

UNIVERSIDAD CENTRAL DE VENEZUELA  
FACULTAD DE CIENCIAS  
ESCUELA DE FÍSICA



**ESTRATIFICACIÓN DE RIESGO DEL INICIO DE UN EVENTO DE  
FIBRILACIÓN AURICULAR PAROXÍSTICA USANDO  
APRENDIZAJE AUTOMÁTICO**

Trabajo Especial de Grado presentado por  
Gabriel Alejandro Quintero Castellanos  
ante la Facultad de Ciencias de la  
Ilustre Universidad Central de Venezuela  
como requisito parcial para optar al título  
de: **Licenciado en Física**  
Con la tutoría de: Prof. Esteban Álvarez

Mayo - 2024

Caracas-Venezuela



UNIVERSIDAD CENTRAL DE VENEZUELA  
FACULTAD DE CIENCIAS  
ESCUELA DE FÍSICA



**ESTRATIFICACIÓN DE RIESGO DEL INICIO DE UN EVENTO DE  
FIBRILACIÓN AURICULAR PAROXÍSTICA USANDO  
APRENDIZAJE AUTOMÁTICO**

Trabajo Especial de Grado presentado por  
Gabriel Alejandro Quintero Castellanos  
ante la Facultad de Ciencias de la  
Ilustre Universidad Central de Venezuela  
como requisito parcial para optar al título  
de: **Licenciado en Física**  
Con la tutoría de: Prof. Esteban Álvarez

Mayo - 2024  
Caracas-Venezuela





## VEREDICTO

Quienes suscriben, miembros del Jurado designado por el Consejo de la Escuela de Física de la Facultad de Ciencias de la Universidad Central de Venezuela, para examinar el Trabajo Especial de Grado presentado por Gabriel Alejandro Quintero Castellanos, Cédula de Identidad V-25.991.337, bajo el título “ESTRATIFICACIÓN DE RIESGO DEL INICIO DE UN EVENTO DE FIBRILACIÓN AURICULAR PAROXÍSTICA USANDO APRENDIZAJE AUTOMÁTICO”, a los fines de cumplir con el requisito legal para optar al grado de Licenciado en Física, dejan constancia de lo siguiente:

1. Leído como fue dicho trabajo por cada uno de los miembros del Jurado, éste fijó el día Lunes 14 de octubre de 2024, a las 9.00 am, para que el autor lo defendiera en forma pública, lo que éste hizo en la sala de seminarios “Guillermo Ruggeri” de la Escuela de Física, mediante un resumen oral de su contenido, luego de lo cual respondió satisfactoriamente a las preguntas que le fueron formuladas por el jurado; todo ello conforme a los artículos 20, 21, 22, 25, 26 y 28 de la Normativa de Trabajo Especial de Grado de la Licenciatura en Física de la Facultad de Ciencias de la UCV vigente.
2. Finalizada la defensa pública del trabajo, el jurado decidió declararlo aprobado por considerar que se ajusta a lo dispuesto y exigido en la Normativa de Trabajo Especial de Grado de la Licenciatura en Física de la Facultad de Ciencias de la UCV vigente en sus artículos 1, 5 y 6.

Se levanta la presente acta a los 14 días del mes de octubre de 2024 dejándose también constancia de que, conforme a la normativa jurídica vigente, actuó como coordinador del jurado el tutor del Trabajo Especial de Grado el Prof. Esteban S. Álvarez

Firma del jurado evaluador

---

Dr. Humberto Rojas  
Universidad Central de Venezuela



Msc. Manuel Arturo Fernández  
Universidad Central de Venezuela

---

Dr. Esteban S. Álvarez  
Universidad Central de Venezuela



"La vida no se trata de encontrarte a ti mismo.

La vida se trata de crearte a ti mismo."

-*George Bernard Shaw*



## Agradecimientos

Frente a una realidad país complicada para cualquier estudiante universitario, el apoyo de sus seres queridos resulta ser un pilar para su propia formación ya que las personas no llegan a donde están solos, sino con ayuda de quienes los acompañan. Por esto, el mérito no es para un individuo sino para un conjunto de personas.

Primeramente, no sé que sería de mi sin el apoyo y amor incondicional de mis padres, Ricardo Quintero y Yoanna Castellanos, quienes me dieron una crianza llena de amor, buenos valores, cariño, llena de oportunidades y sobretodo apoyo y los empujones necesarios para lograr cualquier idea loca que se me viniera a la cabeza. También a mis hermanos Ricardo y Yoanna puesto que me enseñaron la bendición de tener amistades eternas con las que tuve la dicha de compartir sangre.

Si bien los padres te crían, no son los únicos mentores que uno se encuentra en la vida y entre las tantas bendiciones que conseguí en mi querida UCV se ubica el sitio donde puedo decir sin titubear que encontré felicidad que es mi escuela de artes marciales donde conocí a otro de mis mentores Daniel Hernandez y muchos amigos que mas que amigos son mis hermanos, David Guisti, Ronald Tovar, Edgar Ugueto, los hermanos chacón (quienes además me ayudaron mucho dándome alojo durante mi servicio comunitario, siempre le estaré agradecido con eso), Enyer González y absolutamente todos con los que compartí en esa cancha de farmacia, hogar de infinidad de recuerdos muy gratos, un lugar de paz, tranquilidad, felicidad y sobretodo sudor y entrenamiento fuerte.

Se dice que los padrinos son aquellos que te cuidan cuando los padres no pueden hacerlo en momentos específicos y sin duda el kung fu me dio los mejores, Gabriela Atencio y Francisco Redondo, siempre agradezco los caminos de la vida que me hicieron coincidir con ustedes y sus hijos y mis pequeños hermanitos Sarabi y Gabriel, siempre los llevaré conmigo

Un agradecimiento especial para Sthefanny Marin, mi compañera de risas y locuras, pareja, amiga, quién me tuvo mucha paciencia durante todo este proceso pero también me impulso a no rendirme.

Amado Navas, quién fue de muchísima ayuda en momentos cruciales, con quién podía conversar en voz alta de todo este tema para llegar a ideas que me encaminaron más de una vez.

Finalmente, a mis alumnos de artes marciales, posiblemente no están conscientes pero en más de una situación me salvaron del desánimo y el pesar emocional y fueron, al igual que mis mentores, gran combustible para mantenerme de manera disciplinada y con "alma fuerte" frente a las adversidades que se presentaban. Gracias por el enorme apoyo cuando no podía darles mi 100 % debido a que debía concluir mis labores académicas. Sin ustedes

habría sido más difícil sin duda.

Sé que me falta muchísima gente, pero les aseguro estoy profundamente agradecido con todos, por más pequeña que crean que fue su ayuda para mí fue un gran apoyo y me ayudo a seguir, unas palabras de aliento, una palmada en la espalda muchas veces fue lo que necesité y múltiples veces me la brindaron.

Finalizo agradeciendo una frase del poema Piu Avanti de Pedro Bonifacio Palacios que siempre me ha acompañado y siempre me acompañará frente a las dificultades

”No te des por vencido, ni aún vencido  
no te sientas esclavo, ni aún esclavo”

## RESUMEN

La fibrilación auricular es la arritmia cardíaca más común en la práctica clínica y aumenta el riesgo a otros padecimientos graves como lo son los infartos, Enfermedad Cerebro-Vascular, taquicardia ventricular, fibrilación ventricular, entre otros, por lo que su diagnóstico temprano resulta ser de gran importancia médica. En este trabajo se utilizaron algunas herramientas del aprendizaje automático con la idea de discernir entre tres condiciones para un paciente: sano, enfermo pero lejano a un episodio de fibrilación auricular paroxística (FAP) y enfermo cercano al evento, persiguiendo como objetivo, la estratificación del riesgo de sufrir el episodio de FAP mencionado. El estudio tomó como base la variación de frecuencia cardíaca (VFC) tanto de segmentos de ECG de 30 minutos como de 5 minutos e inició con una etapa de preprocesamiento, en la cual se extrajeron los intervalos R-R, para posteriormente evaluar 12 índices de VFC en el dominio temporal, frecuencial y no lineal haciendo uso de métodos estadísticos, espectrales, gráficas de recurrencia y gráficas de Poincaré. Estos índices, organizados como vectores, luego fueron utilizados como entrada a los modelos de aprendizaje automático utilizados: el bosque aleatorio y el perceptrón multicapas (MLP). Los conjuntos de datos utilizados fueron *Atrial Fibrillation Prediction Database* y *Normal Sinus Rhythm Database* ofrecidos por Physionet (repositorio de datos de investigación médica de libre acceso, gestionado por el Laboratorio de Fisiología Computacional del MIT); éstos contienen serie de registros de datos de 30 min que finalizan justo antes de un episodio de FAP y otros que están al menos a 45 min de un episodio FAP. La segunda base de datos son una serie de registros de ECGs de término largo de sujetos sanos. Los puntajes de exactitud, precisión, sensibilidad y puntaje F1 de los segmentos de 30 minutos fueron 94.12 %, 95.29 %, 94.12 % y 94.18 % respectivamente para el MLP y 76.47 %, 80.88 %, 77.65 %, para el bosque aleatorio. Por otro lado, para los segmentos de 5 minutos, los puntajes fueron 82.93 %, 83.56 %, 82.93 % y 82.53 % para el MLP y 75.61 %, 75.92 %, 75.66 % para el bosque aleatorio.

**Palabras clave:** ECG, arritmia cardíaca, fibrilación auricular, aprendizaje automático, aprendizaje profundo, variación de frecuencia cardiaca



# Índice general

<b>Lista de figuras</b>	<b>13</b>
<b>Lista de tablas</b>	<b>15</b>
<b>1. Introducción</b>	<b>17</b>
1.1. Planteamiento del problema . . . . .	19
1.2. Objetivos . . . . .	20
1.2.1. Objetivo general . . . . .	20
1.2.2. Objetivos específicos . . . . .	20
1.3. Justificación . . . . .	21
<b>2. Marco teórico</b>	<b>23</b>
2.1. Fisiología cardíaca . . . . .	23
2.1.1. El corazón . . . . .	23
2.1.2. Física del corazón . . . . .	24
2.2. El electrocardiograma (ECG) . . . . .	30
2.2.1. Ondas y segmentos electrocardiográficos . . . . .	30
2.2.2. El eje eléctrico del corazón . . . . .	32
2.2.3. Ubicación de los electrodos y derivaciones . . . . .	32
2.2.4. El electrocardiógrafo . . . . .	35
2.2.5. Ritmos cardíacos . . . . .	37
2.2.6. Fibrilación Auricular (FA) . . . . .	39
2.3. Modelos clasificadores . . . . .	41
2.3.1. Aprendizaje automático . . . . .	41
2.3.2. Aprendizaje supervisado . . . . .	42
2.3.3. Aprendizaje no supervisado . . . . .	42
2.3.4. Modelos de entrenamiento . . . . .	43
2.3.5. Árboles de decisión . . . . .	43
2.3.6. Bosques aleatorios . . . . .	46

2.3.7. Redes neuronales artificiales (ANN) . . . . .	47
<b>3. Estado del arte</b>	<b>63</b>
3.1. Revisión de artículos . . . . .	64
3.2. Resumen de la revisión de artículos . . . . .	67
<b>4. Metodología</b>	<b>69</b>
4.1. Base de datos . . . . .	69
4.2. Método propuesto . . . . .	70
4.2.1. Preprocesamiento . . . . .	70
4.2.2. Extracción de atributos . . . . .	70
4.2.3. Análisis de varianza (ANOVA) . . . . .	79
4.2.4. Clasificación . . . . .	79
4.2.5. Bosque aleatorio . . . . .	80
4.3. Métricas de evaluación . . . . .	81
<b>5. Resultados</b>	<b>85</b>
5.1. Extracción de atributos . . . . .	85
5.1.1. Atributos frecuenciales: . . . . .	85
5.1.2. Atributos no lineales . . . . .	85
5.2. Resultados de la prueba ANOVA . . . . .	88
5.2.1. Verificación de las condiciones para un ANOVA . . . . .	89
5.3. Clasificación . . . . .	97
5.3.1. Perceptrón multicapas . . . . .	97
5.3.2. Bosques aleatorios . . . . .	102
<b>6. Conclusiones y recomendaciones</b>	<b>107</b>
6.1. Conclusiones . . . . .	107
6.2. Recomendaciones . . . . .	108

# Índice de figuras

2.1.	Sistema del circuito cardiovascular que indica el porcentaje de distribución del gasto cardiaco a varios sistemas orgánicos en un individuo en descanso. [1]	24
2.2.	Factores que influyen en el flujo de líquido a través de un tubo. . . . .	25
2.3.	Sistema de conducción del músculo cardíaco . . . . .	27
2.4.	Sístole ventricular y diástole ventricular . . . . .	27
2.5.	Diferencias de concentración de iones de sodio y potasio . . . . .	28
2.6.	Potenciales de acción de respuesta rápida (izquierda) y lenta (derecha) . .	29
2.7.	Morfología típica de un ECG en un paciente sano. [2] . . . . .	32
2.8.	Dirección del vector cardíaco [3] . . . . .	33
2.9.	Morfología de las 12 derivadas de un ECG [2] . . . . .	34
2.10.	Ubicación de los electrodos para el registro de un ECG [2] . . . . .	34
2.11.	Eje eléctrico de un ECG . . . . .	35
2.12.	Esquema del funcionamiento del electrocardiógrafo . . . . .	36
2.13.	Diagrama de bloques de un electrocardiógrafo [3] . . . . .	38
2.14.	Árbol de decisión para clasificación de flores iris. [4] . . . . .	44
2.15.	Árbol de decisiones sin restricciones vs árbol de decisiones regularizado [4]	46
2.16.	Clasificador por mayoría de votos [4] . . . . .	47
2.17.	Neurona Biológica [4] . . . . .	48
2.18.	Perceptrón simple . . . . .	49
2.19.	Función sigmoidea . . . . .	52
2.20.	Descenso del gradiente . . . . .	53
2.21.	Red neuronal artificial . . . . .	55
2.22.	Funciones de activación [4] . . . . .	58
2.23.	Validación cruzada de k-pliegues [4] . . . . .	60
2.24.	Curva de pérdida en función a la iteración o época [5] . . . . .	61
2.25.	Curvas de aprendizaje y pérdida [4] . . . . .	61
2.26.	Curvas de aprendizaje para multiples tasa de aprendizaje $\alpha$ [4] . . . . .	62
4.1.	Señal de VFC sin correcciones (arriba) y señal VFC corregida (abajo) . .	71

4.2. Muestra de PSD usando el método de Welch [6] . . . . .	74
4.3. Gráfica de Poincaré [6] . . . . .	75
4.4. Pasos para la creación de una gráfica de recurrencia . . . . .	77
4.5. Diagrama metodológico . . . . .	81
4.6. Matriz de confusión y sus métricas . . . . .	81
4.7. Matriz de confusión multiclasa [7] . . . . .	83
5.1. PSD de señal de 30 min de paciente sano muestra 16272 (arriba) lejano muestra p09(medio) cercano muestra p08(abajo) . . . . .	86
5.2. PSD de señal de 5 min de paciente sano 16272 (arriba) lejano muestra p09(medio) muestra p08 cercano(abajo) . . . . .	87
5.3. Gráfica de Poincaré de un paciente sano muestra 16272 (izquierda) un paciente lejano a un episodio FAP muestra p09(centro) y uno cercano a un episodio FAP muestra p08 (derecha) . . . . .	88
5.4. Gráfica de recurrencia de un paciente sano muestra 16272 (izquierda) un paciente lejano a un episodio FAP muestra p05(centro) y uno cercano a un episodio FAP muestra p02 (derecha) . . . . .	89
5.5. KDE plot y Q-Q plot de los atributos extraídos de muestras de 30 min . . . . .	91
5.6. KDE plot y Q-Q plot de los atributos extraídos de muestras de 5 min . . . . .	92
5.7. Gráfica KDE y Q-Q de los datos de 5 min transformados . . . . .	93
5.8. Gráfica KDE y Q-Q de los datos de 30 min transformados . . . . .	93
5.9. Resultados prueba ANOVA para muestras de 30 min. . . . .	95
5.10. Resultados prueba ANOVA para muestras de 5 min. . . . .	95
5.11. Curva de pérdida (izquierda) y curva de aprendizaje (derecha) . . . . .	98
5.12. Matriz de confusión MLP muestras de 30 min . . . . .	99
5.13. Curva de pérdida (izquierda) y curva de aprendizaje (derecha) . . . . .	100
5.14. Matriz de confusión MLP muestras 5 min. . . . .	101
5.15. Matriz de confusión bosque aleatorio 30 minutos . . . . .	104
5.16. Matriz de confusión bosque aleatorio 5 minutos . . . . .	105

# Índice de tablas

5.1.	Tabla de asimetría para muestras de 30 minutos de todas las clases . . . . .	90
5.2.	Tabla de asimetría para muestras de 5 minutos de todas las clases . . . . .	91
5.3.	Tabla de asimetría para muestras de 30 min transformadas de todas las clases . . . . .	94
5.4.	Tabla de asimetría para muestras de 5 min transformadas de todas las clases	94
5.5.	Resultados de la validación cruzada de segmentos de 30 min . . . . .	98
5.6.	Métricas modelo MLP 30 min . . . . .	98
5.7.	Resultados de la validación cruzada de segmentos de 5 min . . . . .	100
5.8.	Métricas modelo MLP 5 min . . . . .	101
5.9.	Validación cruzada Bosques aleatorios 30min . . . . .	103
5.10.	Métricas modelo Bosque aleatorio 30 min . . . . .	103
5.11.	Validación cruzada Bosques aleatorios 5min . . . . .	104
5.12.	Métricas modelo Bosque aleatorio 5 min . . . . .	105
5.13.	Comparativa entre modelos clasificadores . . . . .	106



# Capítulo 1

## Introducción

El cuerpo humano, como sistema físico, no suele cambiar de manera súbita de un estado sano a un estado enfermo; estos procesos de deterioro de la salud suelen ser progresivos y evolutivos y van ocurriendo al transcurrir el tiempo. Las enfermedades cardiovasculares son un ejemplo de estos procesos de deterioro y al transcurrir el tiempo éstas tienden a evolucionar a estados crónicos. En nuestro país, son la mayor causa de muertes siendo responsable del 30 % de ellas [8]. Las arritmias cardíacas son un problema del ritmo cardíaco en el cual se tienen secuencias de latidos irregulares; cuando es demasiado rápido se le llama taquicardia y cuando es demasiado lento se le llama bradicardia. Su causa suele ser debida a diferentes trastornos del corazón. En particular, la FA es el tipo de arritmia cardíaca más común en la práctica clínica, afectando del 2-4 % de la población mundial adulta y alrededor del 8.5 % de la población mayor a 60 años [9]. Además, esta enfermedad genera un impacto socio-económico debido a que hay un aumento de hasta el 26.56 % de costos médicos para hombres y de 11.72 % en mujeres de 65-74 años, sin contar el aumento de mortalidad de 24.4 % y 17.0 % respectivamente al mismo grupo[10]. Así, este padecimiento se traduce en un problema de salud pública que resulta de gran importancia no solo de tratar sino de prevenir, ya que uno de los grandes principios de la salud pública, reside en la prevención de la enfermedad más allá que en la cura.

Como se ha expresado, al ser la prevención más efectiva contra las enfermedades que conseguir una cura, resulta útil el desarrollo de métodos que permitan predecir dichos padecimientos. Todo comenzó con un reto llamado *Computers in cardiology 2001* en donde Physionet y la asociación Computing in cardiology, habilitaron la base de datos AFPDB para realizar una estratificación de riesgo de FAP, donde múltiples participantes publicaron distintos modelos pero haciendo algoritmos de dos pasos, donde el primer paso consistía en diferenciar los casos sanos de los enfermos (en el cual [11] obtuvo el mejor puntaje con un 82 % de clasificación) y el segundo paso consistía en diferenciar los casos

lejanos de los casos cercanos (en el cual [12] obtuvo el mejor puntaje con un 79 % ). En los últimos años se han realizado numerosos estudios en los que se desarrollan distintos algoritmos que han mejorado estos puntajes pero están principalmente enfocados en poder diferenciar entre pacientes que están lejanos a un episodio FAP y pacientes que están cercanos a un episodio FAP o, en su defecto, de sujetos sanos y pacientes cercanos a un episodio FAP.

De acuerdo con la investigación bibliográfica realizada, no hay trabajos que se enfoquen en el estudio de la estratificación de riesgo entre un estado sano y un estado de FA, resolviendo un problema de clasificación entre 3 clases: pacientes sanos pacientes lejanos y pacientes cercanos, utilizando un algoritmo multiclasa de aprendizaje automático. Para poder detectar estos cambios, resulta de gran importancia caracterizar las dinámicas de los sujetos que sean considerados sanos, de otros que estén a cierta distancia temporal de un episodio de FAP y finalmente los que estén cercanos a un episodio de FAP, para generar los vectores de atributos que permita al algoritmo poder diferenciar cada uno de los casos.

En este trabajo se utilizaron señales de VFC y posteriormente se midieron estimadores temporales, espectrales y no lineales. Dado que las señales VFC son no lineales y no gaussianas naturalmente, este tipo de características pueden describir efectivamente el comportamiento de la señal VFC antes de los episodios de FAP[13]. El estudio de las características espectrales resulta de gran utilidad, debido a que la dinámica cardíaca en altas y bajas frecuencias, está asociada al sistema nervioso autónomo: la alta frecuencia tiene relación con el sistema parasimpático y la baja frecuencia con el sistema simpático; ambos son afectados antes del ataque de FAP, por lo que resulta favorable el estudio del espectro de potencias. Por otro lado, el análisis no lineal permite realizar un mapeo de las irregularidades cardíacas en un espacio característico, lo cual permite obtener ciertas métricas que ayudan a caracterizar mejor la dinámica del sistema antes de un episodio de FAP. Las herramientas utilizadas fueron las gráficas de Poincaré que permite ver una dispersión de datos donde cada punto temporal se compara con el siguiente y las gráficas de recurrencias, que han presentado una propiedad fundamental en el estudio de sistemas dinámicos y se puede utilizar para caracterizar el sistema haciendo uso del espacio de fases.

Para lograr la predicción deseada se ensayaron dos modelos de aprendizaje automático: los bosques aleatorios, que fueron inicialmente propuestos por [14] y consisten en un ensamble de múltiples árboles de decisión, resultando efectivos para evitar el sobreajuste al momento de generalizar y, por otro lado, se utilizó un perceptrón multicapas (MLP), grupo de neuronas computacionales colocadas en múltiples capas y con funciones de activación

---

no lineales que permite aproximar relaciones entre datos de entrada y de salida. Ambos modelos forman parte de las estrategias de clasificación multiclas supervisadas, es decir, dado ciertas etiquetas denominadas como "verdad" el modelo realiza predicciones en función a un aprendizaje basado en dichas etiquetas.

Este trabajo está estructurado de la siguiente forma: en el capítulo 2 se hace referencia a todos los conceptos teóricos necesarios para el entendimiento de la metodología, en el capítulo tres se explica detalladamente los pasos a seguir para obtener los resultados deseados, en el capítulo 4 se expresan los resultados obtenidos con su respectiva discusión y análisis y finalmente en el capítulo 5 se presentarán las conclusiones más relevantes a las que se llegaron y las recomendaciones sugeridas.

## 1.1. Planteamiento del problema

El cuerpo humano experimenta deterioros en la salud de manera progresiva, siendo las enfermedades cardiovasculares un ejemplo destacado de este proceso, con una prevalencia significativa en el país, causando el 30 % de las muertes. Las arritmias cardíacas, que incluyen la taquicardia y la bradicardia, son trastornos del ritmo cardíaco con la fibrilación auricular (FA) como la más común en la práctica clínica. Además, la FA genera un impacto socio-económico considerable, aumentando los costos médicos en un 26.56 % en hombres y 11.72 % en mujeres de 65-74 años [9], además de elevar la mortalidad en esos grupos. Esto convierte a la FA en un problema de salud pública que subraya la importancia de la prevención frente al tratamiento.

La prevención de enfermedades, más efectiva que la cura, impulsa el desarrollo de métodos predictivos. Dado este interés en el desarrollo de herramientas de pronóstico, se creó el desafío "Computers in Cardiology 2001", el cual introdujo la base de datos AFPDB para estratificar el riesgo de FA, donde se publicaron diversos modelos enfocados en la diferenciación de pacientes lejanos y cercanos a episodios de FA, a través de datos provenientes del ECG de múltiples sujetos, usando herramientas computacionales y estadísticas.

La propuesta de investigación tiene como objetivo fundamental poder diferenciar, dentro de un grupo de pacientes, aquellos que requieran de una observación con prioridad, debido a la presencia, en sus registros electrocardiográficos, de patrones similares a los observados en registros cercanos que preceden a eventos de arritmia tipo FA. A partir de la clasificación establecida usando las técnicas de aprendizaje automático se establecerá la estatificación de riesgo de inicio de un evento de FA.

Para ello se identificarán segmentos cercanos y lejanos de registros de secuencias de

---

intervalos RR que precedan eventos de FA, además de seleccionar registros en pacientes que han sido identificados como normales con ausencia de eventos arrítmicos. En dichos segmentos serán evaluados un conjunto de índices de Variabilidad de la Frecuencia Cardiaca (VFC), que servirán como atributos de entrada en el entrenamiento de modelos de clasificación por aprendizaje supervisado. Los registros a estudiar serán descargados desde la base de datos Physionet, base de datos internacional que sirve de recurso para la investigación de señales fisiológicas complejas y cuya actualización y mantenimiento está a cargo de investigadores e ingenieros del Laboratorio de Fisiología Computacional del MIT. Para realizar el estudio se considerará evaluar segmentos de diferentes longitudes temporales e identificar los estimadores de VFC más relevantes, entre otras variantes, en pro de optimizar el modelo requerido, que apunte a procedimientos que requieran menos tiempo de cómputo y que el médico especialista disponga de la información de esta herramienta en el menor tiempo posible.

