan impulsos motores más erráticos denotado así en la variabilidad de los resultados que estos pueden tener. Si bien en el estudio base los pacientes con ALS y síndrome de Parkinson tienen una variabilidad casi igual; el estudio actual permite denotar mejor que los sujetos con síndrome de parkinson denotan una variabilidad mayor en la activación neuromotora que los sujetos con ALS. Además que se logra observar un patrón no errático en los sujetos con síndrome de Parkinson.

Al comparar los resultados de las pruebas realizadas entre el grupo control y los grupos de Parkinson, ALS y Huntington con los hallazgos del artículo base, se destacan varias diferencias significativas en los patrones de marcha. En el artículo base, los sujetos con ALS mostraron un tiempo de stride más largo y una velocidad de marcha significativamente menor en comparación con los controles, lo que no se corroboró en los resultados de la comparación entre el grupo control y los pacientes con Parkinson o Huntington, donde los valores de p en las pruebas t para las variables como "ent\_intervalo\_iza" (p = 0.213), "ent\_balanceo\_der" (p = 0.243) y "sd\_balanceo\_der" (p = 0.179) indicaron diferencias no significativas. Por otro lado, en la comparación entre el grupo control y el grupo ALS, la prueba para "sd\_intervalo\_izq" mostró una diferencia significativa (p = 0.015), algo que no se observó en las comparaciones con Parkinson. Además, mientras que el artículo base reportó un incremento en la variabilidad del stride en pacientes con ALS, en las comparaciones con el grupo control se encontró que las diferencias en las variables "cv\_intervalo\_izq" y "cv\_balanceo\_der" no fueron significativas (p = 0.506 y p = 0.4, respectivamente), lo que sugiere que la irregularidad en la marcha observada en el artículo podría no replicarse en los nuevos análisis. Esto resalta la complejidad y variabilidad en los déficits de marcha entre las distintas

patologías neurodegenerativas y sugiere que las características de la marcha pueden ser influenciadas por factores específicos de cada enfermedad, lo que no se reflejó en los análisis de comparación de los grupos en esta ocasión, posiblemente debido a las limitaciones del análisis comentadas más adelante en el apartado de conclusiones.

d. Para analizar las diferencias entre grupos de poblaciones con padecimientos crónicos y grupos de control conformados por individuos sanos, es esencial utilizar herramientas estadísticas que permitan interpretar los datos de manera precisa. Las medidas como la media, desviación estándar, y medidas de sensibilidad y especificidad son fundamentales para evaluar la distribución que presentan los datos inicialmente, pero también para evaluar la efectividad de las pruebas paramétricas y diagnósticas, con el fin de determinar la relación entre las variables de estudio de los grupos de estudio.[11]

Teniendo en cuenta la relevancia de ciertas medidas en el estudio realizado se permite determinar que las medidas más significativas para discriminar poblaciones de controles clínicos son:

- Desviación estándar: Esta medida evalúa la variabilidad de los datos, indicando cuánto se desvían los valores del promedio. Una mayor desviación estándar en las poblaciones clínicas puede reflejar un comportamiento más errático en la marcha o en otros parámetros relevantes, lo que podría ser indicativo de la gravedad de la enfermedad [12].
- Media: Como medida de tendencia central, la media permite identificar el comportamiento general de una población. Comparar las medias entre grupos clínicos y controles puede evidenciar diferencias significativas que ayuden a entender los efectos de las patologías en las características funcionales [12].
- **Análisis de varianza (ANOVA):** Este método permite comparar las medias de tres o más grupos y determinar si hay diferencias significativas entre ellos. Es especialmente útil en estudios donde se evalúan múltiples grupos clínicos [13].
- Medidas de sensibilidad y especificidad: Estas métricas son esenciales para evaluar la precisión de las pruebas diagnósticas y determinar la capacidad de los parámetros analizados para identificar correctamente a los individuos con y sin la condición clínica [14].
- D de Cohen: Esta medida de tamaño del efecto permite cuantificar la magnitud de la diferencia entre grupos, lo que ayuda a entender no solo si hay una diferencia significativa, sino también cuán relevante es en términos prácticos [15].
- Análisis de regresión: Permite evaluar la relación entre variables, controlando otros factores que pueden influir en los resultados, y así identificar predictores significativos de los resultados clínicos [16].

#### 5. Conclusiones

Los resultados sugieren que las diferencias más pronunciadas en los parámetros de marcha se observan en los pacientes con ALS, con mayores niveles de variabilidad en la marcha, lo cual es consistente con la naturaleza progresiva de la enfermedad y la afectación a las neuronas motoras. En el grupo de Parkinson, aunque no se detectaron diferencias significativas en la mayoría de los parámetros, la mayor variabilidad en el balanceo derecho podría ser indicativa de problemas de control motor que afectan de manera más sutil la estabilidad y la coordinación. En cuanto a Huntington, los resultados son menos concluyentes, pero los indicios de mayor variabilidad en el balanceo podrían estar relacionados con la ataxia y los movimientos involuntarios propios de la enfermedad. Sin embargo, estos efectos no fueron significativos en este análisis.