## 1.2. Objetivos

### 1.2.1. Objetivo general

Establecer un marco metodológico para identificar pacientes más próximos a padecer un evento de Fibrilación Auricular Paroxística (FAP), aplicando técnicas de aprendizaje automático, a partir de registros temporales RR.

### 1.2.2. Objetivos específicos

1. investigación bibliográfica de fundamentos teóricos vinculados a:
    - Electrofisiología cardiaca, Fibrilación Auricular (FA).
    - Aprendizaje automático (machine learning) y software tal como Scikit- learn entre otros, que permitan evaluar algoritmos y/o técnicas supervisadas, para determinar el modelo que mejor se ajuste a los datos.
  2. Acceder a la base de datos internacional Physionet (registros electrocardiográficos) para descargar registros que preceden episodios de FA y registros en pacientes sanos.
  3. Selección de las muestras (secuencias de intervalos RR) a partir de la zona previo al episodio de FA y su etiquetado como secuencia lejana o secuencia cercana al episodio, que luego serán utilizadas en la construcción del modelo de clasificación.
-

4. Evaluar en las muestras seleccionadas un conjunto de índices temporales, frecuenciales y no lineales como atributos de entrada a los modelos a estudiar para la clasificación de los registros.
5. Evaluar segmentos de diferentes longitudes temporales e identificar los estimadores de VFC más relevantes.
6. Entrenar modelos de clasificación de aprendizaje supervisado tales como perceptrón multicapa y bosques aleatorios, entre otros.
7. Evaluar e interpretar los modelos, usando diferentes métricas de calidad.
8. Aplicar el modelo a nuevos datos y generar el mapa de estratificación de riesgo con los casos certificados en la base de datos Physionet.

### 1.3. Justificación

La arritmia más común en la práctica clínica es la Fibrilación Auricular (FA). En la FA, el proceso de activación normal, regular, coordinado y secuencial de las aurículas se pierde, todo lo cual tiende a perpetuar el proceso caótico o fibrilatorio, [2-9], aumentando el riesgo de una insuficiencia dinámica severa, angina de pecho, embolismos pulmonares, fibrilación y taquicardia ventricular, entre otros. Desde una perspectiva social, la FA tiene un sustancial impacto sobre la morbilidad de la población, gastos en atención sanitaria y, posiblemente, mortalidad. La evolución de esta arritmia inicia en el caso paroxístico donde el episodio tiene una duración menor a 7 días. Sin embargo, al avanzar el tiempo, el estatus de los pacientes tiende a evolucionar de paroxístico a sostenido, de allí proviene la importancia de su estudio y caracterización para el establecimiento de herramientas que contribuyan en la detección preventiva de la aparición de la FA, basada en técnicas no invasivas, lo cual es un estudio clínicamente importante, que puede ser muy valioso para evitar intervenciones terapéuticas inútiles y minimizar los riesgos para los pacientes.

Este estudio propone un método para estratificar la posible aparición de eventos de FA basado en el análisis de secuencias de intervalos RR, utilizando técnicas de aprendizaje automático para identificar segmentos en intervalos temporales con características similares a los que preceden a la aparición de eventos de FA. La necesidad de anticiparse a los eventos arrítmicos es esencial para minimizar sus consecuencias. [1, 5-6, 10].

---

Aunque las arritmias se han estudiado ampliamente, el problema actual es la incapacidad de predecir cuándo se producirá un evento debido a la complejidad del sistema dinámico y a la dificultad de comprender sus principios físicos. En medicina, una de las principales líneas de investigación es la búsqueda o identificación de «precursores» asociados a fenómenos críticos antes de un evento arrítmico. Este estudio pretende abordar esta cuestión, mediante la aplicación de diversas metodologías de reconocimiento sobre datos electrocardiográficos o registros ECG, permitiendo la identificación de posibles «precursores» y una mejor comprensión del fenómeno físico mencionado.

# **Capítulo 2**

## **Marco teórico**

### **2.1. Fisiología cardíaca**

#### **2.1.1. El corazón**

En el cuerpo humano, el oxígeno es fundamental para la nutrición de los tejidos. El proceso mecánico para transportar el oxígeno a los tejidos involucra un bombeo de la sangre que realiza el corazón en el cual la sangre le llega desde las venas y se envían al resto del cuerpo a través de las arterias. Típicamente, y para facilidad de análisis anatómico, se secciona al corazón en cuatro partes: dos cámaras superiores llamadas aurículas las cuales están separadas entre si por una pared llamada tabique inter-auricular y dos cámaras inferiores llamadas ventrículos.

Por otro lado, dejando de lado el punto de vista anatómico y tomando un punto de vista funcional, el corazón se puede separar de manera esquemática en 3 partes: bomba del corazón derecho, bomba del corazón izquierdo y tejido muscular cardíaco. Además, se puede dividir al sistema cardiovascular en dos secciones:

- Circulación pulmonar
- Circulación sistémica

En la figura 2.1 se puede ver esquematizado el sistema cardiovascular en dos partes. La primera parte está compuesto por el corazón derecho y los pulmones, la segunda parte viene formada por la bomba del corazón izquierdo el cual proporciona sangre a los órganos sistémicos. El flujo de sangre pasa desde la bomba del corazón derecho hacia los pulmones a través de la arteria pulmonar, posteriormente el flujo se dirige desde los pulmones hacia la bomba de corazón izquierdo circulando por la vena pulmonar para que finalmente desde

la bomba del corazón izquierdo la sangre salga por la arteria aorta para ser distribuida en distintos porcentajes en los demás órganos del cuerpo.

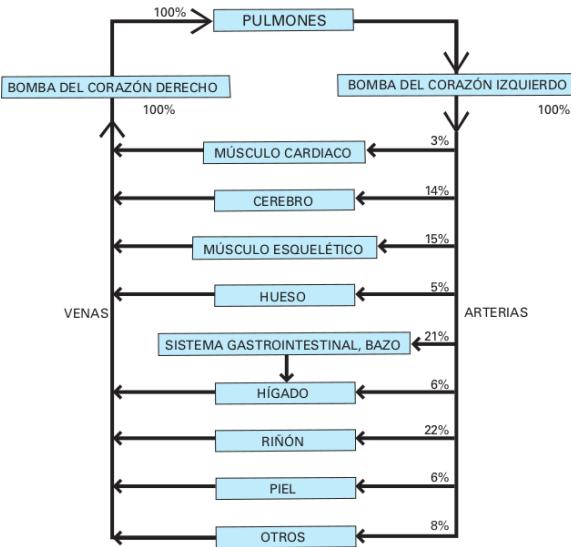


Figura 2.1: Sistema del circuito cardiovascular que indica el porcentaje de distribución del gasto cardiaco a varios sistemas orgánicos en un individuo en descanso. [1]

## 2.1.2. Física del corazón

### 2.1.2.1. Flujo sanguíneo

El cuerpo humano como sistema se esfuerza constantemente para no permitir que las variables externas del ambiente perturben las condiciones necesarias de vida dentro del organismo. Este proceso de estabilización es conocido como homeostasis y resulta de suma importancia ya que el bienestar de las células individuales depende de este mecanismo de regulación del líquido intersticial, debido a que este líquido no es un gran reservorio de nutrientes y, por lo tanto, se requiere de una exposición continua de este líquido al líquido plasmático circulante.

Para que el mecanismo circulatorio controle de manera efectiva la composición del líquido intersticial se requiere de:

- Suficiente flujo de sangre a través de los tejidos capilares.
- Una composición controlada de la sangre arterial y que se conserve en óptimas condiciones en el líquido intersticial.

Para que haya un flujo de sangre adecuado a través de los vasos sanguíneos, el sistema debe adecuarse en función al gasto cardíaco de la persona. Para comprender la operación

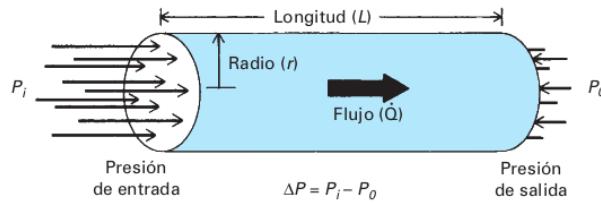


Figura 2.2: Factores que influyen en el flujo de líquido a través de un tubo.

del sistema hace falta realizar un estudio de los factores físicos que determinan el flujo de un líquido a través de un conducto.

Consideremos un conducto de longitud  $L$  y radio interno  $r$  a través del cual fluye la sangre como se visualiza en la figura 2.2. En los bordes del mismo tenemos una presión de entrada  $P_i$  y una presión de salida  $P_o$ , en el conducto habrá un flujo siempre y cuando estas presiones sean diferentes ya que esto es lo que produce una fuerza motriz para la existencia de flujo.

Por otro lado, además de la diferencia de presión  $\Delta P$  se debe tomar en cuenta otros factores como lo son: la viscosidad del líquido, el radio del conducto, la longitud y la fricción entre el líquido y las paredes del conducto, de manera que todos estos factores producen una resistencia al movimiento del líquido en las paredes del conducto. Tomando en consideración lo antes explicado, se puede formular una ecuación básica del flujo:

$$Q = \frac{\Delta P}{R} \quad (2.1)$$

donde

$Q$  es el índice de flujo [ $\frac{\text{volumen}}{\text{tiempo}}$ ]

$\Delta P$  es la diferencia de presiones [ $\text{mmHg}$ ]

$R$  es la resistencia al movimiento del flujo [ $\frac{\text{mmHg} \cdot \text{tiempo}}{\text{volumen}}$ ]

De donde surge la siguiente pregunta ¿cuál sería una manera de escribir esta resistencia que depende de dichos factores en una ecuación?

El físico francés Jean Leonard Marie Poiseuille (1799 - 1869) llevó a cabo experimentos sobre fluidos a través de tubos capilares de vidrio y dio con la ecuación de resistencia que siente el líquido a través de un capilar, la cual es:

$$R = \frac{8L\eta}{\pi r^4} \quad (2.2)$$

donde

$L$  es la longitud

$\eta$  es la viscosidad del líquido

$r$  es el radio

al sustituir en la ecuación (2.1) obtenemos

$$Q = \Delta P \frac{\pi r^4}{8L\eta} \quad (2.3)$$

A pesar de que el flujo depende tanto de la longitud como de la viscosidad, estas no son cantidades fácilmente alterables en el organismo. Sin embargo, el radio de los vasos sanguíneos si es una cantidad modificable en el organismo y por lo tanto resulta ser un parámetro que permite la variación en la presión en los vasos sanguíneos para que haya flujo de sangre y, además, al estar elevado a la cuarta potencia, resulta ser primordial a la hora de regular el flujo de dicho fluido en el cuerpo.

Debido a que la diferencia de presión es necesaria para que haya flujo de sangre a través de los vasos de un órgano, la tarea principal de la bomba cardíaca es conservar la presión de las arterias (100 mmHg) mayor que el de las venas (cerca de 0 mmHg)

### 2.1.2.2. Actividad eléctrica de las células del músculo cardíaco

Para realizar un bombeo eficaz, el corazón requiere una coordinación precisa al momento de contraerse. Esto ocurre gracias a la excitación eléctrica sincrónica de millones de células individuales a lo largo del músculo cardíaco. Este impulso eléctrico excitativo es llamado potencial de membrana. Por otro lado, algunas zonas del corazón se encargan de controlar la frecuencia de excitación cardíaca, la vía de conducción y el índice de propagación del impulso. Los componentes más importantes de estas zonas son el nodo sinoauricular, el fascículo de Bachman, el nodo auriculoventricular, el fascículo de His y las ramas fasciculares derecha e izquierda integradas por las fibras de Purkinje.

El sistema de conducción eléctrico se puede visualizar en la figura 2.3 inicia en el nodo sinoauricular, el cual es llamado "marcapasos" y se ubica en la zona superior de la aurícula derecha. De ahí, el impulso se propaga hacia la aurícula derecha a través de los haces internodales llegando a la aurícula y, a través del fascículo de Bachman, se propaga el impulso eléctrico hacia la aurícula izquierda. Luego, el impulso llega al nodo auriculoventricular creando un ligero retraso para que la aurícula se vacíe. Así, el impulso eléctrico pasa a recorrer el haz de His el cual tiene ramificaciones tanto en el ventrículo derecho como en el izquierdo para que, finalmente, llegue a las fibras de Purkinje quien activa la masa de miocardio entera desde la superficie endocárdica a la superficie epicárdica.

En el momento en que ocurre el impulso eléctrico para la contracción de músculo ventricular, se genera una tensión circunferencial en las paredes ventriculares, esto hace

---

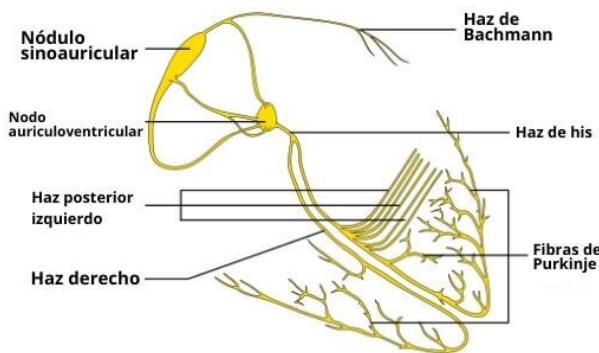


Figura 2.3: Sistema de conducción del músculo cardíaco

que la presión dentro de la cámara aumente expulsando la sangre a través de la válvula pulmonar en el momento en que esta presión excede a la presión de la arteria pulmonar (bomba derecha) o en la aorta (bomba izquierda). Esta contracción es llamada sístole (lado izquierdo de la figura 2.4)

Al exceder la presión del ventrículo con respecto al de la aurícula, la válvula auriculoventricular permanece cerrada. Posteriormente, cuando las células del músculo ventricular se relajan, la presión de la aurícula pasa a ser mayor a la del ventrículo, haciendo que se cierre la válvula pulmonar y se abra la válvula auriculoventricular permitiendo el paso de sangre hacia el ventrículo llenándolo de nuevo. este proceso es llamado diástole (lado derecho de la figura 2.4)

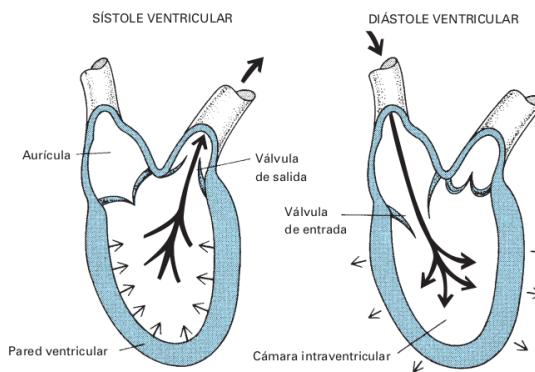


Figura 2.4: Sístole ventricular y diástole ventricular

Para comprender las propiedades eléctricas del músculo cardíaco, se deben entender las propiedades eléctricas básicas de las membranas celulares excitables.

Todas las células poseen un potencial eléctrico a través de sus membranas. Esto ocurre debido a que en el citoplasma hay diferentes concentraciones iónicas con respecto a las del intersticio, ocasionando así tanto un gradiente de concentración como un gradiente

eléctrico como podemos apreciar en la figura 2.5 . Este potencial eléctrico funciona para desencadenar las contracciones del corazón; sístole y diástole. Los tres iones más importantes de la membrana cardiaca son el sodio ( $\text{Na}^+$ ) y calcio ( $\text{Ca}^{2+}$ ) con una mayor concentración en el líquido intersticial que en el interior de la célula y los iones de potasio ( $\text{K}^+$ ) que tienen mayor concentración en el interior de la célula que en el líquido intersticial. La manera en como los iones se mueven a través de la membrana ocurre por canales que son específicos para cada ion y que existen en configuraciones abiertas cerradas o inactivas.

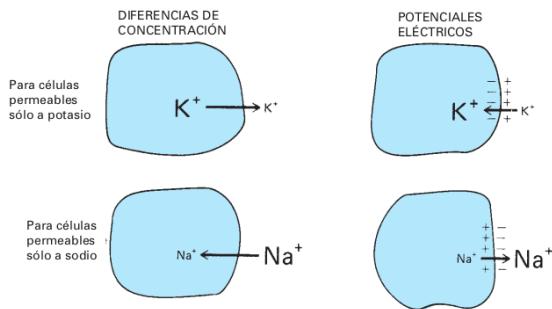


Figura 2.5: Diferencias de concentración de iones de sodio y potasio

Las células del corazón no son todas iguales entre si, están los miocitos que se encargan de la contracción cardíaca, las cuales se ubican en las paredes auriculares y ventriculares y se les llama de respuesta rápida ya que su fase de despolarización es rápida, y, por otro lado, las células que conforman el tejido de conducción; quienes tienen la capacidad de actuar como marcapasos, e iniciar los impulsos eléctricos de manera espontánea pero cuya fase de despolarización ocurre de manera más lenta y se les llama de respuesta lenta. En la figura 2.6 se puede ver la diferencia entre las células con potenciales de acción de respuesta rápida contra las de respuesta lenta.

El potencial de membrana se ubica entre los potenciales del  $\text{Na}^+$  (aproximadamente 70 mV) y del  $\text{K}^+$  aproximadamente (90 mV). Este valor dependerá de la permeabilidad relativa de la membrana. Durante el reposo las células poseen potenciales de membrana más cercanas a las del sodio por lo que los gradientes tanto eléctricos como de concentración favorecen la entrada de  $\text{Na}^+$  . A partir de este potencial de reposo se puede describir el sistema de conducción rápido en 5 fases:

- Fase 0: sucede a partir del potencial de reposo en la cual ocurre una despolarización fuerte al abrirse la compuerta de activación del  $\text{Na}^+$  dejando pasar un flujo de iones y haciendo que el valor de voltaje se eleve hasta alcanzar un valor tope cercano al potencial de equilibrio del sodio
- Fase 1: En esta fase hay un breve periodo de repolarización parcial debido a la salida

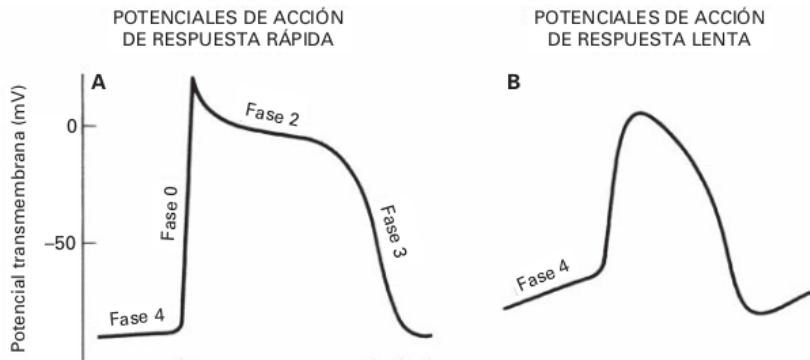


Figura 2.6: Potenciales de acción de respuesta rápida (izquierda) y lenta (derecha)

de iones de  $K^+$

- Fase 2: En esta fase ocurre una etapa de meseta donde siguen saliendo iones de  $K^+$  pero entran iones de  $Ca^+$  lo que ayuda a mantener un mismo valor de voltaje
- Fase 3: en esta fase predominan las corrientes repolarizantes de  $K^+$  y las corrientes de  $Na^+$  y  $Ca^+$  se inactivan, causando una repolarización en la membrana
- Fase 4: la membrana se repolariza y recupera el estado de reposo de la polarización

Por otro lado, el impulso de las células pertenecientes al sistema de conducción tienen una fase de despolarización más lenta. La corriente inicial es mucho más pequeña , la amplitud excesiva es mucho más pequeña y la fase de meseta es mas inestable y corta. De este modo, se puede realizar un recuento de los procesos mecánicos y eléctricos ocurridos en el corazón para explicar completamente el ciclo cardíaco. Como mencionamos antes, el corazón a nivel funcional se puede dividir en bomba izquierda y bomba derecha, sin embargo el ciclo en ambas bombas es esencialmente igual, la diferencia principal es que las presiones que desarrollan en el corazón derecho son mas bajas que en las del izquierdo. El corazón posee dos principales fases las cuales son:

- fase diastólica: Primeramente, al acumularse la sangre en la aurícula izquierda, la presión en esta aumenta con respecto a la del ventrículo ocasionando que la válvula mitral se abra y llene el ventrículo izquierdo de sangre no oxigenada y produzca un aumento de presión en el mismo y que, gracias a esto, ocurra una caída de presión en la aurícula. Luego, las presiones en ambas cámaras se elevan al mismo tiempo lentamente mientras ambas cámaras se van llenando en forma pasiva a través de las venas.

La contracción auricular se inicia cerca del final de la diástole ventricular por la despolarización de las células musculares de la aurícula. Mientras estas células desarrollan presión, ingresa una cantidad de sangre forzada dentro del ventrículo.

- fase sistólica: inicia cuando el potencial de acción atraviesa el nódulo auriculoventricular y pasa sobre el músculo ventricular. La contracción de las células musculares del ventrículo causa que la presión intraventricular se eleve por encima de la contracción de la aurícula, lo que causa un cierre abrupto de la válvula auriculoventricular.

Cuando la presión ventricular izquierda excede la presión de la aorta, se abre la válvula aórtica. La sangre entra a la aorta en forma rápida y eleva la presión en ese sitio. Las presiones ventricular izquierda y aórtica al final alcanzan un máximo (presión sistólica pico). En este punto, la fuerza de la contracción muscular ventricular empieza a menguar, la presión aórtica empieza a caer ya que la sangre sale de la aorta y de las grandes arterias más rápido de lo que entra desde el ventrículo izquierdo.

La fuerza de contracción ventricular disminuye hasta el punto donde la presión intraventricular cae por debajo de la presión aórtica, lo que causa un cierre abrupto de la válvula aórtica. Después del cierre de la válvula aórtica, la presión intraventricular cae rápido y se relaja el músculo ventricular por lo que la válvula mitral también permanece cerrada. Al final, la presión intraventricular cae por debajo de la presión auricular, se abre la válvula AV y se inicia un nuevo ciclo cardíaco

## 2.2. El electrocardiograma (ECG)

Ya conociendo el funcionamiento general del corazón, tanto a nivel mecánico como eléctrico, resulta de suma importancia el uso de sistemas de medición no invasivos para estar al tanto de la actividad del músculo cardíaco sin presentar ningún riesgo a la salud del individuo. Uno de los sistemas de medición más importantes es el electrocardiograma.

### 2.2.1. Ondas y segmentos electrocardiográficos

La actividad eléctrica del corazón se puede visualizar mediante el uso de la señal ECG producida por un instrumento llamado electrocardiógrafo, cuyo funcionamiento se especificará más adelante. Esta señal tiene forma de onda y, según la morfología de dicha señal, permite diferenciar entre un ritmo cardíaco normal y uno anormal.

En la figura 2.7 se observa inicialmente la onda P que representa la despolarización auricular, este impulso se crea en el nodo sinoauricular (SA) y viaja por los haces inter-

---

nodales hasta llegar al nodo aurículo-ventricular (AV). Su morfología es simétrica donde el ascenso corresponde al inicio de la despolarización de la aurícula derecha y el descenso es el final de la despolarización de la aurícula izquierda. y su altura no debe exceder los 0.25 mV

Seguidamente, se observa el segmento PR. Este indica el inicio la despolarización auricular al pasar el impulso eléctrico por el nodo AV y el haz de His, donde se da un retardo fisiológico en la conducción. su morfología es una línea isobifásica que precede al complejo QRS

El proceso de despolarización ventricular viene representado por el complejo QRS con una duración de entre 0.08s y 0.1 s. El complejo QRS normal debe cumplir con:

- La onda Q tiene una deflexión negativa, tiene una duración menor a 0.04 s y mide alrededor del 25 % de la onda R en las derivaciones  $L_1$  y  $aVL$ .
- El voltaje en la onda R debe incrementar desde la derivación  $V_1$  hasta  $V_6$ , donde en la primera no excede los 0.4 mV y en la última no excede los 2.5mV
- La onda S tiene deflexión negativa y debe ser más grande que la onda R en la derivación  $V_1$  y ser más pequeña en la derivación  $V_6$

Seguido de eso, se tiene un pequeño segmento ST el cual representa la despolarización total ventricular.

Finalmente, ocurre la repolarización del músculo ventricular. Este fenómeno tiene una ocurrencia simultánea con la despolarización ventricular, por lo que la onda registrada es de baja magnitud, positiva y asimétrica llamada onda T. no debe exceder 2/3 de la onda R.

En ocasiones se puede observar una onda aun más pequeña seguida de la onda T llamada onda U y suele verse en las derivaciones  $V_3$  y  $V_4$  y se piensa que es debido a la repolarización tardía del sistema de Purkinje.

Si relacionamos el electrocardiograma con el diagrama del potencial de acción de los miocitos contráctiles, la onda R es el resultado de la fase 0 del potencial de acción. el final del complejo QRS y inicio el segmento ST corresponde a las fase 1 del potencial de acción subepicárdico. el segmento ST representa el momento de total despolarización, la onda T corresponde a la fase 3 del potencial de acción subendocárdico y finalmente la línea isoeléctrica posterior a la onda T corresponde a la diástole eléctrica ventricular, es decir, la fase 4.

---

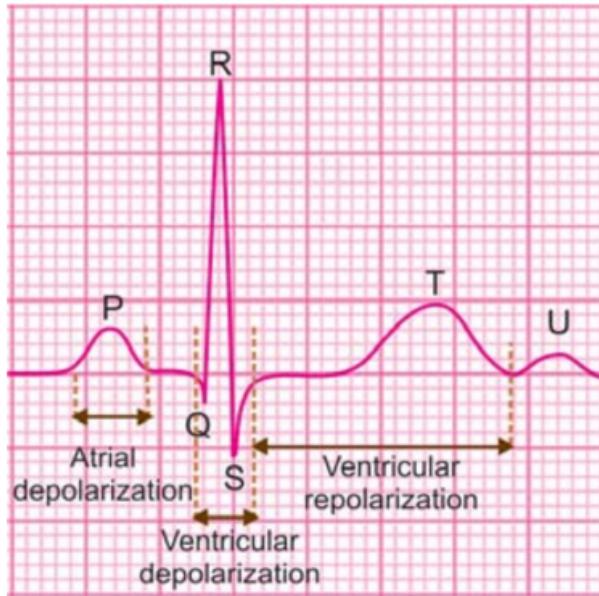


Figura 2.7: Morfología típica de un ECG en un paciente sano. [2]

### 2.2.2. El eje eléctrico del corazón

La actividad eléctrica intrínseca del corazón puede ser descrita en términos de un campo vectorial, producto de la polarización de las células cardíacas, y que puede ser utilizado como herramienta de diagnóstico médico . Este campo, representado por el vector cardíaco, se obtiene al considerar al corazón como un dipolo eléctrico en el medio torácico.

Este dipolo resulta favorable para detectar los cambios de la actividad eléctrica del corazón, ya que únicamente se deberá medir el momento dipolar eléctrico de este vector cardíaco; cuya dirección va desde la carga negativa a la positiva. En la figura ?? se puede visualizar la idea planteada.

Las diferencias de potencial generadas por el corazón aparecen a través del cuerpo y su superficie, por lo que para registrarlas se colocan electrodos en distintos lugares del cuerpo y se mide el voltaje entre ellos.

### 2.2.3. Ubicación de los electrodos y derivaciones

Como se ha indicado, el fenómeno eléctrico de despolarización y repolarización puede estudiarse por teoría vectorial. Dependiendo de donde se coloquen los electrodos obtendremos distintas derivaciones de la actividad eléctrica del corazón. si el electrodo capta la punta del vector la onda será registrada positiva, si capta la cola del vector será registrada

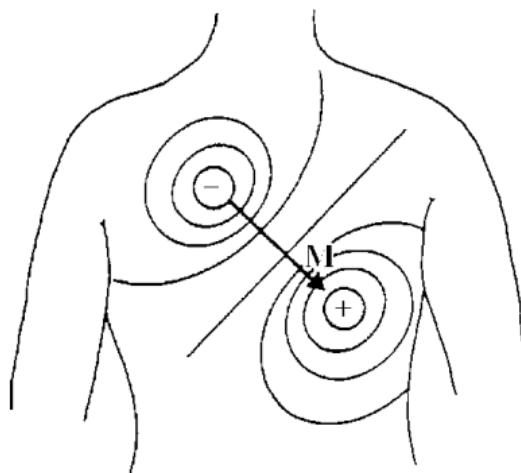


Figura 2.8: Dirección del vector cardíaco [3]

negativa y si la capta perpendicular será una onda isobifásica.

Durante la activación del miocardio, las señales eléctricas se propagan por diferentes direcciones. Por lo tanto, hace falta tener ciertas referencias, las cuales llamaremos derivaciones, para poder realizar una medición adecuada del vector cardíaco. Para esto, cada par de electrodos representa una derivación y dependiendo de su orientación se logra ver un aspecto del corazón u otra. En total hay 12 derivaciones, 6 derivaciones de miembros o extremidades y 6 derivaciones precordiales cuyas morfologías en un estado "normal" se aprecia en 2.9

■ **Derivaciones de miembros o de extremidades:**

Los electrodos se colocan en tres extremidades; el brazo derecho, el brazo izquierdo y la pierna izquierda. Para el caso de la pierna derecha se coloca un electrodo a tierra. Las derivaciones de miembros se pueden clasificar en:

- Derivaciones estándar:

Se les llama derivaciones bipolares ya que obtienen la actividad eléctrica entre cada par de extremidades como lo muestra la imagen izquierda de la figura 2.10 y son llamadas I, II, III

- Derivaciones aumentadas:

En esta derivación se toma un electrodo central el cual está a un potencial cero. Estas derivaciones registran la actividad eléctrica de cada miembro de manera individual y se mide como el potencial entre cada extremidad y un nodo común a potencial cero colocado en el centro del pecho. Su nomenclatura

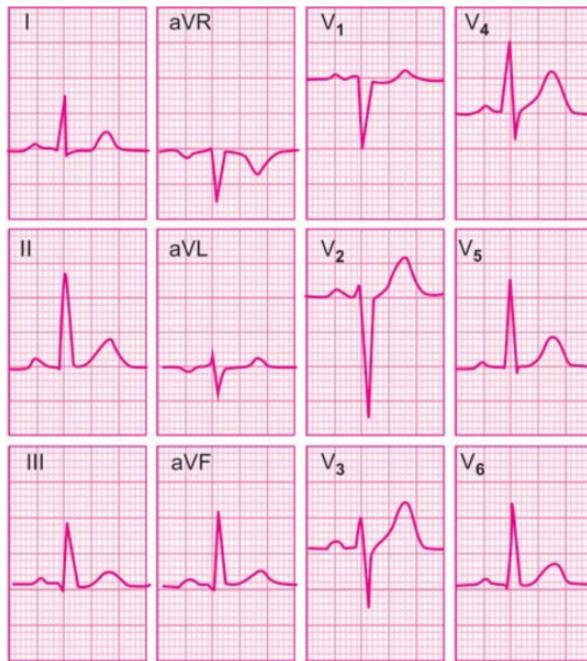


Figura 2.9: Morfología de las 12 derivadas de un ECG [2]

es aVR (brazo derecho), aVL(brazo izquierdo) y AVF(pie izquierdo)

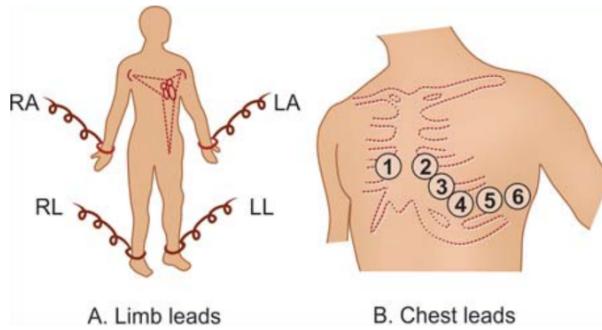


Figura 2.10: Ubicación de los electrodos para el registro de un ECG [2]

Los cardiólogos utilizan una notación estándar en la cual, tomando el plano frontal del cuerpo, la derivación I está a  $0^\circ$ , la derivación II está a  $60^\circ$ , la derivación III está a  $120^\circ$ , aVL está a  $-30^\circ$ , aVR está a  $-150^\circ$  y aVF a  $90^\circ$

- **Derivaciones precordiales o de pecho:**

Las otras seis derivaciones serían las precordiales. Estás son obtenidas al realizar una observación en el plano transversal y se miden al colocar los electrodos en múltiples zonas anatómicamente definidas en el pecho; en la zona designada precordial

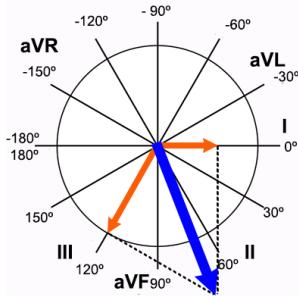


Figura 2.11: Eje eléctrico de un ECG

como lo muestra la imagen derecha de la figura 2.10 registrando las derivaciones  $V_1, V_2, V_3, V_4, V_5, V_6$

De este modo dependiendo del signo y magnitud del complejo QRS en cada una de las derivaciones se puede realizar un cálculo del vector cardíaco resultante. De aquí, surge la siguiente interrogante ¿cómo se realiza la medición de dichos

El electrocardiograma es un registro de la actividad eléctrica del corazón plasmado en un papel graduado gracias al electrocardiógrafo. Su funcionamiento en principio fue ideado usando el galvanómetro de cuerda, el cual viene constituido por una cuerda fina de cuarzo, revestida con platino, plata u oro situado entre los polos de un electroimán para así permitir la conducción de corriente.

Al permitir el paso de corriente a través de la cuerda, se produce un campo que interactúa con el campo del imán, dependiendo de la dirección del flujo de corriente que pasa a través de la cuerda, el campo interactuará con el imán deflactando la cuerda en sentido levógiro y dextrógiro, de modo que para cierta dirección de corriente se marcarán valores positivos y para la otra dirección se marcarán negativos.

#### 2.2.4. El electrocardiógrafo

El instrumento que obtiene esta señal generada en un momento dado mediante el uso de electrodos colocados en lugares específicos del cuerpo sobre la piel se le llama electrocardiógrafo. El electrodo ubicado sobre la piel está conectado a otro electrodo por medio de este instrumento, y gracias al galvanómetro, se mide la corriente que pasa a través el instrumento y se transmite directamente al inscriptor para registrar las ondas y complejos que constituyen electrocardiograma.

En la figura 2.12 se puede visualizar un esquema del funcionamiento del electrocardiógrafo donde la señal de entrada recibida del vector resultante, la amplifica para obtener una visualización de la misma, pasa por un proceso de calibración y finalmente la aguja

del galvanómetro es deflectada para transcribir la señal ECG

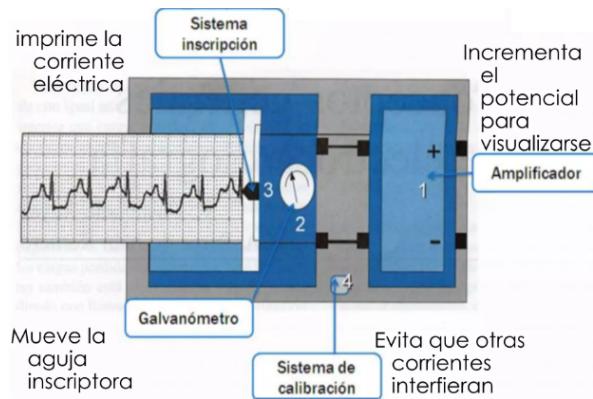


Figura 2.12: Esquema del funcionamiento del electrocardiógrafo

Cabe destacar que estos registros se suelen realizar en un papel especializado llamado papel electrocardiográfico, un papel es termo-sensitivo, de manera que, una aguja pasa por encima de él dejando una marca y, además, es un papel que está graduado de una forma específica:

- Es un rollo de entre 20 a 30 m en el cual al integrarse en el electrocardiógrafo se mueve a una velocidad de 25 mm por segundo.
- El papel está marcado en líneas horizontales y verticales, donde cada una esta separada 1 mm (llamados cuadros pequeños) y cada 5 mm la linea es resaltada (llamado cuadros grandes).
- Su medición es de voltaje en función del tiempo.

Debido a que la velocidad del electrocardiógrafo es de 25 mm por segundo, se tiene que se requieren 25 cuadros pequeños para obtener un equivalente a un segundo y 5 cuadros grandes equivalen a un segundo. De este modo al hacer la conversión podemos ver que un cuadro pequeño serían 0.04 s y un cuadro grande 0.2 s. Por otro lado, la graduación de voltaje en el papel viene dada tal que 0.1 mV equivale a un cuadro pequeño vertical y un cuadro grande sería igual a 0.5 mV. De este modo podemos ver las 12 derivaciones que se llevan a cabo a la hora de registrar un electrocardiograma. Sin embargo, al ser un instrumento tan ampliamente utilizado a nivel global, es necesario realizar una digitalización de estas señales.

en la figura 2.13 se aprecia el funcionamiento en diagrama de bloques de un electrocardiógrafo. Según lo obtenido en [3], este se puede resumir en 10 pasos

- Circuito de protección: evita que altos voltajes en la entrada dañen el electrocardiógrafo.
- Selector de derivación: Determina que electrodos serán necesarios para conectar la derivada especificada en el circuito.
- Calibración de la señal: se introduce una señal de calibración de 1 mV de manera momentánea para el canal de registro del electrocardiógrafo.
- preamplificador: lleva a cabo la amplificación inicial del ECG.
- Circuito de aislamiento: evita el paso de la corriente proveniente de la linea de 50 o 60 Hz.
- Circuito de conducción de pierna derecha: provee el punto de referencia en el paciente, típicamente en un potencial a tierra.
- Amplificador del controlador: amplifica la señal del ECG para que pueda ser adecuadamente registrada en el instrumento.
- Sistema de memoria: la señal obtenida es pasada a través de un conversor analógico-digital para luego realizar un muestreo para cada derivación que culmina en un almacenamiento en memoria.
- Microcomputador: controla la operacion general del electrocardiógrafo.
- Impresora de registro: este bloque permite un registro físico de la señal ECG. Este incluye otras informaciones como la identificación del paciente, historia clínica, etc. Esta impresión puede obtenerse de manera analógica o en conjunto con el sistema de memoria puede ser trasladada a otro dispositivo de almacenamiento.

## 2.2.5. Ritmos cardíacos

### 2.2.5.1. Ritmo sinusal normal (RSN)

El ritmo cardíaco es la cantidad de latidos que ocurren en un minuto. El ritmo sinusal normal se puede identificar con base en las siguiente características: el ritmo regular debe estar entre los 60-100 lpm, cada complejo QRS debe ir precedido por una onda P, el intervalo PR debe tener una duración de 120 y 200 ms. Estas características permiten una

---

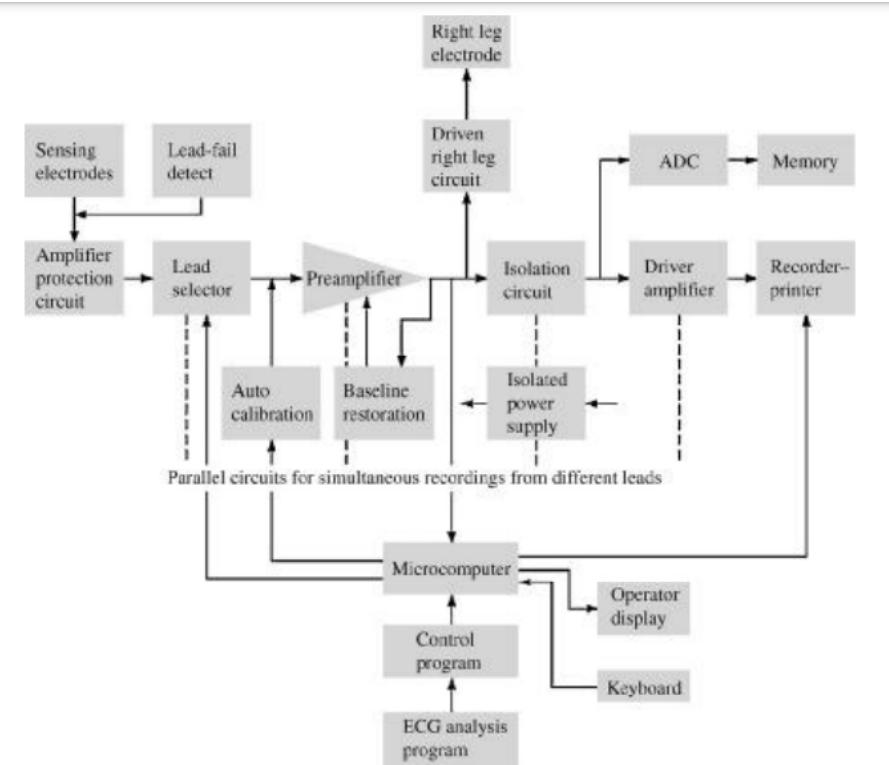


Figura 2.13: Diagrama de bloques de un electrocardiógrafo [3]

activación ordenada de la bomba cardíaca para que haya una contracción hemodinámicamente eficaz. El responsable de estas contracciones es el impulso eléctrico originado en el nódulo SA y es llamado marcapasos. Además de este marcapasos, existen otros en la aurícula, la unión auriculoventricular y en los ventrículos, los cuales son llamados marcapasos ectópicos y funcionan de emergencia cuando por algún motivo el impulso eléctrico no puede iniciar.

Este ritmo es utilizado en gran medida para detectar distintas enfermedades en el corazón. Para realizar esta medida utilizando el papel electrocardiográfico se aplican dos métodos:

- Método 1: Recordando lo dicho en la sección anterior, el papel electrocardiográfico está dividido en cuadros pequeños que representan 0.04 segundos cada uno y cuadros grandes que representan 0.2 segundos por lo que 5 cuadros grandes representan 1 segundo. Por lo que al tomar 30 cuadros grandes tendríamos un total de 6 segundos. Al contar la cantidad de complejos QRS que hay en esos 6 segundos y multiplicarlos por diez se obtendría el ritmo cardíaco aproximado del paciente. Es decir, si por ejemplo se tiene 10 complejos QRS en esos 6 segundos habría un total

de 100 latidos/minuto.

- Método 2: Ya que el papel imprime a 25 cuadros pequeños por segundo, en un minuto se habrá movido en un total de 1500 cuadros. Si se cuentan la cantidad de cuadros pequeños que hay entre dos picos R y dividimos 1500 por ese numero de cuadros pequeños se obtendrá la cantidad de complejos QRS en un minuto para un paciente sano.

Los ritmos registrados por debajo de este rango se les clasifica como bradicardias y los que están por encima de 100 se les conoce como taquicardia.

### 2.2.6. Fibrilación Auricular (FA)

La fibrilación auricular es un tipo de arritmia en el cual en lugar de tener un impulso sinusal que se propague de manera continua por todas las zonas de la aurícula, el ritmo se vuelve peligrosamente rápido e irregular en múltiples islotes. Esto hace que el impulso eléctrico inicial que viaja desde el nodo A-V sea anómalo y no efectivo en el bombeo de la sangre.

Las enfermedades cardiovasculares son responsables de tres de cada 10 muertes en Venezuela, liderando las causas de muertes y discapacidad en el país [8], además esta arritmia cardíaca en particular es de las más comunes que hay en el mundo afectando alrededor del 1-2% de la población europea según [15] siendo más de 6 millones de europeos quienes padecen de esta condición y se espera que este número incremente al doble dentro de unos 50 años. A pesar, de ser una condición que no afecta directamente la vida del paciente, puede preceder otro tipo de enfermedades de mucho cuidado como lo son los infartos, problemas de insuficiencia cardíaca, agravamiento de apoplejía y también el riesgo de demencia. Su prevalencia reside en personas mayores a 60 años, siendo esta población la que representa más del 95 % de los pacientes de FA. El riesgo de que surja en personas mayores a 40 años es del 25 % , siendo la hipertensión, diabetes mellitus , cardiopatías entre otros, condiciones que aumentan el riesgo de padecer esta enfermedad[16].

La fibrilación auricular se distingue por la pérdida total de la sincronización normal entre la excitación y las fases en reposo de las células auriculares. Las células en las diversas zonas de las aurículas experimentan la despolarización, repolarización y excitación nuevamente de forma aleatoria. Por lo tanto, en el electrocardiograma no se observan ondas P, sin embargo, se pueden notar rápidas ondas pequeñas e irregulares durante la diástole. La frecuencia ventricular es altamente irregular en la fibrilación auricular debido a los impulsos que llegan al nódulo auriculoventricular desde las aurículas en momentos

---

impredecibles. La amenaza de la FA es que tiende a causar coágulos en la aurícula si no hay una contracción auricular normal, fuerte y coordinada. Los coágulos salen del corazón y se alojan en pequeñas arterias de la circulación sistémica. Estos embolos pueden afectar la función orgánica crítica.

Se le denomina fibrilación auricular paroxística (FAP) cuando surge un episodio de FA de manera espontánea y, así como inicia, también termina de manera repentina. Estos episodios suelen ir evolucionando en los pacientes al transcurrir los años, terminando en una patología crónica de Fibrilación Auricular. La identificación es sumamente sencilla, pues su morfología característica en el ECG viene con una ausencia de la onda P y en su lugar hay una gran cantidad de ondas fibrilatorias, las cuales son complejas de detectar de manera individual, pero se traducen en una línea base irregular.

La sintomatología de esta patología es:

- Ritmo cardíaco en el rango de 100 a 150 lpm.
- Palpitaciones.
- Angina (demanda de oxígeno miocárdico aumentado y llenado coronario acortado).
- Fatiga (salida cardíaca disminuida debido a la perdida de la contribución auricular al llenado ventricular).
- Disnea (congestión pulmonar debido a una efectividad deficiente de la contracción auricular).
- Isquemia regional (embolización sistémica desde trombo auricular)

Se le denomina fibrilación auricular paroxística (FAP) cuando la FA tiene una duración menor a 7 días, cuando su duración es mayor a 7 días se considera un caso crónico.

Las causas de esta patología, según [2] cuando es crónica suelen ser:

- Enfermedad cardíaca congénita.
  - Enfermedad cardíaca reumática.
  - Enfermedad de la arteria coronaria.
  - Enfermedad hipertensiva cardíaca.
  - Cardiomiopatía idiopática.
  - Trauma cardíaco o cirugía.
-

- pericarditis constrictiva.

En el caso de ser paroxístico (menor a 7 días):

- Intoxicación alcohólica aguda.
- Embolismo pulmonar recurrente.
- Tirotoxicosis.
- Síndrome de Wolf-Parkinson-White.
- Síndrome de enfermedad sinusal.

## 2.3. Modelos clasificadores

### 2.3.1. Aprendizaje automático

El estudio de agentes que perciben su entorno, formulan planes y eligen como proceder en función de completar sus objetivos es conocido como inteligencia artificial. Los pilares de ésta son las matemáticas, lógica, filosofía, probabilidad, lingüística, neurología y teoría de decisión. [17]

Dentro de la inteligencia artificial hay un área llamada aprendizaje automático, cuyo objetivo es hacer que las computadoras resuelvan tareas de una forma diferente a la clásica implementación de algoritmos, aprendiendo la solución a partir de datos asociados a los problemas. Este tipo de estrategias hacen uso de algoritmos de entrenamiento cuyo objetivo es refinar alguna hipótesis planteada haciendo uso de la información obtenida de un conjunto de entrenamiento hasta llegar a una función objetivo que resuelve el problema. Con la ayuda de estos modelos de aprendizaje, una máquina podría realizar predicciones sin la necesidad de reglas y algoritmos pre-programados de manera explícita, para reconocer patrones en datos conocidos y crear modelos que describan al mundo. Múltiples métodos son utilizados en el aprendizaje automático para abordar asuntos relacionados con datos. Los científicos de datos enfatizan que un algoritmo óptimo para un problema no es necesariamente una solución para otros tipos de problemas. El método utilizado depende del tipo del asunto a resolver, cuantas variables tenga, que forma de modelo funciona mejor, entre otros factores.

Dependiendo de la cantidad y tipo de supervisión que recibe un modelo automático este puede ser clasificado entre dos grandes categorías [4]: supervisados, no supervisados.

---

### 2.3.2. Aprendizaje supervisado

El aprendizaje supervisado es la modalidad del aprendizaje automático según la cual, al modelo de aprendizaje se le presenta un conjunto de vectores de atributos (ejemplos de entrenamiento) con sus etiquetas asociadas (valores deseados de salida) para luego activar un proceso adaptativo de los parámetros que caracterizan la hipótesis (algoritmo de aprendizaje) con el fin de inferir de los datos una hipótesis que logre un desempeño aceptable del modelo en la reproducción de las salidas, conocidas las entradas. Estos modelos requieren de ayuda externa, es decir, debe haber un experto que previamente etique los datos que se le enviarán a la máquina para iniciar el proceso de aprendizaje.

Esta data etiquetada se separa en dos grupos: un conjunto de entrenamiento, el cual tiene el mayor porcentaje de los datos (el porcentaje estándar de este conjunto suele ser de 75 % aunque esto puede variar dependiendo del problema) y un conjunto de prueba, el cual nunca se muestra durante el proceso de entrenamiento para evitar que haya un sesgo a la hora de realizar el aprendizaje. Una vez realizado el entrenamiento y aprendida la función objetivo con la cual resolver el problema, se le presenta al modelo un conjunto de ejemplos nunca vistos en la etapa de entrenamiento con el objetivo de comparar las salidas del modelo con las salidas conocidas.

Existen dos tipos de problemas principales en el aprendizaje supervisado, llamados clasificación y regresión. Predecir la etiqueta de alguna clase, es decir, seleccionar la opción correcta de un conjunto de opciones, es el objetivo de la clasificación. Esta clase de problema tiende a dividirse en dos tipos: clasificación binaria, la cual es la situación donde se discrimina entre dos clases, y la clasificación multclases, la cual diferencia entre tres o más grupos dentro de un conjunto de datos. Por otro lado, la regresión se utiliza para predecir una variable de salida que sea un número real en vez de ser alguna etiqueta asociada a alguna clase o grupo. Un ejemplo para esto podría ser tratar de predecir el valor de una vivienda en función a su ubicación geográfica, tamaño, vecindario, entre otras características que le permitan al algoritmo realizar una predicción efectiva luego de realizar un entrenamiento.

### 2.3.3. Aprendizaje no supervisado

Los algoritmos de aprendizaje no supervisado son la otra familia clásica de algoritmos de aprendizaje automático, para los cuales no se requieren etiquetas, es decir, no se requiere de un experto que provea la salida conocida de los datos. En este caso, el modelo aprende patrones o estructuras en el conjunto de datos de entrada sin depender de etiquetas características.

---

A diferencia del aprendizaje supervisado, en el aprendizaje no supervisado se resuelven otro tipo de problemas diferentes a una clasificación o regresión, entre los que se pueden mencionar la reducción de dimensionalidad, agrupamiento o clustering, detección de anomalías y estimación de densidad.