También, es importante señalar algunas limitaciones de este análisis que podrían haber afectado los resultados e interpretaciones. En primer lugar, el tamaño reducido de la muestra puede haber disminuido la potencia estadística, limitando la capacidad de detectar diferencias significativas entre los grupos. Un tamaño de muestra mayor (aunque a un mayor costo operacional) podría haber permitido identificar con mayor claridad patrones y relaciones significativas que, en este análisis, pueden haberse pasado por alto. Además, aunque la base de datos incluye información sobre el grado de desarrollo o la gravedad de la enfermedad en los pacientes, estos factores no fueron considerados en este estudio. La inclusión de estos datos podría haber proporcionado una visión más detallada y precisa sobre la variabilidad en los resultados dentro de los grupos de pacientes. Al no considerar la gravedad de la enfermedad, es posible que se hayan agrupado individuos con diferentes grados de afectación, lo que podría haber contribuido a una mayor variabilidad en las mediciones y haber enmascarado diferencias relevantes entre los grupos.

Asimismo, el uso de pruebas como el t-test y la prueba de Mann-Whitney, aunque adecuadas para los tipos de datos y distribuciones observadas, tienen sus propias limitaciones. El supuesto de normalidad en los datos fue evaluado y, aunque en muchos casos se cumplió, en otros no se observó una distribución normal, lo que motivó el uso de pruebas no paramétricas. Sin embargo, la dependencia de estas pruebas puede haber influido en la capacidad para detectar diferencias finas en los datos.

En futuras investigaciones, sería valioso considerar la posibilidad de analizar subgrupos basados en la gravedad de la enfermedad y ampliar el tamaño de la muestra para mejorar la robustez y precisión de los resultados. También sería recomendable incorporar enfoques estadísticos más avanzados, como modelos mixtos o análisis multivariados, que permitan captar mejor la complejidad de los datos y las interacciones entre diferentes factores.

Finalmente, aunque el presente análisis ha permitido identificar algunas diferencias y similitudes en las mediciones de los diferentes grupos, se sugiere profundizar en estos resultados con estudios complementarios que consideren otras variables relevantes, como la medicación, el tiempo de diagnóstico y el progreso de la enfermedad, para obtener

una comprensión más completa de las diferencias entre los grupos control y las enfermedades neurodegenerativas analizadas.

#### 6. Referencias

- [1] "Gait in Neurodegenerative Disease Database".

  PhysioNet. [En línea]. Disponible: https://physionet.org/content/gaitndd/1.0.0/
- [2] "Permutation Entropy | Aptech". GAUSS Software Fastest Platform for Data Analytics | Aptech. [En línea]. Disponible: https://www.aptech.com/blog/permutation-entropy/
- [3] "Entropy analysis in gait research methodological considerations and recommendations". PubMed Central (PMC). [En línea]. Disponible: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8051436/
- [4] Postuma RB, Berg D, Stern M, et al. "MDS clinical diagnostic criteria for Parkinson's disease." Movement Disorders. 2015;30(12):1591-1601. DOI:10.1002/mds.26424
- [5] Walker FO. "Huntington's disease." The Lancet. 2007;369(9557):218-228.DOI:10.1016/\$0140-6736(07)60111-1
- [6] Turner MR, Talbot K. "ALS: diagnosis and management in the clinic." Practical Neurology. 2013;13(3):145-151. DOI:10.1136/practneurol-2013-000557
- [7] Virtanen, P. et al. (2020). SciPy 1.0: Fundamental Algorithms for Scientific Computing in Python. Nature Methods, 17, 261-272. https://doi.org/10.1038/s41592-019-0686-2
- [8] Pearson, R. K. (2002). Outliers in Process Modeling and Identification. IEEE Transactions on Control Systems Technology, 10(1), 55–63.
- [9] M, M. A., & M, M. A. (n.d.). ¿Qué significa realmente el valor de p? https://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci\_arttext&pid=\$11 39-76322017000500014
- [10] J. M. Hausdorff, A. Lertratanakul, M. E. Cudkowicz, A. L. Peterson, D. Kaliton y A. L. Goldberger, "Dynamic markers of altered gait rhythm in amyotrophic lateral sclerosis", J. Appl. Physiol., vol. 88, n.º 6, pp. 2045–2053, junio de 2000. https://doi.org/10.1152/jappl.2000.88.6.2045
- [11] Lazcano-Ponce, E., Salazar-Martínez, E., & Hernández-Avila, M. (n.d.). Estudios epidemiológicos de casos y controles. Fundamento teórico, variantes y aplicaciones. https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\_arttext&pi d=S0036-36342001000200009
- [12] A. Field, Discovering Statistics Using IBM SPSS Statistics, 4th ed. SAGE Publications, 2013.
- [13] D. C. Howell, Statistical Methods for Psychology, 8th ed. Cengage Learning, 2013.
- [14] M. S. Pepe, The Statistical Evaluation of Medical Tests for Classification and Prediction. Oxford University Press, 2003.
- [15] J. Cohen, Statistical Power Analysis for the Behavioral Sciences, 2nd ed. Lawrence Erlbaum Associates, 1988.
- [16] A. Field, Discovering Statistics Using IBM SPSS Statistics, 4th ed. SAGE Publications, 2013.