### 2.3.4. Modelos de entrenamiento

Si bien hay situaciones donde existen modelos que son particularmente buenos para cierto tipo de problemas ( por ejemplo para clasificación de imágenes las redes neuronales convolucionales suelen ser predilectas), no siempre ocurre que se pueda decidir fácilmente cual modelo utilizar para una tarea dada. Esto se traduce a que lo común es realizar pruebas en distintos tipos de modelos, para poder compararlos entre sí y llegar a un resultado que sea satisfactorio. Por lo antes dicho, comprender bien el fundamento y el funcionamiento de los algoritmos, puede ayudar a identificar cual es el modelo más idóneo, el algoritmo de entrenamiento preciso y los hiperparámetros necesarios para la tarea a ejecutar. Este entendimiento, también, facilita la resolución de problemas y potenciar la efectividad al momento de hacer análisis de errores.

### 2.3.5. Árboles de decisión

Los árboles de decisión son modelos de aprendizaje automático que pueden realizar tanto clasificación como regresión. Estos algoritmos son bastante robustos y pueden ajustarse a conjuntos de datos complejos. Adicionalmente, los árboles de decisión son los elementos esenciales de otro modelo conocido como bosques aleatorios.

Esencialmente, la estrategia detrás de los árboles de decisión es aprender una jerarquía de preguntas if/else que los llevan a tomar una decisión. Se inicia realizando una pregunta cuya respuesta sea "sí" o "no" de tal manera que, si la respuesta es positiva, se van realizando otras preguntas que ayuden a diferenciar las distintas clases presentes en los datos. El algoritmo buscará cuales son las preguntas de prueba potenciales y seleccionará las más informativas acerca de la variable objetivo, para que de esa manera se construya el árbol. El nodo superior, llamado raíz, representa la totalidad del conjunto, el cual esta conformado por k puntos de clase 0 y k puntos de clase 1. Si la prueba es cierta, un punto se asigna al nodo izquierdo perteneciente a la clase 0, en caso contrario se asigna en la clase 1.

Este proceso recurrente conforma un árbol de decisión binario, en donde cada nodo contiene una prueba, esto lleva una estructura que tiene particiones jerárquicas. La partición recursiva de los datos es realizada hasta que cada región de la partición contenga

---

un solo valor objetivo, es decir, una clase o un valor de regresión.

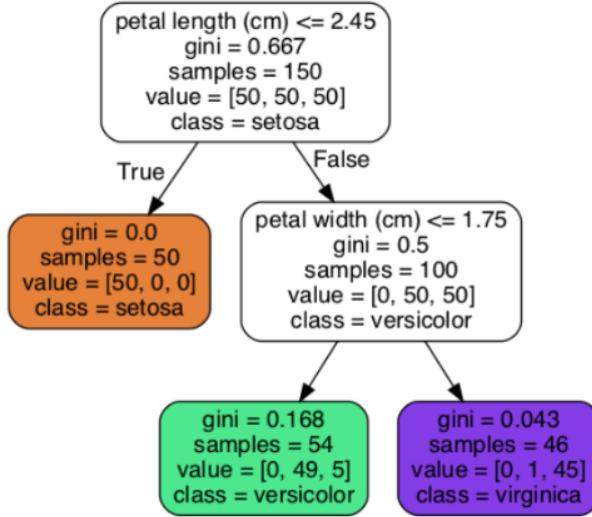


Figura 2.14: Árbol de decisión para clasificación de flores iris. [4]

En la figura 2.14 se puede apreciar un ejemplo de este modelo, tomado de [4]. Se inicia en el nodo raíz (profundidad 0) y se realiza la pregunta  $\text{¿longitud de pétalo} \leq 2.45 \text{ cm?}$  si es cierto de ser cierto se va al nodo hijo izquierdo (profundidad 1) de no ser cierto se procede al nodo hijo derecho. Si tomamos el nodo hijo derecho significa que las muestras tienen una longitud de pétalo mayor a 2.45 cm. Por lo tanto, se realiza una segunda pregunta:  $\text{¿ancho de pétalo} \leq 1.75 \text{ cm?}$  de ser cierto o falso se producen otros dos nodos hijos izquierdo y derecho respectivamente (profundidad 2)

Notemos que el nodo izquierdo de profundidad 1 y los dos nodos de profundidad 2 no se dividen más, estos nodos que no tienen más particiones son denominados "hoja" del árbol; ya no se realizan más preguntas debido a que se llegó a una profundidad máxima preestablecida (una herramienta para evitar el sobreajuste como se explicará más adelante) o debido a que la función de costo llega a un mínimo.

Para realizar esto, la librería Scikit-Learn utiliza el algoritmo árbol de clasificación y regresión (CART por sus siglas en inglés Classification and Regression Tree). El concepto resulta bastante directo: utilizando una característica  $k$  y un umbral  $t_k$  el algoritmo primero divide el conjunto de entrenamiento en dos subconjuntos. Para elegir el par  $(k, t_k)$ , se utilizan los valores de estos tales que se produzcan los subconjuntos más "puros". Para los árboles de decisión, un nodo "puro" se mide con un atributo de medición llamado "gini", el cual viene medido por la ecuación

$$G_i = 1 - \sum_{k=1}^n p_{i,k}^2 \quad (2.4)$$

donde  $p_{i,k}$  es la razón de instancias de la clase k entre las instancias de entrenamiento en el i-ésimo nodo. Esto quiere decir que, si por ejemplo, se tiene un conjunto de 3 clases con 150 muestras donde la clase A tiene 52 muestras, la clase B tiene 48 y la C tiene 50, el valor del gini sería  $1 - \left(\frac{52}{150}\right)^2 - \left(\frac{48}{150}\right)^2 - \left(\frac{50}{150}\right)^2 = 0.667$ . Para los árboles de decisión la función de costo viene dada por la expresión tomada de [4]:

$$J(k, t_k) = \frac{m_{left}}{m} G_{left} + \frac{m_{right}}{m} G_{right} \quad (2.5)$$

donde  $G_{left}$  y  $G_{right}$  son los valores de impureza del subconjunto izquierdo y derecho, respectivamente y  $m_{left}$  y  $m_{right}$  son el número de instancias en los subconjuntos izquierdo y derecho, respectivamente.

Luego de haber dividido el conjunto de entrenamiento en dos de manera satisfactoria, el algoritmo realiza divisiones de manera recursiva haciendo uso del mismo razonamiento, luego el siguiente subconjunto y así sucesivamente. El algoritmo se detiene si alcanza la máxima profundidad (especificada por el hiper-parámetro *max\_depth*) o si no logra reducir la impureza en alguna división.

Los árboles de decisión, al ser modelos no paramétricos, ya que sus parámetros no son especificados antes del entrenamiento, se adaptan a si mismos al conjunto de entrenamiento si no se les coloca ciertas restricciones, haciendo que el modelo se acerque al conjunto de datos tanto como desee y, por consecuencia, llevándolo a un sobreajuste. Aunque sean modelos no paramétricos, si utilizan hiperparámetros para evitar dicho sobreajuste, es decir, se restringe la libertad de los árboles de decisión haciendo uso de la regularización. Los hiperparámetros de los árboles de decisión pueden ser manejados haciendo uso de la librería *scikit-learn*.

El hiperparámetro *max\_depth* reduce la profundidad del árbol, es decir, hasta donde éste va a crecer. *min\_samples\_split* regula el numero mínimo de muestras que debe tener un nodo antes de dividirse, *min\_samples\_leaf* da el número mínimo de muestras que puede tener una "hoja", *max\_leaf\_nodes* indica el numero máximo de hojas, *max\_features* indica el numero máximo de características que son evaluadas al dividir un nodo.

En la figura 2.15 se puede apreciar un modelo de árboles de decisión que no tiene restricción al lado izquierdo así como otro el cual se le aplicó el hiperparámetro *min\_samples\_leaf* = 4. Aquí se evidencia como el modelo del lado izquierdo claramente está sobreajustado mientras que el del lado derecho generaliza de manera más efectiva.

Este modelo no requiere ningún tipo de preprocessamiento, tales como lo son la normalización o estandarización de los datos, ya que cada característica se trabaja de manera independiente y las divisiones de los datos no dependen de la escala. Además, es un modelo que resulta sencillo de entender y visualizar incluso para no expertos. Sin embargo,

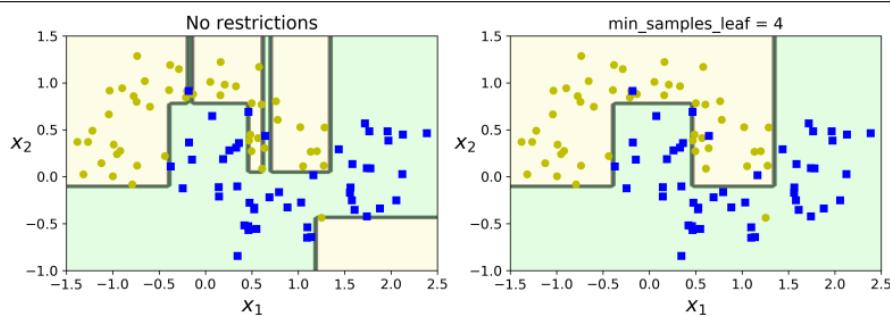


Figura 2.15: Árbol de decisiones sin restricciones vs árbol de decisiones regularizado [4]

la desventaja que trae consigo este modelo es que tiende fuertemente al sobreajuste y, por lo tanto, a generalizar de manera muy pobre. Para solucionar este importante detalle se usan modelos de ensamblado como lo son los bosques aleatorios.

### 2.3.6. Bosques aleatorios

Resulta común obtener mejores predicciones al combinar las predicciones de múltiples predictores que al usar solo al mejor predictor. Un grupo de predictores unidos se le llama ensamble, por lo que a la estrategia donde el aprendizaje se realiza por ensamble se les llama método de ensamblaje.

Consideremos al bosque aleatorio como modelo de aprendizaje por ensamble. Este consiste en entrenar un grupo de árboles de decisión usando múltiples subconjuntos aleatorios del conjunto de entrenamiento. Para hacer las predicciones, se obtiene la predicción de cada árbol individual y luego, la clase que tenga más votos, será la que se defina como resultado final, ver figura 2.16. Los bosques aleatorios son un ensamble de árboles de decisión y usualmente se entrena por el método de bagging. La idea del bagging es permitir que las instancias de entrenamiento puedan ser muestreadas múltiples veces a través de varios predictores. Esto es, cada muestra aleatoria es creada al tomar puntos de datos de manera aleatoria del conjunto inicial de datos de entrenamiento y, además, cada elemento del conjunto inicial puede ser seleccionado múltiples veces para la misma muestra.

Un ejemplo ilustrativo del bagging sería el siguiente: supongamos que creamos tres muestras a partir de la lista `['a','b','c','d']`. Una posible muestra podría ser `['a','c','a','d']`, otra sería `['a','a','b','d']` y como tercera posibilidad `['c','c','a','b']`. Luego de tomada la muestra, un árbol de decisión es construido para cada una de las muestras posibles. Sin embargo, hay un ligero cambio en los árboles creados ya que en lugar de buscar la mejor prueba en cada nodo, el algoritmo selecciona un subconjunto de características y a partir de ahí busca el resultado óptimo para una de esas características.

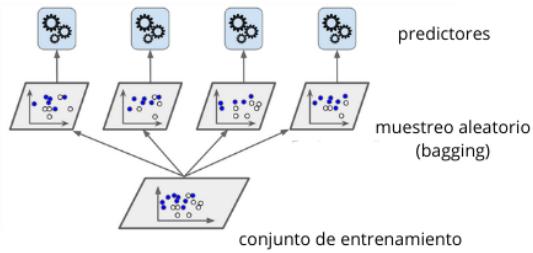


Figura 2.16: Clasificador por mayoría de votos [4]

Este método asegura que cada árbol de decisión del bosque tenga un conjunto de datos ligeramente diferente. Cada división por árbol opera en un grupo distinto de características por la selección de características, todo esto garantiza que cada árbol del bosque sea diferente uno del otro. Finalmente, al tener las probabilidades de todos los árboles, se realiza un promedio y la clase que tenga la mayor probabilidad será la predicha. Debido a que este modelo esta conformado por un ensamble de árboles de decisión, los hiperparámetros del bosque aleatorio y de los árboles de decisión son los mismos (salvo por algunas excepciones [4])

### 2.3.7. Redes neuronales artificiales (ANN)

Gran parte de los inventos de la actualidad fueron inspirados por la naturaleza, por lo tanto, tiene sentido usar la arquitectura del cerebro como un modelo para construir una máquina inteligente. Esta noción fundamental es la que le dio pie a las redes neuronales artificiales (ANN).

#### 2.3.7.1. Modelo biológico

Antes de discutir la neurona artificial, examinemos de manera rápida la neurona biológica. La neurona es una célula hallada, principalmente, en la corteza cerebral de los animales. En la figura 2.17 se puede visualizar la estructura neuronal, que está formada por varias extensiones ramificadas llamadas dendritas, que son la vía de entrada de las señales que se combinan en el cuerpo de la neurona, una extensión larga llamada axón, la cual funciona como canal transmisor de los impulsos generados se conecta a las dendritas de otras células a través de la sinapsis, y un cuerpo celular que contiene el núcleo y la mayor parte de los componentes complejos de la célula; aquí es donde la neurona procesa las señales o impulsos recibidos de otras células produciendo un nuevo impulso, si se dan ciertas condiciones.

El axón se ramifica en dendritas y en la punta de estas ramas se encuentran pequeñas estructuras conocidas como terminales sinápticos, que son unidades funcionales que median las interacciones entre neuronas. En ellas se encuentran unas vesículas llamadas neurotransmisores con una sustancia química que ayuda a propagar las señales electroquímicas de una neurona a otra. A través de estos terminales sinápticos, las neuronas reciben impulsos eléctricos de otras neuronas. Por otro lado, una neurona emite su propio impulso cuando recibe un número suficiente de señales de otras neuronas en cuestión de milisegundos.

De este modo, las neuronas se acomodan de manera masiva en arreglos de billones de neuronas al conectarse cada neurona con otras miles.

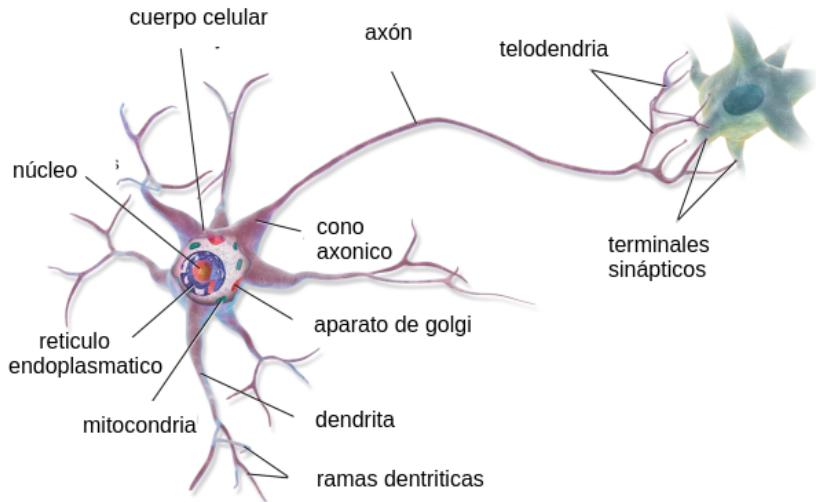


Figura 2.17: Neurona Biológica [4]

Cuando las neuronas están en estado de reposo, presentan un potencial de reposo. Sin embargo, cuando reciben un impulso de cierta intensidad que supera un umbral específico, pasan a un potencial de acción o impulso nervioso que se propaga a otras neuronas. Este fenómeno se conoce como la ley de todo o nada del impulso nervioso. Es importante destacar que los impulsos que recibe una célula pueden ser excitatorios o inhibitorios, y la suma total de estos impulsos es lo que determina el potencial de activación.

### 2.3.7.2. Perceptrón simple

Un perceptrón es un modelo computacional inspirado en la neurona biológica, es una de las arquitecturas de ANN más simples y puede ser utilizada para problemas de clasificación binaria [18]. Su estructura se puede apreciar en la figura 2.18 donde se observa, primero, un conjunto de entradas a través de las cuales se introducen los valores numéricos de los

datos y que cumplen el papel que llevan a cabo las dendritas; segundo, cada conexión de entrada tiene asociada un peso sináptico, que determina la importancia relativa de cada entrada; tercero, se observa el cuerpo, donde se efectúa el producto escalar entre entradas y pesos sinápticos, el cual luego se compara con un umbral de activación, para finalmente, tener una función de activación, que permita obtener una salida binaria que prediga una salida deseada.

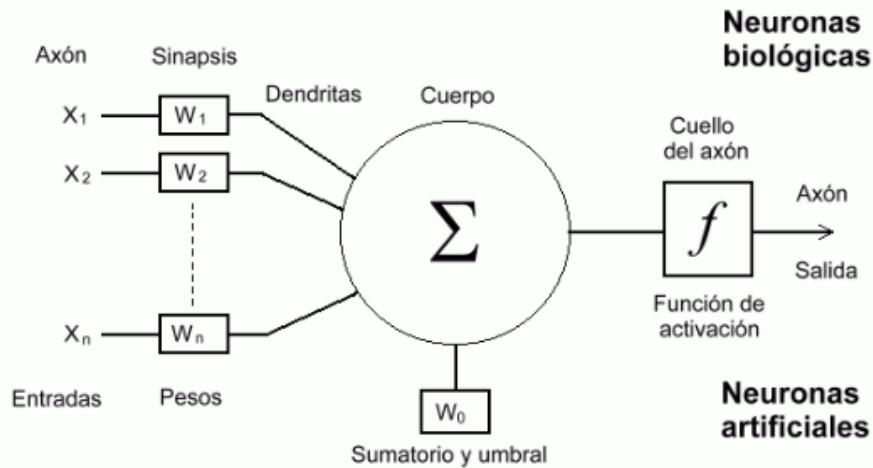


Figura 2.18: Perceptrón simple

Para comprender el funcionamiento matemático del perceptrón, consideremos que tenemos un conjunto de entrenamiento de  $m$  ejemplos, y cada ejemplo tiene  $k$  características. Así, se pueden asociar al conjunto  $m$  vectores  $k$ -dimensionales. El conjunto de vectores de entrada  $\mathbf{x}$  y sus etiquetas viene dado por  $\{(\mathbf{x}_1, y_1), (\mathbf{x}_2, y_2), \dots, (\mathbf{x}_m, y_m)\}$ . De esta forma, el conjunto de entrenamiento es una matriz de tamaño  $m \times k$  como se muestra en 2.6

$$\mathbb{X} = \begin{bmatrix} x_{11} & x_{12} & \cdots & x_{1k} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ x_{m1} & x_{k2} & \cdots & x_{mk} \end{bmatrix} \quad (2.6)$$

Por otro lado, los pesos sinápticos  $\mathbf{w}$ , tienen dimensión  $k$  y consideraremos un umbral  $b$ , también llamado sesgo, el cual es un numero real. Queremos hallar un valor  $\hat{y} \approx y$ .

La ecuación 2.7 relaciona las entradas con sus pesos sinápticos:

$$z^{in} = w_1x_1 + w_2x_2 + \dots + w_nx_n + b = \sum_{i=1}^k w_i x_i + b \quad (2.7)$$

$$z^{in} = \mathbf{w}^T \mathbf{x} + b \quad (2.7)$$

donde:

- $z_{in}$  se llama activación
- "b" es un parámetro de sesgo cuya finalidad es compensar el resultado ayudando al modelo a cambiar la función de activación al lado positivo o negativo.
- "x" es el vector de entrada a la red
- "w" es el vector de los pesos sinápticos

Posteriormente, se utiliza la activación como argumento de una función de activación  $\Theta$ ,

lo que genera la salida real de la neurona. La función de activación utilizada es la función de Heaviside, de tal manera que

$$\hat{y} = \Theta(z^{in}) \quad \text{tal que} \quad \Theta(z) = \begin{cases} 0 & \text{si } z^{in} < 0 \\ 1 & \text{si } z^{in} \geq 0 \end{cases} \quad (2.8)$$

Este modelo se puede utilizar para realizar una clasificación lineal binaria. El algoritmo de aprendizaje del perceptrón simple fue propuesto por Frank Rosenblatt [18] y fue inspirado en la regla de Hebb. Esta indica que cuando dos neuronas producen la misma salida, la conexión entre ellas se refuerza. Se le envía una instancia a la vez a perceptrón y este emite su predicción para dicha instancia. Para cada predicción incorrecta, la neurona refuerza los pesos de las entradas que contribuyeron con una predicción correcta mediante la regla de aprendizaje dada por:

$$w_i^{(siguiente)} = w_i^{(actual)} + \eta(y - \hat{y})x_i \quad (2.9)$$

donde:

- $w_i$  es el peso de la i-ésima entrada.
- $x_i$  es el i-ésimo valor de la instancia de entrada actual
- $\hat{y}_i$  es la salida de la i-ésima neurona de salida para la instancia actual
- $y_i$  es la salida deseada de la i-ésima neurona de salida para la instancia actual
- $\eta$  es la tasa de aprendizaje

La ecuación 2.9 es llamada regla de Hebb [4] y esta apunta a que las conexiones entre neuronas se fortalecen cuando se activan simultáneamente, por lo cual, la idea es realizar un ajuste de los pesos sinápticos del perceptrón para reforzar las conexiones que contribuyen a las predicciones correctas, mientras debilita aquellas que contribuyen a los

---

errores. Hacer este proceso de manera manual sería largo y tedioso, por lo que se opta por automatizarlo haciendo uso de la ecuación 2.9. Cuando hay una discrepancia entre la salida deseada y la salida real, se realiza el ajuste del peso sináptico de la entrada correspondiente sumando, al peso actual, una corrección proporcional al producto entre el error entre las salidas y el valor de la entrada. Este proceso se repetirá hasta que el error sea nulo, es decir  $y_j = \hat{y}_j$  o hasta un número de veces ya preestablecido

Si bien, este puede ser un buen clasificador, tiene una gran desventaja, y ésta es que requieren que los datos sean linealmente separables, lo cual no ocurre con la mayoría de los datos reales.

### 2.3.7.3. Regresión logística

Una desventaja que posee el perceptrón simple reside en que su función de activación es una función discontinua y además constante por intervalos. Una función de activación continua y diferenciable permite la definición de una función de costo lo cual trae como ventaja la posibilidad de cuantificar la calidad de la red y la utilización de técnicas de optimización, tal como el descenso de gradiente para mejorar el desempeño del dispositivo. Una buena alternativa es la regresión logística, para la cual, la función de activación utilizada es un función sigmoide que es una función continua.

La regresión logística es un método estadístico utilizado para modelar la probabilidad condicional de una variable de salida  $\mathbf{Y}$  dado un conjunto de variables de entrada  $\mathbf{X}=\mathbf{x}$ . Esto significa que se utiliza para predecir la probabilidad de que ocurra un evento específico en función de las características o variables de entrada [19].

Si bien en el perceptrón simple se selecciona la clase dependiendo de cierto valor umbral, en la regresión logística se estima la probabilidad de que una instancia pertenezca a una clase en particular. Esto es, dada la regresión lineal  $\mathbf{Z} = \mathbf{W}^T \mathbf{X} + b$ , obtenemos la probabilidad de que la salida obtenida  $\hat{y}$  sea igual a la salida deseada  $y$  para cierto  $x$  presentado, es decir, que se cumpla la ecuación  $\hat{p} = P(y = 1|x)$ .

El cálculo de esta probabilidad viene dada tras ingresar la regresión lineal en la función sigmoidea

$$\hat{p} = \sigma(\mathbf{Z}), \quad \text{donde} \quad \sigma(z) = \frac{1}{1 + e^{-z}} \quad (2.10)$$

podemos apreciar la gráfica de esta función en la figura 2.19, en la que se puede ver que para valores negativos de  $z$ , tendremos que  $\sigma(z) < 0.5$  y en caso contrario tendremos  $\sigma(z) \geq 0.5$ . Además, a medida que los valores de  $z$  van aumentando, la función va acercándose asintóticamente 1 y a medida que los valores  $z$  se vuelven más negativos, la función se acerca asintóticamente a 0

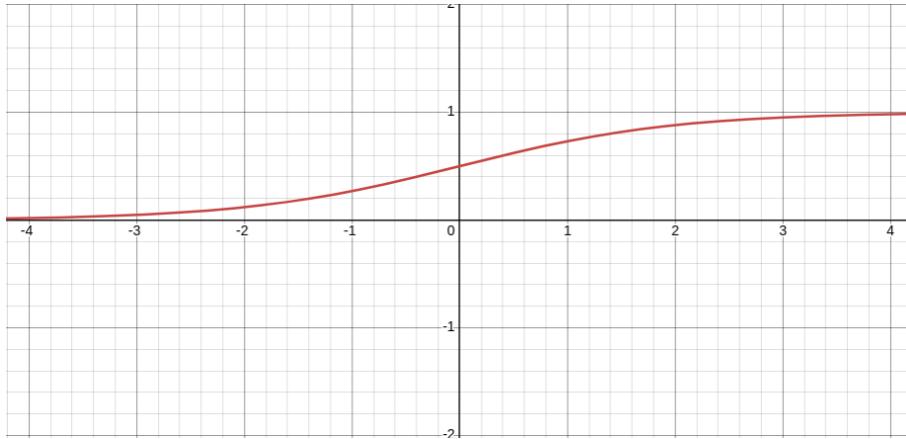


Figura 2.19: Función sigmoidea

Una vez calculada esta probabilidad, se puede realizar la predicción  $\hat{y}$  donde

$$\hat{y} = \begin{cases} 0 & \text{si } \hat{p} < 0.5 \\ 1 & \text{si } \hat{p} \geq 0.5 \end{cases}$$

Ahora bien, para el entrenamiento de este modelo, se necesita definir la función de costo, una función que mide la distancia entre la predicción del modelo y la salida deseada, para cada ejemplo de entrenamiento [4], de tal manera que la probabilidad de valores de salida coincida con los valores esperados, obteniendo altas probabilidades para valores positivos y bajas probabilidades para valores negativos. Esto se puede capturar con la entropía cruzada definida por:

$$L(\hat{p}, y) = -[y^{(i)}\log(\hat{p}^{(i)}) + ((1 - y^{(i)})\log(1 - \hat{p}^{(i)})] \quad (2.11)$$

donde  $(i)$  es la  $i$ -ésima muestra de entrenamiento. Al evaluar con atención esta función, se puede verificar que

$$\begin{aligned} y = 1 \rightarrow L(\hat{p}, y) &= -\log(\hat{p}^{(i)}) \\ y = 0 \rightarrow L(\hat{p}, y) &= -\log(1 - \hat{p}^{(i)}) \end{aligned}$$

Esto indica que si obtenemos valores  $\hat{p}$  muy pequeños, entonces la función de costo aumentará en gran medida, por lo que para  $y = 1$ , se desea que los valores  $\hat{p}$  sean tan grandes como sea posible (recordemos que los valores de  $\hat{p}$  no alcanzan a 1 y, por lo tanto, esto minimizará el costo). Por otro lado, para  $y = 0$ , se desea que  $\hat{p} \rightarrow 0$  para que de este modo el costo sea minimizado, ya que para valores  $\hat{p}$  grandes el costo aumenta.

Hay que recalcar que este entrenamiento ocurre para una instancia mientras que, el cálculo de la función de costo para todo el conjunto de entrenamiento, viene dado al

promediar el costo de todas las instancias de entrenamiento

$$J(\hat{p}, y) = -\frac{1}{m} \sum_{i=1}^m L(\hat{p}, y) \quad (2.12)$$

La ventaja de esta función de costo en particular es que es una función convexa, por lo que al hallar el mínimo tras realizar el descenso del gradiente, tendremos un mínimo absoluto y no un mínimo local.

#### 2.3.7.4. Descenso del gradiente

El descenso de gradiente es una técnica de optimización que permite diseñar un algoritmo de aprendizaje que, de manera iterativa, ajuste el valor de los pesos sinápticos a soluciones óptimas que minimicen una función de costo. La estrategia de aprendizaje utilizando el descenso del gradiente, sigue el siguiente procedimiento: dados unos valores de peso inicializados de manera aleatoria, se realiza la medición del gradiente local de la función de error, para ciertos parámetros de entrenamiento y este valor se utiliza luego para corregir los pesos en la dirección donde el gradiente va disminuyendo haciendo uso de la derivada con respecto a cada uno de los parámetros de la función de costo. Cuando este gradiente llega a cero significa que se ha alcanzado un mínimo como se puede visualizar en la figura 2.20.

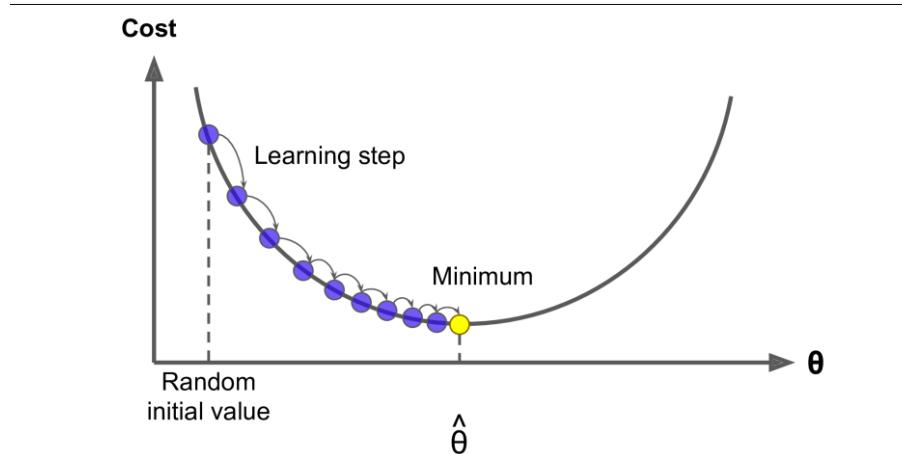


Figura 2.20: Descenso del gradiente

Para visualizar mejor el procedimiento, consideremos un ejemplo de entrenamiento con  $k$  características de entrada. Luego de realizar el producto escalar entre el vector de entrada y el vector de pesos, se realiza el cálculo de la salida haciendo uso de la función sigmoide para que, posteriormente, se calcule la pérdida correspondiente, es decir:

$$\boxed{Z = w_1x_1 + w_2x_2 + \cdots + w_kx_k} \rightarrow \boxed{\hat{y} = \sigma(Z)} \rightarrow \boxed{L(\hat{p}, y)}$$

El algoritmo de aprendizaje para entrenar una regresión logística es modificar el vector de parámetros del vector  $\mathbf{W}$  y  $b$  de tal manera que se reduzca la perdida  $L(\hat{p}, y)$ . la expresión matemática de los pesos sinápticos descrita en [20] en la cual que describe su actualización de viene dada por:

$$\begin{aligned} w_i &:= w_i - \alpha \frac{\partial L}{\partial w_i} \quad \text{con} \quad \frac{\partial L}{\partial w_i} = x_i \partial z \\ b &:= b - \alpha \partial b \quad \text{con} \quad \partial b = \partial z \end{aligned}$$

donde:

- $w_i$  es el peso sináptico de la i-ésima entrada.
- $b$  es el parámetro de sesgo.
- $\alpha$  es el parámetro de aprendizaje.

De manera esquemática, el proceso del descenso del gradiente es:

$$\boxed{\partial z = \frac{\partial L(\hat{p}, y)}{\partial \hat{p}} \frac{\partial \hat{p}}{\partial z}} \leftarrow \boxed{\partial \hat{p} = \frac{\partial L(\hat{p}, y)}{\partial \hat{p}}} \leftarrow \boxed{L(\hat{p}, y)}$$

donde, utilizando como función de costo la entropía cruzada, se tiene:

- $\partial \hat{p} = -\frac{y}{\hat{p}} + \frac{1-y}{1-\hat{p}}$
- $\frac{\partial L(\hat{p}, y)}{\partial \hat{p}} = \hat{p} - y$
- $\frac{\partial \hat{p}}{\partial z} = \hat{p}(1 - \hat{p})$

Se puede destacar que, a diferencia del perceptrón simple, en la regresión logística se puede sacar provecho del hecho de que la función de activación sea una curva suave, lo cual ayuda en gran medida en ajustar la probabilidad de selección de las clases. De este modo tendríamos la derivada parcial con respecto al j-ésimo parámetro del modelo de la función de costo [4]

$$\frac{\partial}{\partial W_j} J(W, b) = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m (\sigma(\mathbf{Z}^{(i)}) - y^{(i)}) x_j^{(i)}$$

### 2.3.7.5. Perceptrón multicapas

Esta red neuronal es la versión generalizada del perceptrón simple. En la arquitectura de este modelo aparecen capas de neuronas entre la capa de entrada y la capa de salida, que no tienen contacto con el exterior y se les llama "capas ocultas". Las neuronas de una capa oculta están conectadas a las neuronas de la siguiente, procesan la información y el resultado es enviado a las neuronas de la capa inmediata así como se evidencia en la

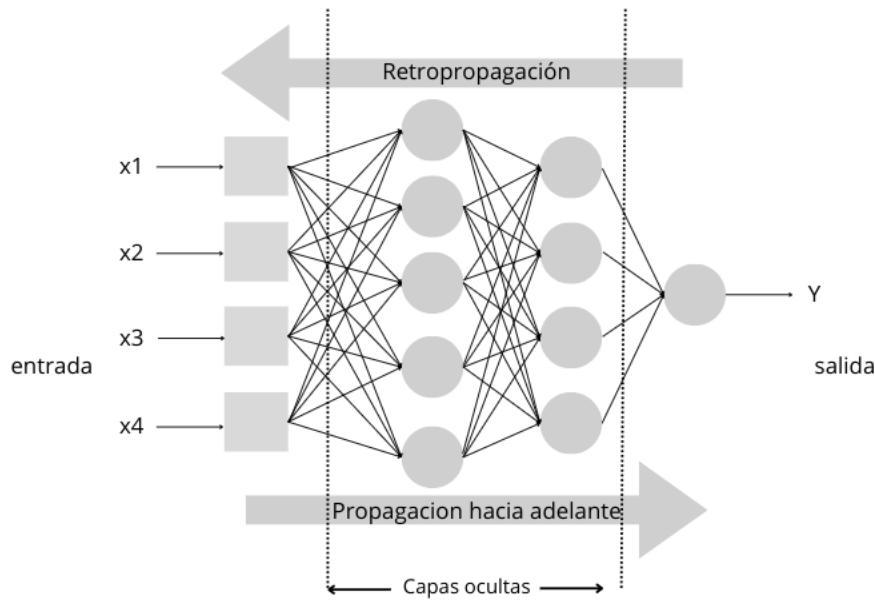


Figura 2.21: Red neuronal artificial

figura 2.21. Es importante mencionar como aspecto característico de estos sistemas que la función de activación es una función continua y diferenciable.

El propósito de introducir múltiples capas en un perceptrón simple, es incrementar la complejidad de las regiones de decisión. Como hemos visto en la sección anterior, cuando se utiliza una única capa, las regiones se separan entre si por semi-planos. Al agregar más capas, cada neurona emite una salida usando su respectiva función de activación formando una serie de semi-planos, lo que permite formar regiones de decisión convexas como resultado de intersectar estos semi-planos. Estas estructuras vienen dadas por:

$$\begin{aligned}
 \mathbf{a}^{[1]} &= \sigma^{[1]}(\mathbf{W}^{[1]T} \mathbf{x} + \mathbf{b}^{[1]}) \quad \text{primera capa} \\
 \mathbf{a}^{[2]} &= \sigma^{[2]}(\mathbf{W}^{[2]T} \mathbf{a}^{[1]} + \mathbf{b}^{[2]}) \quad \text{segunda capa} \\
 &\vdots \\
 \mathbf{a}^{[l]} &= \sigma^{[l]}(\mathbf{W}^{[l]T} \mathbf{a}^{[l-1]} + \mathbf{b}^{[l]}) \quad l - \text{ésima capa}
 \end{aligned} \tag{2.13}$$

donde:

- $\mathbf{a}^{[l]}$  es la salida en la  $l$ -ésima capa.
- $\sigma^{[l]}$  es la función de activación de la  $l$ -ésima capa (esta puede ser la función sigmoidea, tangente hiperbólica, ReLU, entre otras).

- $\mathbf{W}^{[l]}$  es la matriz de pesos de la l-ésima capa, donde los vectores de pesos de cada neurona, son columnas de la matriz
- $\mathbf{x}$  es el vector de entradas.
- $\mathbf{b}$  es el sesgo.

Al igual que en los algoritmos anteriores, el aprendizaje busca minimizar el error entre la salida deseada y la obtenida. Para las redes multicapas se utiliza un método de aprendizaje muy popular llamado retro-propagación del error, en inglés "back-propagation" (BP). La idea del BP es conseguir los pesos que minimicen la función de error. El algoritmo de aprendizaje es el siguiente:

- Se inicializan los pesos con valores diferentes a cero, ya que si los pesos valen cero la red no aprenderá.
- Se inicia un ciclo de entrenamiento, en el cual, los pesos sinápticos serán actualizados. Para evitar confusiones en la red, estos pesos no serán cambiados sino hasta que todo el vector pase por la red, por lo que los pesos serán memorizados hasta el momento de realizar el ajuste.
- Se inicia la propagación hacia adelante. Un ejemplo del conjunto de entrenamiento se aplica a las entradas para que así, posteriormente, en cada neurona de la capa oculta, se realice el cálculo:

La salida de la capa  $l - 1$ ,  $\mathbf{a}^{[l-1]}$ , será la entrada de la capa inmediata. Cabe destacar que la notación  $\mathbf{a}^{[l]}$  son los valores que la red neuronal le está enviando a las capas subsecuentes.

Se calcula la activación en dicha capa mediante:  $\mathbf{Z}^{[l]} = \mathbf{W}^{[l]T} \mathbf{a}^{[l-1]} + \mathbf{b}^{[l]}$

Se obtiene la salida  $\mathbf{a}^{[l]} = \sigma^{[l]}(\mathbf{Z}^{[l]})$ .

- Se realiza la retropropagación del error para así ajustar los pesos; dada la entrada en la l-ésima capa  $\mathbf{a}^{[l]}$  se tienen las siguientes correcciones:

$$\left. \begin{aligned} \partial \mathbf{a}^{[l]} &= \frac{\partial L(\hat{p}, y)}{\partial \hat{p}} \\ \partial \mathbf{z}^{[l]} &= \partial \mathbf{a}^{[l]} * (\sigma^{[l]}(\mathbf{z}^{[l]}))' \\ \partial \mathbf{W}^{[l]} &= \partial \mathbf{z}^{[l]} \partial \mathbf{a}^{[l-1]T} \\ \partial \mathbf{b}^{[l]} &= \partial \mathbf{z}^{[l]} \end{aligned} \right\} \text{capa } l$$


---

$$\left. \begin{array}{l} \partial \mathbf{a}^{[l-1]} = \mathbf{W}^{[l]}{}^T \partial \mathbf{z}^{[l]} \\ \partial \mathbf{z}^{[l-1]} = \mathbf{a}^{[l-1]} * \sigma^{[l-1]'}(\mathbf{z}^{[l-1]}) \\ \partial \mathbf{W}^{[l-1]} = \partial \mathbf{z}^{[l-1]} \partial \mathbf{a}^{[l-2]T} \\ \partial \mathbf{b}^{[l-1]} = \partial \mathbf{z}^{[l-1]} \end{array} \right\} \text{capa } l-1$$

de manera similar a como se vio en la explicación del descenso del gradiente al explicar la regresión logística [21]

- Como es un procedimiento iterativo, se evalúa el criterio de parada (ya sea con un error alcanzado o con un número máximo de iteraciones); de no tener un resultado satisfactorio, se actualizan los pesos haciendo uso de la siguiente ecuación:

$$\mathbf{W}^{[l]} = \mathbf{W}^{[l]} - \alpha \partial \mathbf{W}^{[l]}$$

y se inicia una nueva iteración con los pesos actualizados y volvemos al segundo paso [5] .

Hay que destacar que esta es una serie de ecuaciones generales que funcionan para distintas funciones de costo y de activación. Para visualizarlo de una manera más clara, consideremos un ejemplo de una red de dos capas cuya función de costo es la entropía cruzada. La arquitectura del modelo sería:

**propagación hacia adelante:**

$$\mathbf{x} \rightarrow \boxed{\mathbf{z}^{[1]}} \rightarrow \boxed{\mathbf{a}^{[1]} = \sigma(\mathbf{z}^{[1]})} \rightarrow \boxed{\mathbf{z}^{[2]}} \rightarrow \boxed{\mathbf{a}^{[2]} = \sigma(\mathbf{z}^{[2]})} \rightarrow \boxed{L(\hat{p}, y)}$$

con:

$$\mathbf{z}^{[1]} = \mathbf{W}^{[1]}{}^T \mathbf{x} + \mathbf{b}^{[1]}$$

$$\mathbf{z}^{[2]} = \mathbf{W}^{[2]}{}^T \mathbf{a}^{[1]} + \mathbf{b}^{[2]}$$

$$L(\hat{p}, y) = - [y^{(i)} \log(\hat{p}^{(i)}) + ((1 - y^{(i)}) \log(1 - \hat{p}^{(i)})]$$

**propagación hacia atrás:**

$$\mathbf{x} \leftarrow \boxed{\partial \mathbf{z}^{[1]}} \leftarrow \boxed{\partial \mathbf{a}^{[1]}} \leftarrow \boxed{\partial \mathbf{z}^{[2]}} \leftarrow \boxed{\partial \mathbf{a}^{[2]} = \frac{\partial L(\hat{p}, y)}{\partial \hat{p}}} \leftarrow \boxed{L(\hat{p}, y)}$$

con:

$$\partial \mathbf{a}^{[2]} = \frac{\partial L(\hat{p}, y)}{\partial \hat{p}} \quad y \quad \frac{\partial L(\hat{p}, y)}{\partial \hat{p}} = -\frac{y}{\hat{p}} + \frac{1-y}{1-\hat{p}} \quad \partial \mathbf{z}^{[2]} = \mathbf{a}^{[2]} - y$$

$$\partial \mathbf{a}^{[1]} = \mathbf{W}^{[2]}{}^T \partial \mathbf{z}^{[2]} \quad \partial \mathbf{z}^{[1]} = \mathbf{a}^{[1]} * \sigma^{[1]'}(\mathbf{z}^{[1]})$$

y la corrección para los parámetros viene dada por:

$$\partial \mathbf{W}^{[2]} = \partial \mathbf{z}^{[2]} \partial \mathbf{a}^{[1]T}$$

$$\partial \mathbf{b}^{[2]} = \partial \mathbf{z}^{[2]}$$

$$\partial \mathbf{W}^{[1]} = \partial \mathbf{z}^{[1]} \partial \mathbf{a}^{[0]T} = \partial \mathbf{z}^{[1]} \mathbf{x}^T$$

$$\partial \mathbf{b}^{[1]} = \partial \mathbf{z}^{[1]}$$

Finalmente, dependiendo del criterio de iteraciones, o se culmina el proceso o se actualizan los parámetros y se repite el procedimiento.

Por otro lado, una de las claves para el funcionamiento del perceptrón multicapa no se haya únicamente en su arquitectura, sino también en sus funciones de activación. Anteriormente, vimos que en el perceptrón simple se utilizaba la función escalón de Heaviside, sin embargo, esto no resulta favorable, ya que no permite el uso del descenso del gradiente debido a la discontinuidad de dicha función, por lo que se utilizan otras opciones continuas y diferenciables, como las siguientes::

- La función logística o sigmoide que hemos visto ya en la sección de función logística.
- Función tangente hiperbólica  $\tanh(z)$ : Similar a la función sigmoida en forma de "s", continua y diferenciable solo que su rango es de  $(-1, 1)$ , por lo que está centrada en el cero. Esto suele ayudar a acelerar la convergencia [4].
- Función de rectificación lineal unitaria  $ReLU(z) = \max(0, z)$ : no es diferenciable en cero y puede hacer que el descenso del gradiente oscile, sin embargo es rápida a nivel de computo.

En la figura 2.22 se muestran ejemplos de las funciones que se han mencionado:

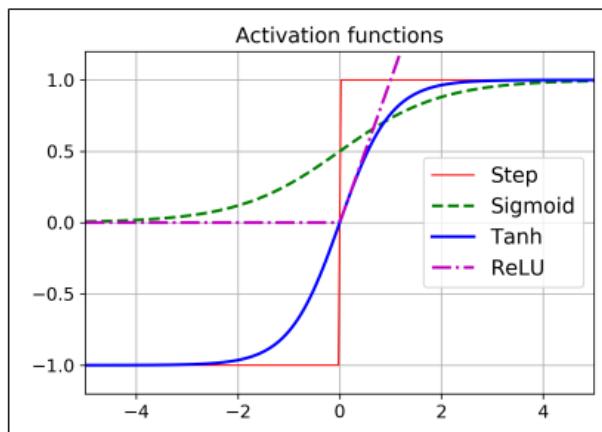


Figura 2.22: Funciones de activación [4]

### 2.3.7.6. Validación cruzada

Al momento de ajustar los hiperparámetros de los modelos de aprendizaje, como la tasa de aprendizaje en el MLP y la profundidad en el bosque aleatorio, aun puede ocurrir un problema de sobreajuste en el conjunto de prueba. Por otro lado, puede haber una "fuga" de información por múltiples razones: no tomar ciertos casos críticos o singulares que sean importantes para el aprendizaje, es decir, al generar el conjunto de entrenamiento, la mayoría de los casos sean ejemplos "fáciles" de clasificar, provocando que el desempeño del modelo en el conjunto de prueba sea significativamente malo o que, de manera inversa, en el conjunto de prueba hayan muchos casos "fáciles", ocurriendo lo contrario y el desempeño sea más alto de lo real, entre otras situaciones. Todo esto puede afectar las métricas de evaluación sobre la capacidad de generalización y generar un modelo ajeno a lo real.

Una solución frente a este inconveniente es tomar otra parte del conjunto de datos como un conjunto de "validación". El aprendizaje se realiza ahora utilizando un conjunto de entrenamiento más pequeño, para posteriormente ejecutar la evaluación en el conjunto de validación, y al tener sospecha de obtener resultados satisfactorios, la evaluación final se puede realizar en el conjunto de prueba.

Sin embargo, si se dividen los datos en tres conjuntos distintos, se reduce en gran medida la cantidad de muestras disponibles para que el modelo aprenda adecuadamente y los resultados pueden depender de una elección aleatoria particular para el par de conjuntos (entrenamiento, validación). Un método frecuentemente utilizado para solucionar este inconveniente es la validación cruzada (CV); su esquema de funcionamiento se puede visualizar en la figura 2.23. Reservando un conjunto de prueba para la evaluación final del modelo de aprendizaje, el conjunto de entrenamiento se divide en  $k$  subconjuntos llamados pliegues, llevando a cabo el siguiente procedimiento:

- El modelo es entrenado utilizando  $k - 1$  pliegues como conjunto de entrenamiento
- El modelo resultante es validado con el último pliegue apartado, es decir, este último pliegue se utiliza como conjunto de validación y se realiza una medida de desempeño.

Este procedimiento se repite  $k$  veces, donde cada subconjunto va a ser tomado como conjunto de validación y el resto como entrenamiento.

La medida de rendimiento reportada por la CV de  $k$ -pliegues será el promedio de los valores calculados en el bucle. Si bien a nivel de cómputo puede ser un enfoque costoso, no desperdicia demasiados datos y esto presenta una ventaja importante en problemas donde la cantidad de muestras es muy pequeña.

---

Una variación del CV de k-pliegues es una validación cruzada estratificada, que consiste en realizar un muestreo aleatorio que garantice que cada clase sea debidamente representada tanto en el conjunto de entrenamiento como en el de validación y prueba.

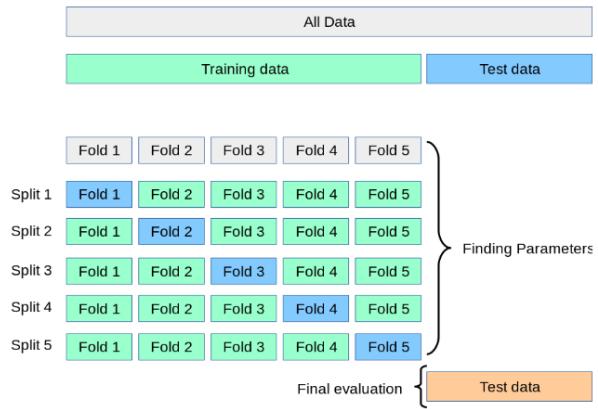


Figura 2.23: Validación cruzada de k-pliegues [4]

### 2.3.7.7. Curvas de aprendizaje y de pérdida

Además de la validación cruzada, otro método para evaluar la capacidad de generalizar de un modelo son las curvas de aprendizaje y de pérdida. Estas son curvas que permiten visualizar la evolución del desempeño del modelo en los conjuntos de entrenamiento y de validación en función de la iteración de entrenamiento o de las épocas [4]. El beneficio de estas curvas radica en que son un indicativo sobre las modificaciones que se le deben realizar al modelo para que generalice de mejor manera, esto es, saber si habrá beneficio al aumentar la cantidad de datos o si el estimador está siendo perjudicado por errores de varianza o de sesgo [22].

Las curvas de aprendizaje o de exactitud indican que tan bueno es el desempeño del modelo al momento de hacer predicciones en los conjuntos de entrenamiento y de validación, a lo largo del proceso de aprendizaje. También, se tienen las curvas de pérdida. Estas se utilizan para medir el desempeño del modelo a partir del error cometido entre el valor predicho y la salida verdadera a medida que se produce el entrenamiento, es decir, en función de las iteraciones o épocas. En la figura 2.24 se puede observar un ejemplo donde se muestra el comportamiento tanto para el conjunto de entrenamiento como para la validación. Inicialmente, la curva de entrenamiento (color azul) y la curva de validación (verde) van disminuyendo juntas, lo que significa una reducción del error, sin embargo, eventualmente la curva de validación empieza a aumentar nuevamente [5]. Este comportamiento evidencia un sobreajuste ya que, a medida que el modelo está siendo entrenado, el error

disminuye para el conjunto entrenamiento pero aumenta en el conjunto de validación, es decir, el modelo está memorizando el conjunto de prueba no generaliza de la manera adecuada. Otro factor de gran importancia al momento de elaborar un modelo de apren-

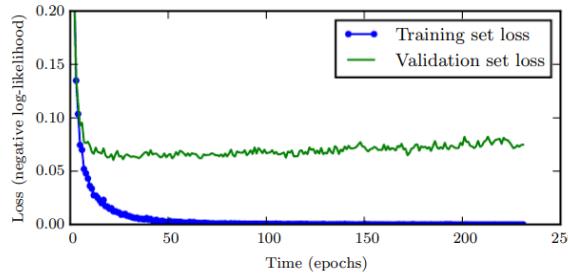


Figura 2.24: Curva de pérdida en función a la iteración o época [5]

dizaje automático, es considerar el sesgo y la varianza, ya que estos están fuertemente relacionados con el sobreajuste y sub-ajuste. El incremento de la complejidad del modelo tiende a presentar un alto valor de varianza y bajo sesgo produciendo un sobreajuste, mientras que, de manera contraria, si un modelo es más simple de lo necesario el valor del sesgo será alto llevando a un sub-ajuste y, por lo tanto, llevando a una generalización errónea [5].

Idealmente, una curva de pérdida debe decrecer de manera suave hacia valores bajos tanto para el conjunto de entrenamiento como para el de validación y una curva de exactitud debe crecer a valores cercanos al uno para ambos conjuntos de datos, tal como se muestra en la figura 2.25.

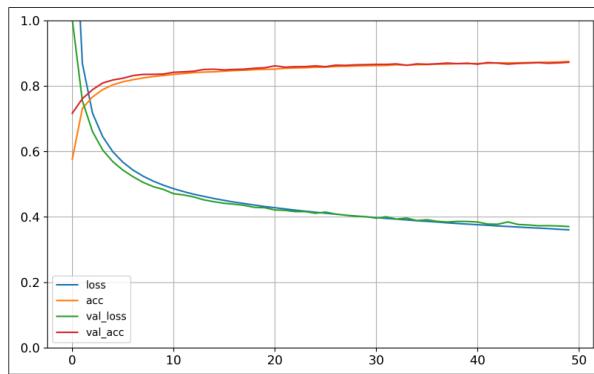


Figura 2.25: Curvas de aprendizaje y pérdida [4]

Adicionalmente, las curvas de pérdida permiten conseguir adecuadamente una tasa de aprendizaje. En la figura 2.26 se puede visualizar como el valor de la tasa de aprendizaje influye en la morfología de la curva de pérdida, donde, si el valor  $\alpha$  es muy bajo,

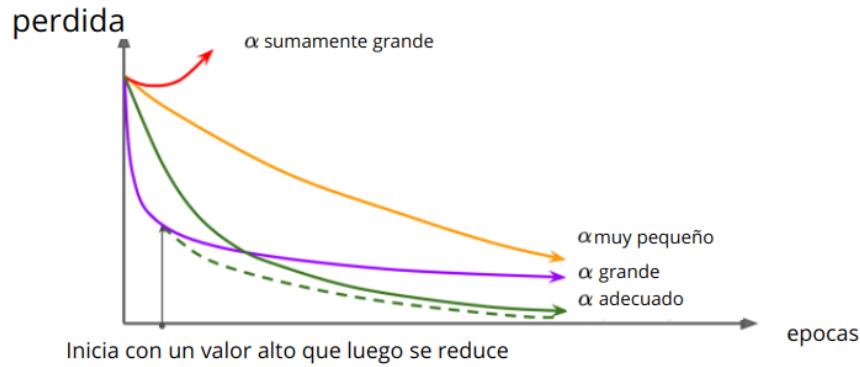


Figura 2.26: Curvas de aprendizaje para multiples tasa de aprendizaje  $\alpha$  [4]

eventualmente convergerá pero le tomará mucho tiempo para hacerlo, si es alto hará un progreso rápido pero estará dando saltos alrededor del mínimo por lo que nunca llega a una convergencia y, si es sumamente alto, el entrenamiento diverge. Por otro lado, en la curva punteada de verde, se puede ver una unión entre un factor que inicialmente era alto y, posteriormente, su valor se redujo en pro de conseguir la convergencia del modelo.

# Capítulo 3

## Estado del arte

En este capítulo se va a presentar una compilación de los resultados más relevantes obtenidos previo a este trabajo. Aquí se expondrá la forma en que ha sido tratado el tema y como se encuentra el avance en el conocimiento del mismo.

Como se ha visto en los capítulos anteriores, la FAP es un problema de salud pública significativo que puede ocasionar muchos problemas clínicos; esto la convierte en un tema de interés para los equipos de investigación cardiológica y de medicina computacional. Su pronto diagnóstico significa un tratamiento a tiempo, lo que puede resultar en salvar a los pacientes de situaciones mortales. Sin embargo, a pesar de que la FAP es fácilmente detectable a partir del ECG, al aparecer complicaciones tales como taquiarritmia y principalmente la ausencia de la onda P con la aparición de ondas fibrilares en su lugar, la predicción de un episodio de FAP no es tan sencilla a partir de la morfología del ECG, por lo que las herramientas computacionales resultan bastante útiles para realizar un análisis automatizado y confiable que permita predecir dichos episodios.

Para dar inicio al desarrollo de estas técnicas computacionales para la predicción, Moody et al., 2001 dieron pie al reto *Predicting the Onset of Paroxysmal Atrial Fibrillation: The computers in Cardiology Challenge 2001* [23] en el cual, el objetivo era predecir los episodios de FAP mediante un proceso bien definido y automatizado constituido por un algoritmo de dos etapas:

1. Discriminar sujetos con riesgo de PAF (etiquetados A) de sujetos que no tienen FAP documentada (etiquetados N)
2. Al distinguir los sujetos del grupo A del grupo N, poder distinguir si están cercanos o lejanos de dicho episodio.

Desde entonces hasta la actualidad, se han realizado una gran cantidad de estudios para hallar distintos métodos que permitan la detección de la FAP. Un método que se ha

destacado es la utilización de la señal VFC, de la que se extraen algunos parámetros característicos que, en combinación con el aprendizaje automático y el aprendizaje profundo, puede aportar resultados interesantes para este estudio. A continuación se presentarán algunos estudios publicados en el área.

### 3.1. Revisión de artículos

1. Mohebbi y Ghassemian en el año 2011 en su estudio [24], utilizaron características basadas en el gráfico de recurrencia de la señal de intervalos RR, para desarrollar un algoritmo capaz de predecir los episodios de FAP, discriminando la señal VFC de pacientes a punto de sufrir un episodio de FAP versus la VFC de pacientes que estaban al menos a 45 min. de un episodio de FAP. La metodología incluía tres pasos principales:

- Preprocesamiento de las señales de ECG
- Extracción del vector característico usando graficas de recurrencia de la señal VFC
- Clasificación basada en maquinas de soporte vectorial (SVM)

El estudio extrajo cinco atributos significativos de la señal de intervalos RR, que son: la tasa de recurrencia(REC), la diagonal máxima ( $L_{max}$ ), el promedio de las diagonales ( $L_{mean}$ ), la entropía y el tiempo de captura.

Los resultados mostraron que el conjunto de atributos basado en gráficas de recurrencia, podía predecir eficazmente el inicio de los ataques de FAP, con la tasa de recurrencia mostrando valores más altos en los episodios antes de la FAP en comparación con los distantes. El estudio utilizó un clasificador basado en SVM, cuyos resultados, en términos de sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo y negativo, fueron 97 %, 100 %, 100 %, and 96 %, respectivamente. Los autores concluyen que las estructuras de gráficas de recurrencia contienen información valiosa para caracterizar los niveles de caoticidad antes de los eventos de FAP. El algoritmo propuesto superó a los métodos existentes en la predicción de eventos de FAP. Las limitaciones del estudio incluyen la frecuencia de muestreo relativamente baja de las señales de ECG, el pequeño tamaño de la base de datos analizada y la falta de pruebas del algoritmo de predicción frente a ritmos distintos del ritmo sinusal.

En resumen, este estudio desarrolló con éxito un algoritmo para predecir la aparición de la FAP utilizando características basadas en la gráfica de recurrencia de las

---

señales del intervalo RR, demostrando resultados prometedores en términos de sensibilidad y especificidad. Sin embargo, es necesario seguir investigando para abordar las limitaciones y mejorar la aplicabilidad del algoritmo en entornos clínicos.

2. Mohebbi y Ghassemian, bajo la misma línea de investigación, de su trabajo [13], decidieron probar la utilidad de herramientas lineales y no lineales.

Su metodología fue la siguiente:

- Preprocesamiento: Se extrajo la señal de VFC de las señales de ECG y se eliminaron los ruidos mediante un filtro de paso de banda. Se detectaron los picos R y se midieron los intervalos de la señal VFC.
- Extracción de atributos: Se extrajeron características lineales y no lineales de la señal de VFC para que funcionaran como marcadores para la predicción de la FAP. Estas características fueron cuatro espectrales, seis biespectrales, tres obtenidas de gráficas de Poincaré y la entropía, obteniendo un total de 14 características .
- Análisis estadístico: Se realizaron pruebas ANOVA para determinar diferencias estadísticamente significativas en las características extraídas entre episodios de FAP y no FAP.
- Clasificación: El vector de características estadísticamente significativas resultante de la prueba ANOVA se utilizó como entrada a una SVM para poder discriminar entre ambos tipos de datos.

Como resultados ellos reportan que, el análisis estadístico ANOVA mostró que las potencias de altas y bajas frecuencias tenían diferencias significativas para los episodios cercanos al FAP en comparación con los episodios lejos de una FAP. Las características basadas en el biespectro mostraron valores más bajos en los episodios cerca de una FAP, lo que indica un potencial poder predictivo. Por último, las gráficas de poincaré también mostraron esta diferencia significativa entre ambos tipos de datos. De esta manera se obtuvieron un total de 12 características estadísticamente significativas, para ser luego utilizadas en la etapa de clasificación. Por otro lado, la clasificación demostró que una combinación de espectro, biespectro y análisis no lineal de las características de la VFC logra una alta sensibilidad (96,30 %) y especificidad (93,10 %) en la predicción de la FAP. El algoritmo resultó prometedor a la hora de diferenciar las señales de VFC previas a los episodios de FAP de aquellas alejadas de la FAP.

---

Sus limitaciones, al igual que en el caso anterior, vienen dadas por una falta de generalidad del algoritmo a conjuntos de datos más grandes y diversos, ya que el tamaño de la muestra utilizada para entrenar y probar el algoritmo fue relativamente pequeña, lo que puede afectar al rendimiento del algoritmo en situaciones reales. Además, pueden surgir resultados contradictorios si el algoritmo se aplica a conjuntos de datos con características diferentes o si las características extraídas se ven influenciadas por factores externos no considerados en el estudio.

3. K.H. Boon et al, 2016 [25] se plantean como objetivo la predicción de episodios de FAP, pero su diferencia con respecto a los otros métodos, reside en involucrar la utilización de algoritmos genéticos para optimizar la selección de atributos, lo que puede mejorar la precisión de la predicción. Además, experimenta con señales de ECG más cortas que las típicas señales de 30 minutos aportadas por la base de datos de Physionet, esperando una buena predicción.

En el artículo se plantea como metodología un enfoque que combina la extracción de atributos VFC, la optimización mediante algoritmos genéticos y la evaluación de diferentes longitudes de señal VFC. Se utilizaron características espectrales y dinámicas no lineales para mejorar la precisión de la predicción y se observó el impacto de utilizar diferentes longitudes de señal VFC en la predicción.

Posteriormente, estas características fueron utilizadas como vector de entrada en un SVM, reportando una precisión del 79.3 % en la predicción del inicio de la fibrilación auricular utilizando segmentos de 15 minutos de señales VFC. Este resultado superó a los obtenidos por otros métodos existentes que utilizaron segmentos menores a los tradicionales 30 minutos, lo cual resulta de gran importancia puesto que ayuda al diagnóstico rápido del episodio. Observaron que la combinación de VFC y algoritmos de optimización, otorgan resultados prometedores en la predicción de la fibrilación auricular, con lo cual concluyen que la metodología propuesta es efectiva para predecir el inicio de la fibrilación auricular.

Sin embargo, se identificaron limitaciones en la selección de atributos al observar variabilidad en los resultados al modificar la longitud de la señal VFC. Sugieren que futuras investigaciones se centren en mejorar la selección de atributos y en validar la generalización de los resultados a diferentes conjuntos de datos y poblaciones para fortalecer la efectividad y aplicabilidad del método propuesto en diversos contextos clínicos.

4. Ebrahimzadeh et al 2018 [26], utilizaron un enfoque de selección de atributos locales para extraer información crítica de señales de ECG y FAP.
-

La metodología es similar a los artículos anteriores, consistiendo en una etapa de obtención de la señal ECG, un preprocesamiento en la que se remueve el ruido de la señal, se detectan los complejos QRS y se extrae la señal VFC, pasando posteriormente por una extracción de características; en este caso cinco temporales, cuatro frecuenciales, 11 características tiempo-frecuencia y finalmente ocho características no lineales.

Cabe destacar que un punto de diferencia en este estudio es que la señal de estudio de ECG tiene una duración de 5 min. La selección de los atributos se realizó mediante la aplicación de un enfoque automatizado de selección de características de subconjunto local, el cual consiste en seleccionar diferentes conjuntos de características informativas para la clasificación en distintas partes del espacio de muestra. Finalmente, se utilizaron los siguientes modelos de aprendizaje: MLP, K-vecinos cercanos, SVM y el clasificador ME (por sus siglas mixture of experts) y se aplicó un método de validación cruzada de diez pliegues para evaluar el rendimiento de los clasificadores.

La combinación de características informativas de diferentes dominios, el método de selección de características de subconjunto local y el uso del clasificador ME demostraron ser un predictor más preciso de la FAP. Los resultados indicaron que el método propuesto tenía un rendimiento sobresaliente en términos de sensibilidad (100 %), especificidad (96.55 %) y precisión (98.21 %), superando a los enfoques existentes y mostrando un potencial significativo para el desarrollo de sistemas de detección temprana de la FAP.

### 3.2. Resumen de la revisión de artículos

Si bien estos estudios resultan prometedores para predecir la FAP, existen limitaciones y áreas de controversia. Por ejemplo, aunque el uso de secuencias de VFC más cortas puede ser beneficioso en términos de eficiencia, puede haber una contrapartida en términos de exactitud de la predicción. Además, aunque el aprendizaje automático puede mejorar la exactitud de la predicción, la interpretabilidad de los modelos de aprendizaje automático puede ser difícil. También, estos métodos se encuentran todavía en fase de investigación y desarrollo y es posible que no se hayan aplicado de forma generalizada en la práctica clínica. Adicionalmente, estos estudios se enfocan en el estudio de pacientes lejanos a un episodio de FAP y cercanos a un episodio de FAP, es decir, en un enfoque de clasificación binaria, dejando de lado la etiqueta de pacientes que no sufren de FAP, por lo que no se evalúa una evolución fisiológica para poder predecir cuando un paciente está por sufrir

---

un episodio desde un estado sano hasta un estado enfermo. Por lo tanto, se necesita más investigación y validación antes de que estos métodos puedan ser ampliamente adoptados.

# Capítulo 4

## Metodología

En el presente capítulo se procede a desarrollar el procedimiento seguido para todo el preprocessamiento de la señal, extracción de los atributos y creación del vector correspondiente, extracción de características y entrenamiento. El lenguaje de programación utilizado fue Python.

### 4.1. Base de datos

Como base de datos de señales de ECG, se utilizó la ofrecida por Physionet en el reto realizado en 2001 llamado *PAF Prediction Challenge Database* (AFPDB) [23] y la base de datos *MIT-BIH Normal Sinus Rhythm Database(NSRDB)*[27]. La primera de estas bases consiste en 100 segmentos de ECG de 30 min. De los cuales 25 terminan justo antes de un episodio de FAP y 25 están al menos a 45 min de distancia de cualquier episodio de FAP. Los otros 50 registros de 30 min son clasificados como registros de pacientes que no tienen episodios de FAP documentado. Los sujetos incluyen controles sanos, pacientes remitidos para monitorización ECG ambulatoria a largo plazo y pacientes en unidades de cuidados intensivos.

Los archivos contienen los ECGs digitalizados a 16bits/muestra con una frecuencia de 128 muestras/s. Con un nominal de 200 A/D unidades por mV. De esta base de datos solo se tomaron los pacientes que estaban lejanos a un episodio de FAP y cercanos a un episodio de FAP.

Por otro lado, para los pacientes sanos se utilizó la base de datos NSRDB la cual posee 18 registros de ECG de término largo de sujetos referidos al laboratorio de arritmia en el hospital Beth Israel en Boston. Incluye 5 hombres de 26 a 45 años y 13 mujeres de 20 a 50 años. Posee una frecuencia de 128muestras/s.

## 4.2. Método propuesto

El objetivo de este trabajo es proponer, basado en la información asociada a la variabilidad de frecuencia cardíaca, un procedimiento computacional que estratifique la posible aparición de un evento de FAP, utilizando modelos de aprendizaje automático que resuelvan un problema de clasificación entre tres clases: eventos VFC de sujetos sanos así como eventos VFC lejanos y cercanos a un episodio de FAP.

### 4.2.1. Preprocesamiento

#### 4.2.1.1. Extracción señal de variación de frecuencia cardíaca (VFC)

Generalmente, las señales ECG están contaminadas con impurezas o artefactos tales como los latidos ectópicos o la interferencia debido a la línea 60Hz, lo que puede afectar el proceso de análisis. Por lo tanto, luego de la segmentación de la señal, se debe realizar un preprocesamiento que esencialmente consiste en un filtrado de ruido que puede tener varias etapas; en este caso se aplicó un filtro trapezoidal a la señal de entrada y posteriormente se realizó una convolución a la señal con un filtro adaptado QRS. Luego , se realiza la detección de los picos R de los complejos QRS, utilizando para ello, la función *gqrs\_detect* del paquete wave-form database (WFDB) creada por MIT laboratory for computational physiology, diseñada para facilitar el estudio de las señales ECG ofrecidas por Physionet [28] (hay que destacar que dicho software también posee el filtrado de la señal)

Una vez detectados los picos R, se obtiene la señal de intervalos R-R, midiendo la diferencia de tiempo entre picos R sucesivos. Posteriormente, se reconstruyó la señal utilizando el método de Kammath y Fallen [29] , de acuerdo con el cual se deben extraer los intervalos R-R con una duración menor al 80 % de la duración del ultimo intervalo R-R normal y se completa la señal haciendo uso de una interpolación, eliminando así los latidos ectópicos y obteniendo una señal VFC como la que se puede apreciar en la figura 4.1.

### 4.2.2. Extracción de atributos

En esta sección se explicará como se realizó la extracción del vector de atributos, el cual se utilizará para la etapa del aprendizaje automático.

#### 4.2.2.1. Características temporales

Se realizó un estudio estadístico que permitió obtener siete atributos muy tradicionales en el análisis de VFC. Estos se pueden obtener a partir de mediciones directas sobre

---

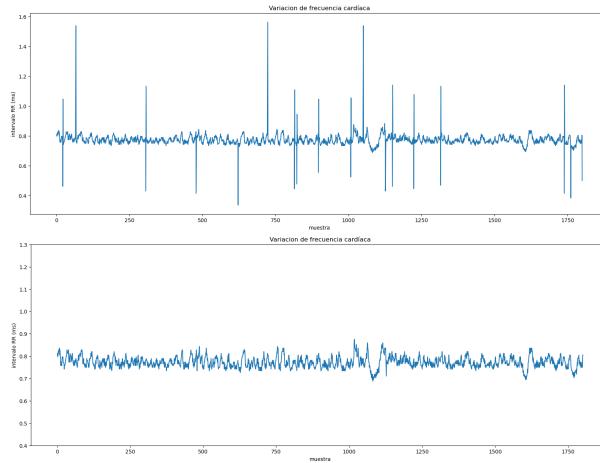


Figura 4.1: Señal de VFC sin correcciones (arriba) y señal VFC corregida (abajo)

los intervalos R-R o haciendo uso de diferencias entre intervalos de R-R sucesivos. Considerando a la señal VFC como un conjunto de N datos univariados, los siete atributos determinados, son:

- **Desviación absoluta media (DAM):** La desviación absoluta media de una señal es la diferencia absoluta promedio entre entre cada dato y la media aritmética del conjunto, lo que proporciona una estimación de la variabilidad en la señal.

$$DAM = \sum_{i=1}^N \frac{|x_i - \bar{x}|}{N} \quad (4.1)$$

- **Promedio de los intervalos RR ( $\overline{RR}$ ):**

$$\overline{RR} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N RR_i \quad (4.2)$$

- **Raíz cuadrada media de las diferencias sucesivas entre latidos cardíacos normales (RMSSD):** refleja la integridad del control autónomo del corazón mediado por el nervio vago [30]

$$RMSSD = \sqrt{\frac{1}{n-1} \sum_{j=1}^N \Delta RR_j^2} \quad (4.3)$$

- **Desviación estándar de la diferencia entre intervalos RR adyacentes (SDSD):**

$$SDSD = \sqrt{\frac{1}{n-1} \sum_{j=1}^N (\Delta RR_j - \overline{\Delta RR})^2} \quad (4.4)$$

- Desviación estándar de una serie de intervalos RR (SDNN)

$$SDNN = \sqrt{\frac{1}{n-1} \sum_{j=1}^N (RR_j - \bar{RR})^2} \quad (4.5)$$

- prueba NN50 y PNN50: encuentran el número de diferencias de intervalos RR superiores a 50 ms (NN50) y la relación entre NN50 y el número total de diferencias de intervalos RR.

$$pNN50 = \frac{NN50}{n} \quad (4.6)$$

#### 4.2.2.2. Características frecuenciales

Se realizó un análisis espectral fundamentado en la obtención de la densidad espectral de potencia (PSD) de la señal VFC. Realizar un estudio desde el punto de vista frecuencial puede resultar de gran utilidad puesto que la potencia en las bandas de alta y baja frecuencia incrementan antes de un ataque de FA. Esto es debido a que este padecimiento está asociado a cambios en el sistema nervioso autónomo, los cuales pueden reflejarse en el espectro de potencia de la señal VFC. La alta frecuencia está relacionada con la actividad parasimpática, la cual se encarga de disminuir el ritmo cardíaco; ésta refleja el ritmo sinusal normal y por lo tanto la actividad cardíaca vaga. Por otro lado, la baja frecuencia está relacionada con el control baroreceptor y los sistemas simpáticos, los cuales disminuyen y relajan el ritmo cardíaco. Al haber un incremento en la potencia de ambas bandas de frecuencia, podría aumentar la actividad de ambos sistemas: simpático y parasimpático, como una respuesta de autorregulación debido al estrés fisiológico en la que se encuentra el cuerpo en un intento de mantener la homeostasis.

También se debe considerar la relación baja frecuencia/alta frecuencia, la cual es una medida del equilibrio del sistema nervioso autónomo, donde un número mayor indica un exceso de actividad adrenérgica y un número menor indica un exceso de actividad vagal. Por lo tanto, un aumento tanto en baja frecuencia como en alta frecuencia podría indicar una mayor actividad en ambas ramas del sistema nervioso autónomo.

Para hallar el PSD de las señales, se utilizó el método de Welch [31], cuyo algoritmo se describe a continuación:

Tomando una serie de N datos de entrada:

1. Partición de la secuencia de datos

$$x[0], x[1], \dots, x[N-1]$$


---

en k segmentos:

segmento 1:  $x[0], x[1], \dots, x[M - 1]$

segmento 2 : $x[S], \dots, x[M + S - 1]$

$\vdots$

segmento K : $x[N - M], \dots, x[N - 1]$

donde:

M es el numero de puntos en cada segmento.

S son los puntos donde se cruza de un segmento a otro.

K el numero de segmentos.

2. Para cada segmento, se calcula la transformada discreta de fourier (DFT) a cierta frecuencia  $\nu = i/M$  con  $(-M/2 - 1) \leq i \leq M/2$ :

$$X_k(\nu) = \sum_m x[m] \omega[m] e^{-2j\pi\nu m}$$

donde m:  $(k - 1)S, \dots, M + (k - 1)S - 1$

$\omega[m]$  : función ventana cuya función es mitigar los efectos de la discontinuidad en los extremos de los segmentos de tiempo al aplicar la transformada de Fourier. Sin una ventana adecuada, las discontinuidades pueden introducir artefactos en la estimación espectral, lo que resulta en un sesgo y variaciones en las estimaciones de potencia.[31]

3. Para cada segmento ( $k = 1$  hasta  $K$ ) se calcula el valor de periodograma  $P_k(\nu)$  de la transformada discreta de fourier.

$$P_k(\nu) = \frac{1}{W} |X_k(\nu)|^2$$

donde

$$W = \sum_{m=0}^M \omega^2[m]$$

4. La PSD de Welch es el promedio de los k periodogramas [32]. De modo que:

$$S_x(\nu) = \frac{1}{K} \sum_{k=1}^K P_k(\nu)$$

Mientras más larga sea la longitud N de la señal, el promedio de los periodogramas converge a la densidad de potencia espectral[32].

En este trabajo, para obtener la PSD, se utilizó como herramienta computacional la librería PyHRV [6] . A partir del PSD de cada señal analizada, se obtienen los 4 atributos frecuenciales típicos del análisis VFC: En la figura 4.2 se puede visualizar un ejemplo de una gráfica obtenida usando la librería ya mencionada.

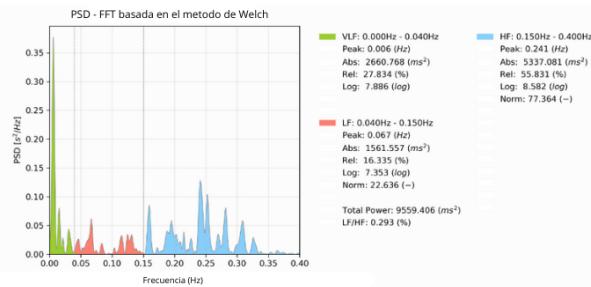


Figura 4.2: Muestra de PSD usando el método de Welch [6]

Así, de estas gráficas se tomaron 4 características:

1. VLF (del inglés very low frequency): Potencia absoluta de la banda de muy baja frecuencia (0.00Hz-0.04Hz)
2. LF (del inglés low frequency): Potencia absoluta de la banda de baja frecuencia (0.04Hz-0.15Hz)
3. HF (del inglés high frequency): Potencia absoluta de la banda de alta frecuencia (0.15Hz-0.40Hz)
4. La tasa entre la baja frecuencia y la alta frecuencia (LF/HF)

#### 4.2.2.3. Características no lineales

Se realizó un estudio con el fin de obtener atributos de tipo no lineal, fundamentado en dos tipos de herramientas: las gráficas de Poincaré y las gráficas de recurrencia.

Las gráficas de Poincaré, son frecuentemente utilizadas en el estudio de la VFC. Estos gráficos son mapas que representan la relación de un punto en función del anterior en una serie de tiempo. La idea es la siguiente: Dada una secuencia de datos  $x_0, x_1, x_2, \dots, x_n$ , se obtendrá una gráfica de dispersión donde los puntos son los pares  $(x_0, x_1), \dots, (x_{n-1}, x_n)$ , es decir, en el eje vertical se representa un dato y, en el eje horizontal, el dato anterior.

Para la cuantificación geométrica de este tipo de gráfico se tienen ciertas cantidades estandarizadas: SD1 y SD2, las cuales son visualizadas en la figura 4.3 como las líneas verde y azul, respectivamente. Estas se pueden obtener al ajustar una elipse a la forma de la distribución de puntos; por el centro de esta elipse pasarán dos rectas diagonales llamadas eje 1 y eje 2. El valor SD1 es la desviación estándar de los puntos con respecto al eje 1 y determina el ancho del elipse (variabilidad de término corto) y SD2 es la desviación estándar de los puntos con respecto al eje 2 y determina la longitud del elipse (variabilidad de término largo) [33]. Se tomaron como atributos estas dos cantidades así como también la tasa entre ellas,  $SD1/SD2$ . El cálculo de estas cantidades viene dada por:

$$SD1 = \sqrt{\frac{1}{2}SDSD^2} \quad (4.7)$$

$$SD2 = \sqrt{2SDNN^2 - \frac{1}{2}SDSD^2} \quad (4.8)$$

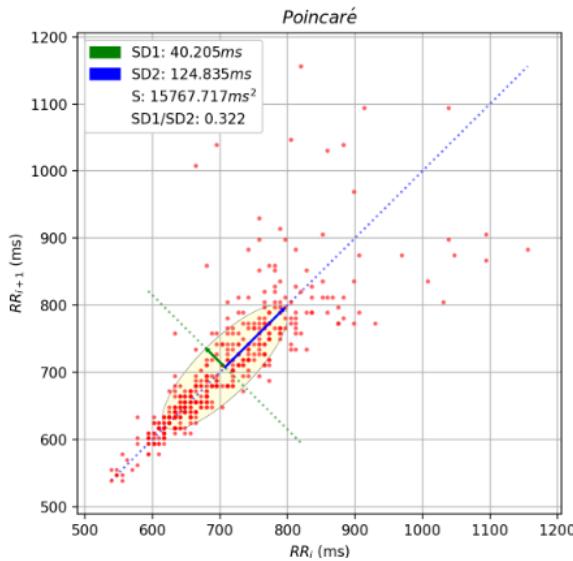


Figura 4.3: Gráfica de Poincaré [6]

El segundo método no lineal utilizado fueron las gráficas de recurrencia, herramienta que consiste en reconstruir un espacio de fases de la señal de entrada. La estrategia utilizada con mayor frecuencia es el método de retraso temporal [34], el cual consiste en tomar una serie temporal  $S_i(i = 1, \dots, N)$  de longitud N y construir un espacio m-dimensional con vectores cuyas componentes son los elementos de la serie temporal pero tomados con cierto retraso  $\tau$  hasta llegar a m componentes, es decir

$$\mathbf{x}_i = [s_i, s_{i+\tau}, \dots, s_{i+(m-1)\tau}] \quad i = 1, 2, \dots, N - (m-1)\tau$$

En este espacio de fases se ejecutará una dinámica adecuada para poder construir la gráfica de recurrencias. Según [35], un método comúnmente utilizado para seleccionar la dimensión del espacio y que suele dar buen resultado para señales de ECG, es el de los falsos vecinos más cercanos. Este método consiste en identificar los vecinos que geométricamente parecieran estar cercanos entre si, pero que al aumentar la dimensión del espacio, resultan no ser vecinos. La idea de este método es aumentar la dimensión del espacio hasta que la cantidad de vecinos falsos sea cero o el menor número posible.

Una vez reconstruido el espacio de fases se puede obtener la gráfica de recurrencia. Esta gráfica se construye a partir de una matriz de recurrencia cuyas entradas vienen definidas por la función escalón

$$R_{ij} = \Theta(\epsilon - \|x_i - x_j\|) \quad i, j = 1, 2, \dots, M \quad (4.9)$$

donde  $M = N - (m - 1)\tau$  y  $\epsilon$  es una distancia umbral. Esto significa que si dos vectores  $\mathbf{x}_i$  y  $\mathbf{x}_j$  existentes en el espacio de fases están lo suficientemente cerca, entonces  $R_{ij} = 1$ ; lo cual significa que el sistema está en un estado recurrente en el tiempo, es decir, que el estado en el tiempo  $i$  es igual al estado en el tiempo  $j$ , de otro modo  $R_{ij} = 0$ .

En la figura 4.4 se puede visualizar este proceso en donde se parte de la señal ECG y se obtiene la señal de VFC, posteriormente, se construye el espacio de fases adecuado a la señal para que, luego, dependiendo de la distancia entre los dos vectores, se calcule el valor de  $R_{ij}$  para que, finalmente, estos valores sean representados en una gráfica por puntos blancos y negros, respectivamente.

Como podemos ver, la construcción de este espacio depende de varios parámetros fundamentales, por lo que resulta de gran importancia elegir adecuadamente los valores de la dimensión  $m$ , el retraso temporal  $\tau$  y el umbral  $\epsilon$ . Según [24], un buen valor de dimensión de espacio de fases con un porcentaje de falsos vecinos menor al 1%, sería de  $m = 7$  con un retraso temporal  $\tau = 1$ . Por otro lado, el umbral es un valor un poco más difícil de decidir; [36] utiliza el método denominado *cantidad fija de vecinos más cercanos* (FAN, por sus siglas en inglés), el cual consiste en fijar una cantidad de vecinos de tal manera que la tasa de recurrencia tiene un valor fijo predeterminado.

Para el estudio de fenómenos no lineales, las ventajas que posee la generación de gráficas de recurrencia son:

- La introducción de réplicas de la señal con retardo de tiempo captura las dependencias e interacciones entre los estados pasados y presentes.
  - Cuantificar el grado de previsibilidad del sistema
-

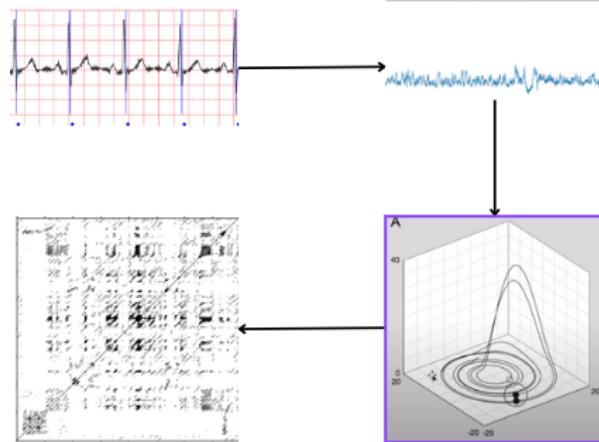


Figura 4.4: Pasos para la creación de una gráfica de recurrencia

- Comparar la dinámica de diferentes sistemas.
- Proporciona una representación más completa del espacio de fases del sistema, lo que permite una mejor visualización y análisis mediante gráficos de recurrencia.
- El gráfico de recurrencia puede revelar patrones ocultos en el ritmo cardíaco, como arritmias recurrentes o cambios sutiles en la función cardíaca.
- Puede identificar transiciones entre diferentes estados del corazón, por ejemplo, desde un ritmo normal hasta latidos prematuros o fibrilación.
- Al analizar la densidad y distribución de los puntos, puede obtener información sobre la complejidad del ritmo cardíaco y los riesgos potenciales de anomalías.

A partir de las gráficas de recurrencia, se pueden realizar varias mediciones que pueden ser tomadas como atributos a ser usados en el aprendizaje automático [24]. A continuación se muestran seis de ellos:

1. **Tasa de recurrencia (REC)**: mientras mayor es el valor, más periódica es la señal

$$REC = \frac{1}{M^2} \sum_{i,j=1}^M R_{ij} \quad (4.10)$$

2. **Determinismo (DET)**: determina la predictibilidad de un sistema y se puede medir en las diagonales paralelas a la diagonal principal:

$$DET = \frac{\sum_{l=l_{min}} l p(l)}{\sum_{i,j}^M R_{ij}} \quad (4.11)$$

donde  $p(l)$  es el número de estructuras diagonales con longitud  $l$ ; aquí se utilizó  $l_{min} = 2$

3. **Diagonal máxima**( $L_{max}$ ): mide la diagonal más larga en la gráfica de recurrencia, sin contar la diagonal principal.

4. **Promedio diagonales**( $L_{mean}$ ):

$$L_{mean} = \frac{\sum_{l=l_{min}}^M lp(l)}{\sum_{i,j}^M p(l)} \quad (4.12)$$

Tanto esta cantidad como la diagonal máxima permiten conocer la predictibilidad del sistema ya que mientras más largas sean estas diagonales y mayor sea la cantidad más predecible es el mismo.

5. **Entropía:** Calcula la entropía de Shannon de la distribución de longitudes de segmentos diagonales:

$$ENTR = - \sum_{l=l_{min}}^M P(l) \ln(P(l)) \quad (4.13)$$

donde  $P(l)$  es la probabilidad de que las estructuras diagonales tengan longitud  $l$ , y viene definida por  $P(l) = \frac{p(l)}{\sum(p(l))}$ . Esta medida da la complejidad de la estructura determinista; a mayor entropía, mayor será la complejidad de los patrones.

6. **Tiempo de captura:** mide la longitud promedio de líneas verticales y mide el tiempo medio en el cual el sistema permanece en un estado específico

$$CAPTURA = \frac{\sum_{\nu=\nu_{min}}^M \nu p(\nu)}{\sum_{\nu=\nu_{min}}^M p(\nu)} \quad (4.14)$$

donde  $p(\nu)$  es el número de estructuras diagonales de longitud  $\nu$  y  $\nu_{min} = 2$

De este modo, se obtuvieron las 6 características de la gráfica de recurrencia, cantidad que, si la sumamos a los 3 atributos obtenidos de la gráfica de Poincaré, nos da un total de 9 atributos provenientes del análisis no lineal realizado.

Finalmente, realizando un resumen de los atributos obtenidos, se tiene:

- 7 características temporales ( $\overline{RR}$ , SDRR,SDSD,RMSSD,NN50,PNN50 y DAM).
- 4 características espectrales (VLF, LF, HF, LF/HF).
- 9 características no lineales ( SD1, SD2, SD1/SD2, REC, Lmax, Lmean, ENTRPIA, CAPTURA, DET).

lo cual genera un total de 20 atributos, que permitieron construir los patrones que fueron utilizados en el aprendizaje automático. La extracción de las 6 características del análisis de recurrencia, se realizó con el uso de la librería PyUnicorn [37], mientras que, para las otras 14, se utilizó la librería PyHRV [6].

---

#### 4.2.3. Análisis de varianza (ANOVA)

Una vez concluida la extracción de los atributos, se realizó una prueba ANOVA de una vía, con el fin de evaluar la significancia estadística entre los rasgos de los sujetos catalogados como "sanos", "lejanos" y "cercanos" [24], debido a que existe la posibilidad de que hayan atributos que no aporten información al entrenamiento y puedan afectar el aprendizaje. La prueba de análisis de varianza busca distinguir los atributos que generan una diferencia estadísticamente significativa entre los grupos de estudio de las que no. Estos se logra determinando el factor "p" y comparándolo con un valor crítico, el cual fue tomado en 0,05; si  $p < 0,05$  se dice que ese atributo es estadísticamente significativo y en caso contrario no lo será. Sin embargo, para realizar una prueba ANOVA, se deben tener ciertas condiciones:

1. **Distribución normal de cada uno de los grupos:** las observaciones deben presentar una distribución normal. Esta condición se vuelve menos estricta a medida que el tamaño del grupo sea más grande. Como en este trabajo se utiliza una base de datos pequeña, se tuvo que realizar una evaluación del tipo de distribución antes de ejecutar la prueba ANOVA. Debido a que la robustez de la prueba frente a distribuciones no normales decae cuando el grupo es más pequeño, quedan dos opciones: ejecutar la prueba H de Kruskal-Wallis o realizar transformaciones para normalizar los datos. En este trabajo se procedió de la segunda manera.
2. **Homocedasticidad:** La varianza dentro de los grupos debe ser aproximadamente igual en todos ellos. Es una condición que se vuelve más importante a medida que el tamaño del grupo es menor. Por otra parte, mientras más similar sea el número de observaciones por grupos, más robusta es la prueba ANOVA a la falta de homocedasticidad.

#### 4.2.4. Clasificación

Una vez extraídas los atributos temporales, espectrales y no lineales que aprobaron el test de significancia estadística ANOVA, se procedió a la clasificación. Considerando que en esta investigación se quiere evidenciar que existe una evolución en los pacientes que presentan episodios de FAP, se necesita una herramienta de clasificación multiclasas para poder distinguir, a partir de los vectores de atributos que caracterizan la VFC, las clases "sanos", "lejanos" y "cercanos".

---

#### 4.2.4.1. Perceptrón multicapas (MLP)

La primera herramienta utilizada para la etapa de clasificación fue un MLP, cuya arquitectura se definió de la siguiente manera: una capa de entrada con un número de neuronas igual al número de atributos para los que se obtuvo un valor  $p < 0.05$  en la prueba ANOVA, una capa oculta de neuronas totalmente conectadas cuyo número se va determinar, para las cuales se utilizó una función de activación ReLU y finalmente una capa de salida de 3 neuronas con una función de activación softmax, comúnmente utilizada en los clasificadores multclases. Hay que destacar que en este caso, al vector de salida se le realizó una transformación categórica, obteniendo así un resultado de la forma  $\hat{y} = (a, b, c)$  donde uno de los tres valores es igual 1 y los otros dos valen 0; de esta manera, la categoría *Normal* = (1, 0, 0), *Lejano* = (0, 1, 0) y *Cercano* = (0, 0, 1).

El entrenamiento fue realizado utilizando un esquema de validación cruzada con 5 pliegues para reducir el sobreajuste. El optimizador usado fue el que implementa el algoritmo Adam, el cual es un método que utiliza el descenso del gradiente estocástico, que se basa en la estimación adaptativa de momentos de primer y segundo orden, utilizando como función de costo la entropía cruzada categórica.

#### 4.2.5. Bosque aleatorio

La otra herramienta de clasificación con la cual se experimentó fue un bosque aleatorio. Una ventaja de este modelo es que, como se explicó anteriormente, no es sensible a escalas por lo que se introdujo el vector de entrada resultante al modelo. Así como se procedió con el MLP, el entrenamiento del bosque aleatorio, también se realizó utilizando un esquema de validación cruzada de 5 pliegues con la intención de evitar el sobreajuste.

Para finalizar la sección 4.2 correspondiente al método propuesto, en la figura 4.5, se resume la estrategia utilizada: primero, la obtención y segmentación de la señal ECG, segundo, preprocessamiento de la señal donde se realizó la detección de los picos R, la limpieza de latidos ectópicos y artefactos para obtener la señal VFC, tercer, la extracción de los 20 atributos temporales, espectrales y no lineales, seguidamente, la reducción de características utilizando la prueba de significancia estadística ANOVA y, finalmente, la clasificación utilizando los modelos MLP y bosques aleatorios, además de una evaluación de calidad en los resultados obtenidos.

---

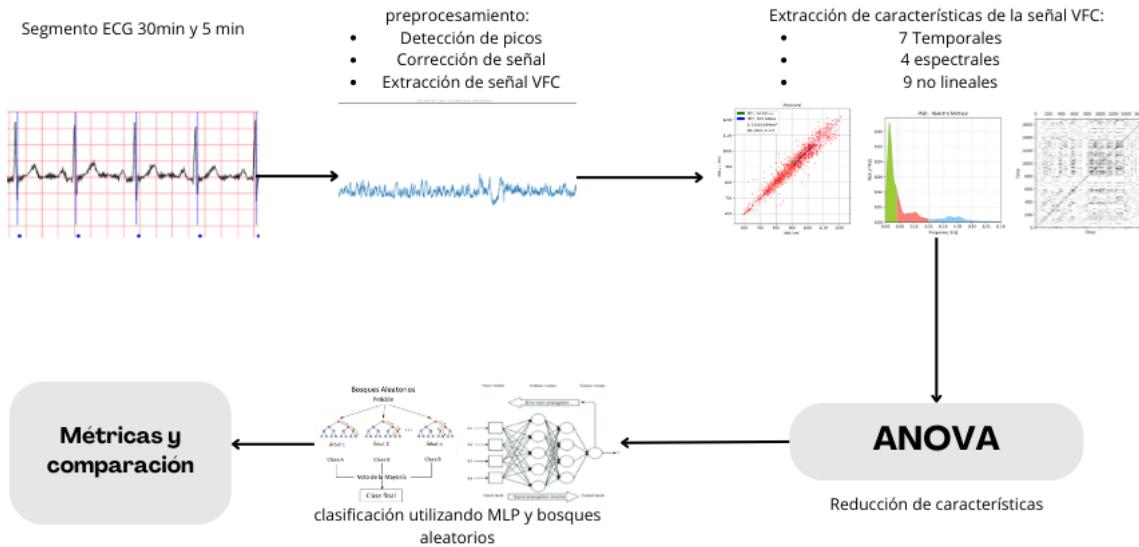


Figura 4.5: Diagrama metodológico

### 4.3. Métricas de evaluación

Una manera muy eficaz de evaluar el rendimiento predictivo o desempeño de un modelo es a través de matrices de confusión. Una matriz de confusión es un arreglo matricial cuadrado con un número de filas igual al número de clases reales y un número de columnas igual al número de clases predichas, que recoge, en la celdas de la diagonal principal, todos los aciertos y en el resto de las celdas, todos los errores, es decir, todos los casos donde el modelo entrenado se equivocó en la predicción. En la figura 4.6, se observa el caso de un problema de clasificación binario, donde los aciertos se trabajan como verdaderos positivos (VP) y verdaderos negativos (VN) mientras que, los errores se tratan como falsos positivos (FP) y falsos negativos (FN)

		VALOR PREDICHO	
		POSITIVO	NEGATIVO
VALOR VERDADERO	POSITIVO	VP	FN
	NEGATIVO	FP	VN

Figura 4.6: Matriz de confusión y sus métricas

Si bien la matriz de confusión da una buena perspectiva del desempeño del modelo, también resulta favorable la obtención de medidas evaluativas más concisas; para el caso binario, se tiene:

- Exactitud

$$\text{exactitud} = \frac{VP + VN}{VP + FP + VN + FN}$$

Mide la proporción de aciertos.

- Precisión

$$\text{precision} = \frac{VP}{VP + FP}$$

Cuantifica a la proporción de patrones realmente positivos, dentro de todos los que fueron detectados como positivos.

- Sensibilidad

$$\text{sensibilidad} = \frac{VP}{VP + FN}$$

Indica la proporción de patrones realmente positivos dentro de todos los positivos posibles.

- puntaje F1:

$$F1 = \frac{2}{\frac{1}{\text{precision}} + \frac{1}{\text{sensibilidad}}}$$

Representa una combinación entre la precisión y la sensibilidad.

Para el caso de un problema de clasificación no binario, se siguen utilizando las medidas mencionadas anteriormente, aunque definidas de una manera más generalizada. Así, para la exactitud, según [22] se tiene

$$\text{Exactitud}(y, \hat{y}) = \frac{1}{N} \sum_{i=0}^{N-1} 1(\hat{y}_i = y_i) \quad (4.15)$$

que cuantifica la suma de todos los valores predichos adecuadamente dividido entre el número total de muestras. Si todos los valores predichos coinciden con los valores reales, la exactitud tendrá un valor 1.0 y si ningún valor coincide, tomará un valor 0.0.

Para la precisión, la sensibilidad y el puntaje F1 se utilizan promedios ponderados, es decir, se calcula la métrica respectiva para cada clase y luego se suman los resultados, pesados con la fracción de instancias para cada clase:

$$\begin{aligned} \text{Precision} &= \sum_{i=1}^N \frac{n_i * \text{precision}(i)}{N} \\ \text{Sensibilidad} &= \sum_{i=1}^N \frac{n_i * \text{sensibilidad}(i)}{N} \\ F1 &= \sum_{i=1}^N \frac{n_i * F1(i)}{N} \end{aligned} \quad (4.16)$$


---

donde  $n_i$  es el numero es el número de instancias para la clase i y N es el número total de las mismas.

Para visualizar las métricas para un problema multiclas, consideremos el siguiente ejemplo tomado de [7]: Supongamos que se quiere predecir si un cliente pagará una factura a tiempo, tarde o muy tarde y se obtiene la matriz de confusión mostrada en la figura 4.7: Sus métricas serían:

	a tiempo	tarde	muy tarde	total	sensi
a tiempo	70	7	3	80	0,875
tarde	3	10	2	15	0,667
muy tarde	1	1	3	5	0,6
total	74	18	8	100	
precisiones	0,946	0,556	0,375		
f1	0,909	0,606	0,462		

Figura 4.7: Matriz de confusión multiclas [7]

1.

$$\text{exactitud} = \frac{1}{N} \sum_{i=0}^{N-1} 1(\hat{y} = y) = \frac{70 + 10 + 3}{100} = 0.83$$

2.

$$\text{precision} = \sum_{i=1}^N \frac{n_i * \text{precision}(i)}{N} = \frac{80 * 0.95 + 15 * 0.556 + 5 * 0.375}{100} = 0.8588$$

3.

$$\text{sensibilidad} = \sum_{i=1}^N \frac{n_i * \text{sensibilidad}(i)}{N} = \frac{80 * 0.875 + 15 * 0.667 + 5 * 0.600}{100} = 0.83$$

4.

$$F_1 = \sum_{i=1}^N \frac{n_i * F1(i)}{N} = \frac{80 * 0.909 + 15 * 0.606 + 5 * 0.462}{100} = 0.8413$$

concluyendo que los valores exactitud, precisión, sensibilidad y puntaje F1 obtenidos por el modelo del ejemplo son del 83 %, 85.88 %, 83 % y 84.13 % respectivamente.



# **Capítulo 5**

## **Resultados**

En este capítulo se presentarán los resultados más relevantes obtenidos en cada una de las etapas del proceso metodológico llevado a cabo para la realización del trabajo.

### **5.1. Extracción de atributos**

En esta sección se muestran los resultados obtenidos de la extracción de atributos frecuenciales y no lineales de algunas señales VFC tomadas como ejemplo, para así, realizar una comparativa para pacientes pertenecientes a cada una de las clases: Normal, lejano y cercano.

#### **5.1.1. Atributos frecuenciales:**

Los atributos frecuenciales se obtuvieron utilizando la librería pyHRV, la cual cuenta con un modulo de dominio frecuencial [6] que incluye el calculo de PSD a través del metodo de Welch. De esta manera, se realizó el calculo del PSD de las señales de 30 min. obteniendo las gráficas mostradas en la figura 5.1. De manera análoga se realizó lo propio con las muestras de 5 min. visualizadas en la figura 5.2. Así como se reportó en [13], en el análisis frecuencial de la VFC, la potencia aumenta en las bajas y altas frecuencias en los episodios antes de un episodio de FAP comparado con los distantes y normales.

#### **5.1.2. Atributos no lineales**

##### **5.1.2.1. Gráfica de poincaré:**

Para la obtención de estos resultados, se utilizó nuevamente la librería pyHRV, pero esta vez, haciendo uso del módulo no lineal que incluye tanto el cálculo de las cantidades

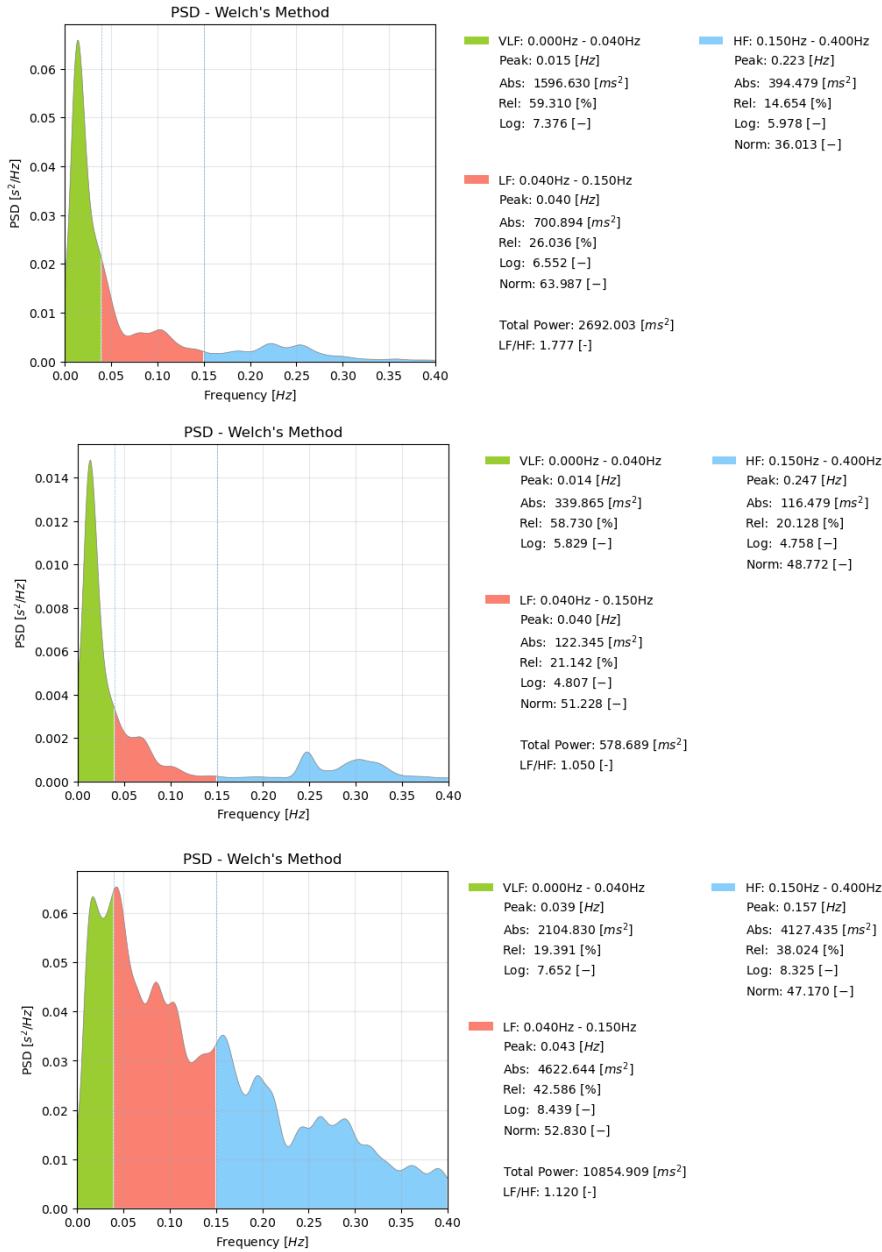


Figura 5.1: PSD de señal de 30 min de paciente sano muestra 16272 (arriba) lejano muestra p09(medio) cercano muestra p08(abajo)

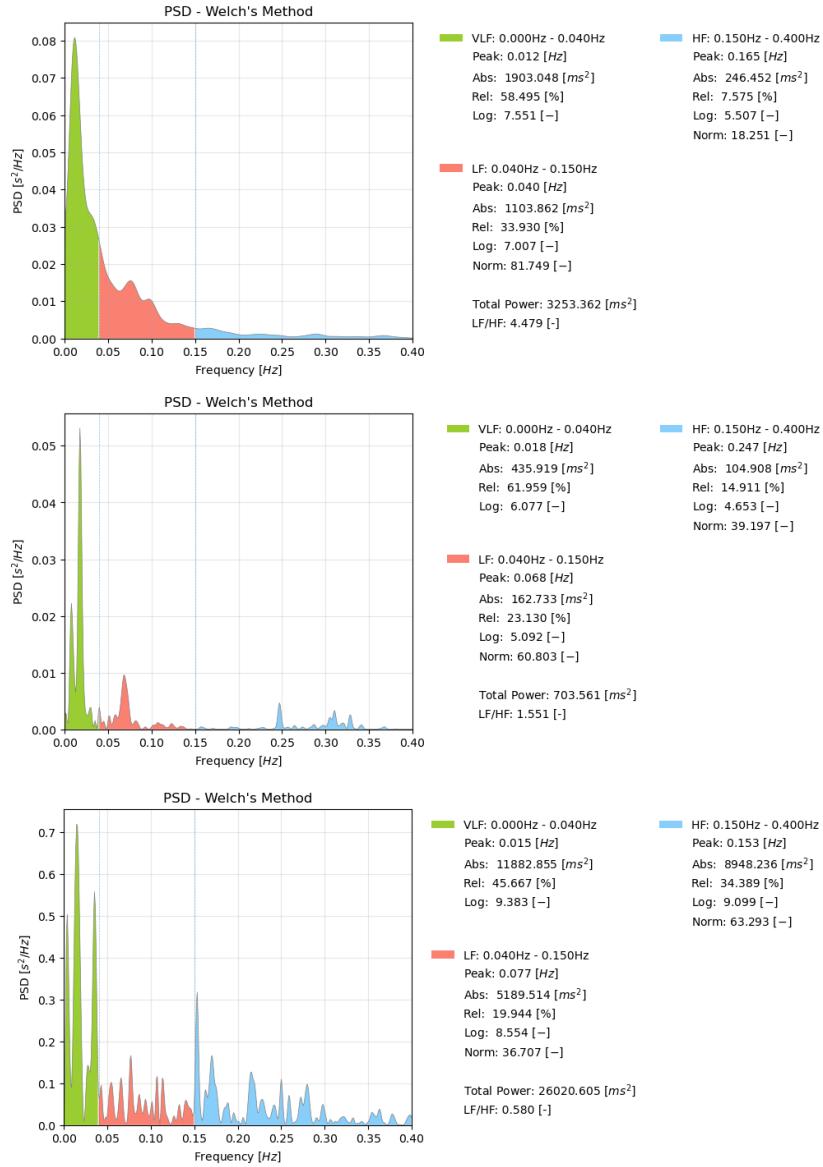


Figura 5.2: PSD de señal de 5 min de paciente sano 16272 (arriba) lejano muestra p09(medio) muestra p08 cercano(abajo)

SD1, SD2 y SD1/SD2 como la generación de gráfica. En la figura 5.3, podemos observar un ejemplo de las gráficas de Poincaré en las que se visualiza como va cambiando la forma de la nube de puntos dependiendo del tipo de paciente.

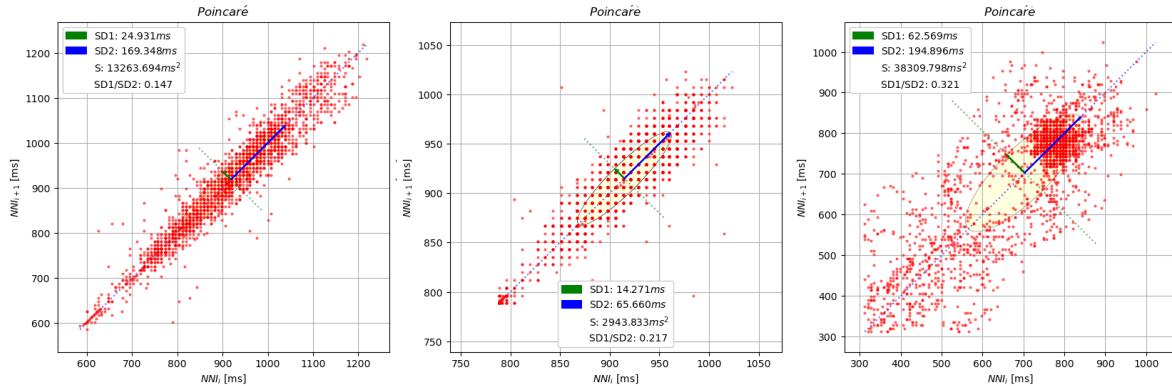


Figura 5.3: Gráfica de Poincaré de un paciente sano muestra 16272 (izquierda) un paciente lejano a un episodio FAP muestra p09(centro) y uno cercano a un episodio FAP muestra p08 (derecha)

### 5.1.2.2. Gráfica de recurrencia:

Finalmente, para obtener las medidas cuantitativas asociadas al análisis de recurrencia, se utilizó la librería pyunicorn [37], la cual posee un módulo para el análisis de sistemas dinámicos y series temporales basados en gráficas de recurrencia. De aquí se obtuvo la otra parte de los atributos no lineales utilizados como parte del vector de entrada ( $REC, L_{mean}, L_{max}$ , determinismo, entropía y tiempo de captura), así como su respectiva gráfica.

En la figura 5.4 podemos observar tres ejemplos de las gráficas de recurrencia en las que se visualiza como la dinámica empieza a cambiar a medida que hay un acercamiento al episodio de FAP. Los resultados de las muestras p05 y p02 son comparables con los obtenidos por [24].

## 5.2. Resultados de la prueba ANOVA

Con la finalidad de obtener los resultados del análisis de varianza, se elaboró un programa utilizando Python, con el cual se obtuvieron los resultados numéricos y gráficos necesarios para la realización de la prueba ANOVA.

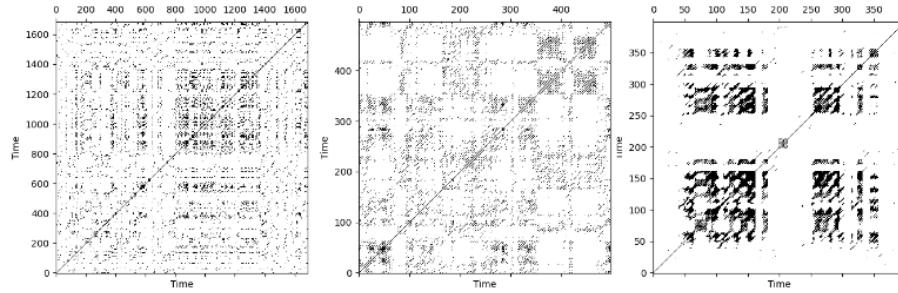


Figura 5.4: Gráfica de recurrencia de un paciente sano muestra 16272 (izquierda) un paciente lejano a un episodio FAP muestra p05(centro) y uno cercano a un episodio FAP muestra p02 (derecha)

### 5.2.1. Verificación de las condiciones para un ANOVA

#### Distribución normal de los atributos:

Los atributos deben distribuirse de forma normal en cada uno de los grupos. Para verificar que una distribución de datos es normal, existen varias maneras: mediante el chequeo de la asimetría de la distribución, generando un gráfico de estimación de densidad de kernel (KDE plot) o un gráfico cuantil-cuantil (Q-Q plot). El KDE plot es un método que permite estimar la curva de densidad de probabilidad para un conjunto de datos;, es similar a un histograma pero con la ventaja de que puede producir un gráfico menos desordenado y más interpretable [38].

Los tres métodos fueron empleados en el conjunto de datos correspondiente a los 20 atributos extraídos de la señal VFC, haciendo uso de las librerías de análisis de datos *Pandas*, *Seaborn* y *SciPy*.

Iniciamos con el análisis de asimetría, para el cual se conoce que, según [39]:

- Una distribución normal posee un parámetro de asimetría igual a 0 o cercana a cero [40].
- Las distribuciones de datos con un parámetro simetría  $> 1$  se dice que poseen una asimetría alta positiva, es decir, tiene un sesgo hacia la derecha y la cola es más alargada a la derecha.
- Las distribuciones de datos con un parámetro simetría  $< -1$  se dice que poseen una asimetría alta negativa, y la cola es más alargada a la izquierda.

- Las distribuciones con asimetría entre 0.5 y 1 tienen una asimetría moderada positiva.
- Las distribuciones con asimetría entre -1 y -0.5 tienen una asimetría moderada negativa.
- Las distribuciones con asimetría entre -0.5 y 0.5 tienen una simetría moderada.

Los resultados de asimetría para las muestras de 30 minutos, tomando en cuenta todas las clases, son presentadas en la tabla 5.1:

atributo	asimetría	atributo	asimetría
$\overline{RR}$	0,31	LF/HF	3,29
SDRR	0,99	SD1	1,28
SDSD	1,47	SD2	0,97
RMSSD	1,28	SD1/SD2	0,88
NN50	2,29	REC	-0,31
PNN50	1,69	LMEAN	1,83
DAM	1,26	LMAX	2,31
VLF	1,63	ENTROPIA	0,98
LF	2,51	CAPTURA	1,63
HF	3,1	DETERMINISMO	-0,19

Tabla 5.1: Tabla de asimetría para muestras de 30 minutos de todas las clases

Este estudio también se realizó para las muestras de 5 minutos, cuyos resultados son presentadas en la tabla 5.2:

De acuerdo al criterio expuesto anteriormente, se puede evidenciar a partir de la tabla 5.1, que para las muestras de 30 min, 3 atributos tienen una distribución normal, 4 tienen una asimetría moderada y el resto poseen una alta asimetría. Por otro lado, a partir de la tabla 5.2, para muestras de 5 min, solamente 2 atributos muestran simetría mientras que el resto son altamente asimétricos.

Los resultados correspondientes a los gráficos KDE y QQ, se muestran en las figuras 5.5 y 5.6. Como se puede evidenciar en las gráficas KDE, tanto para los segmentos de 30 min como en los de 5min, solamente los atributos  $\overline{RR}$  y DET tienen la forma simétrica de la distribución normal.

Por otro lado, las gráficas QQ permiten visualizar la relación entre cuantiles de una distribución de datos y cuantiles de una distribución específica, como una distribución normal; si los cuantiles asociados a la distribución de los datos se corresponden con los de

atributo	asimetría	atributo	asimetría
$RR$	0,31	$LF/HF$	4,03
$SDRR$	1,83	$SD1$	1,59
$SDSD$	1,72	$SD2$	1,89
$RMSSD$	1,59	$SD1/SD2$	1,57
$NN50$	2,73	$REC$	-3,36
$PNN50$	1,95	$LMEAN$	3,21
$DAM$	1,84	$LMAX$	2,62
$VLF$	6,2	$ENTROPIA$	1,13
$LF$	6,15	$CAPTURA$	3,28
$HF$	4,94	$DETERMINISMO$	-0,15

Tabla 5.2: Tabla de asimetría para muestras de 5 minutos de todas las clases

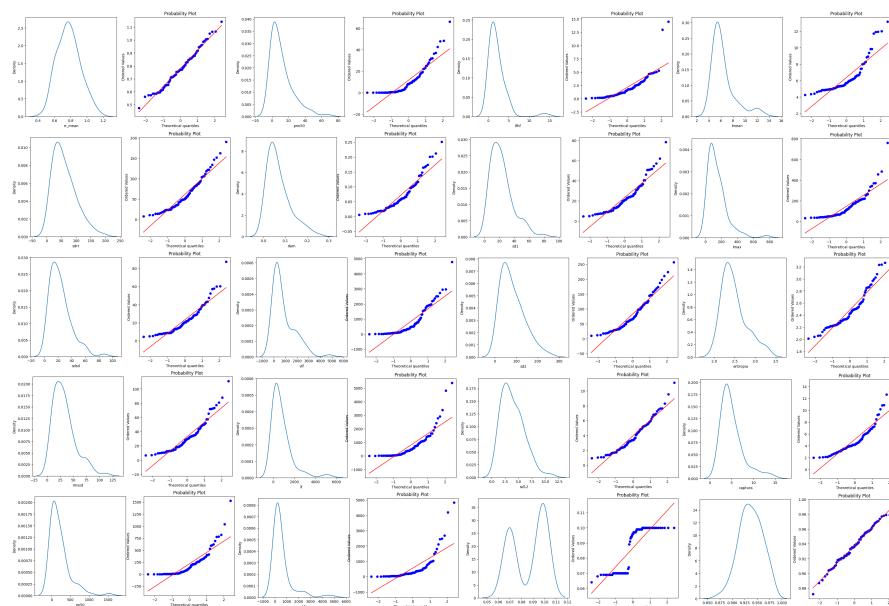


Figura 5.5: KDE plot y Q-Q plot de los atributos extraídos de muestras de 30 min

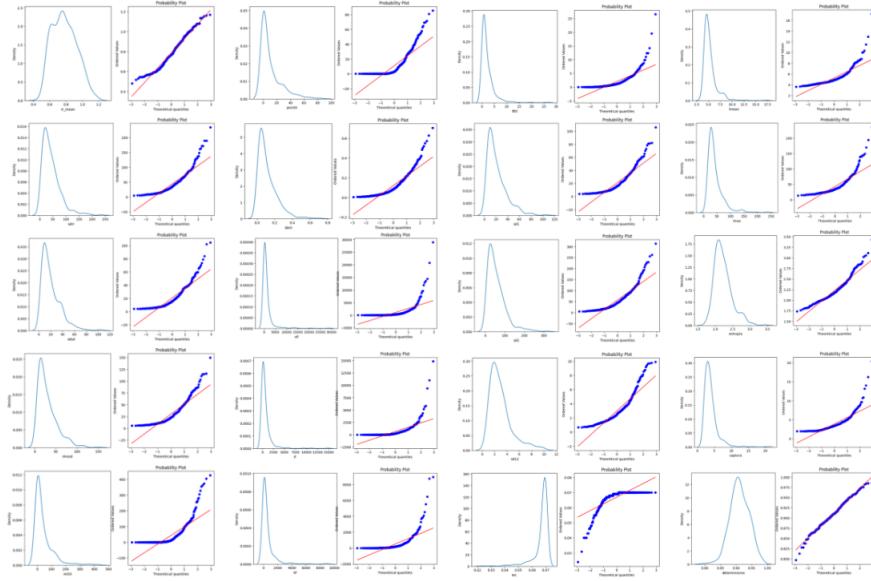


Figura 5.6: KDE plot y Q-Q plot de los atributos extraídos de muestras de 5 min

la distribución normal, el gráfico es una linea recta [40]. Dicho esto, se evidencia que los gráficos Q-Q, en su mayoría, no son lineales y, por lo tanto, los datos no presentan una distribución normal.

Con el objetivo de normalizar las distribuciones de los atributos, se procedió a aplicarles una transformación Box-Cox, la cual es una transformación potencial que viene definida por :

$$y_i^{(\lambda)} = \begin{cases} \frac{y_i^\lambda - 1}{\lambda} & \text{si } \lambda \neq 0 \\ \ln(y_i) & \text{si } \lambda = 0 \end{cases}$$

donde  $y_i$  es la variable a transformar y  $\lambda$  es el parámetro de la transformación, el cual varía de -5 a 5. En las tablas 5.3 y 5.4, se reflejan los valores de asimetría de los datos transformados de 30 min y 5 min, respectivamente y en las figuras 5.7 y 5.8, se muestran las respectivas gráficas KDE y Q-Q .

En la tabla 5.3 se puede evidenciar que los valores de asimetría de todos los atributos menos 1, están en el intervalo  $x \in [-0.5, 0.5]$ , lo cual significa que existe una distribución normal de los mismos; el único atributo que continua, según el criterio expuesto, teniendo una distribución no normal, es el NN50, el cual tendría una asimetría moderada positiva. Ahora bien, la prueba ANOVA, suele ser robusta frente a las distribuciones que son moderadamente asimétricas, siempre que no haya un desequilibrio entre clases, por lo tanto, el atributo NN50 será tomado con esta transformación [39]. Por otro lado, en la tabla 5.4 ocurre algo parecido a lo discutido anteriormente, siendo el atributo *REC*, el que ahora es ligeramente asimétrico.

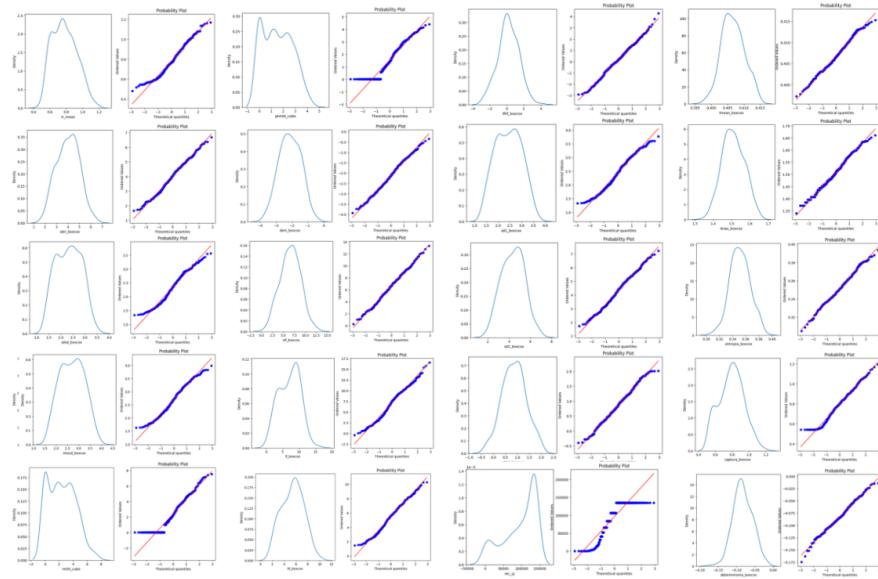


Figura 5.7: Gráfica KDE y Q-Q de los datos de 5 min transformados

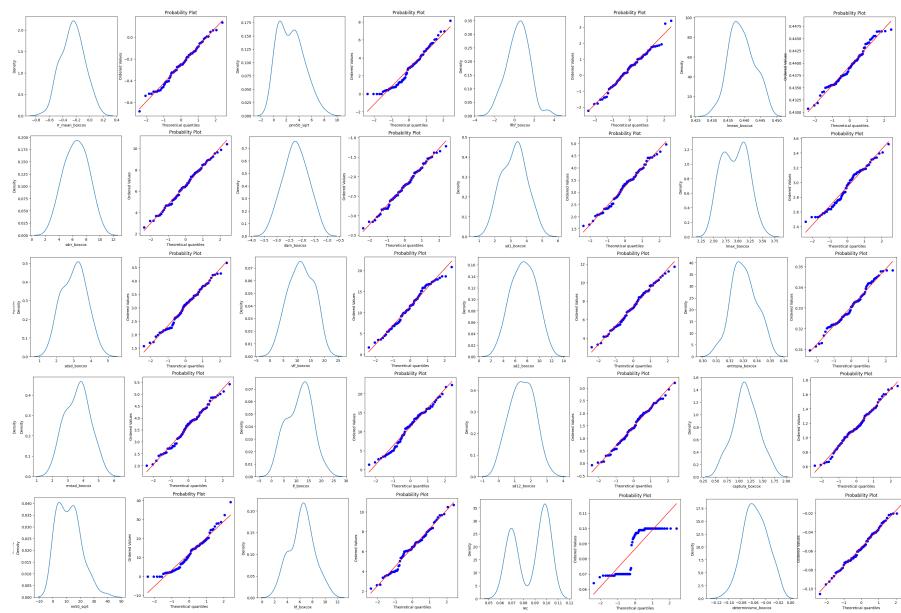


Figura 5.8: Gráfica KDE y Q-Q de los datos de 30 min transformados

atributo	asimetría	atributo	asimetría
$\overline{RR}$	-0,006	LF/HF	0,001
SDRR	-0,038	SD1	-0,008
SDSD	-0,003	SD2	-0,044
RMSSD	-0,008	SD1/SD2	-0,03
NN50	0,66	REC	-0,287
PNN50	0,496	LMEAN	0,176
DAM	-0,03	LMAX	0,052
VLF	-0,084	ENTROPIA	0,069
LF	-0,098	CAPTURA	0,02
HF	-0,01	DETERMINISMO	-0,015

Tabla 5.3: Tabla de asimetría para muestras de 30 min transformadas de todas las clases

atributo	asimetría	atributo	asimetría
$\overline{RR}$	-0,002	LF/HF	-0,003
SDRR	-0,01	SD1	0,02
SDSD	0,028	SD2	-0,011
RMSSD	0,02	SD1/SD2	0,007
NN50	0,32	REC	-0,835
PNN50	0,215	LMEAN	0,106
DAM	-0,022	LMAX	0,055
VLF	-0,008	ENTROPIA	0,019
LF	-0,052	CAPTURA	0,048
HF	-0,009	DETERMINISMO	0,001

Tabla 5.4: Tabla de asimetría para muestras de 5 min transformadas de todas las clases

Se debe resaltar que, para normalizar las distribuciones de los atributos NN50, pNN50 y *REC* en realidad no se utilizó una transformación Box-Cox debido a que la misma diverge cuando hay valores nulos, lo cual sucedía para los atributos en cuestión. Para solventar este inconveniente, los atributos mencionados fueron tratados con una transformación raíz cuadrada, ya que, ésta acepta valores nulos y permite corregir la asimetría de las distribuciones.

### Ejecución de la prueba ANOVA

A partir de los atributos transformados tal que ya tienen una distribución normal, se procedió a ejecutar la prueba ANOVA haciendo uso de la librería SciPy, para así obtener las figuras 5.9 y 5.10 con los valores p de significancia estadística:

	statistic	pvalue		statistic	pvalue
rr_mean_boxcox	0.2280161738	0.7968340179	lfhf_boxcox	14.5348403963	0.0000079287
sdr_boxcox	14.4361846154	0.0000084647	sd1_boxcox	2.9815442072	0.0586788703
sdsd_boxcox	3.4814927284	0.0374511098	sd2_boxcox	16.0927948127	0.0000028776
rmssd_boxcox	2.8653263167	0.0652017001	sd12_boxcox	18.4912190120	0.0000006466
nn50_sqrt	3.5410197954	0.0355179668	rec_boxcox	186.5167546984	0.0000000000
pnn50_sqrt	2.8136162501	0.0683410424	lmean_boxcox	0.7380424549	0.4825609529
dam_boxcox	34.4773700196	0.0000000002	lmax_boxcox	9.6703923314	0.0002420303
vlf_boxcox	16.3258394379	0.0000024804	entropia_boxcox	0.5221405784	0.5960592466
lf_boxcox	14.1968408049	0.0000099266	captura_boxcox	2.8545079125	0.0658459121
hf_boxcox	3.4372454080	0.0389583926	determinismo_boxcox	0.8612594698	0.4280555204

Figura 5.9: Resultados prueba ANOVA para muestras de 30 min.

	statistic	pvalue		statistic	pvalue
rr_mean_boxcox	4.7703482683	0.0121463033	lfhf_boxcox	14.0125860947	0.0000112287
sdr_boxcox	6.7648321835	0.0023111950	sd1_boxcox	2.7684474336	0.0712112242
sdsd_boxcox	8.1208324810	0.0007885413	sd2_boxcox	12.4719453690	0.0000321522
rmssd_boxcox	1.8415619574	0.1678793919	sd12_boxcox	8.6006398370	0.0005441375
nn50_cube	1.4783498705	0.2366237761	rec_yj	3.8342923191	0.0273950907
pnn50_cube	1.4176028601	0.2507061074	lmean_boxcox	0.0130631185	0.9870247878
dam_boxcox	6.5481585795	0.0027549909	lmax_boxcox	7.9627000747	0.0008920455
vlf_boxcox	9.0610026606	0.0003828855	entropia_boxcox	1.5121985818	0.2291347118
lf_boxcox	14.0474463799	0.0000109694	captura_boxcox	11.0422469248	0.0000884770
hf_boxcox	0.5840401747	0.5609427480	determinismo_boxcox	4.8638530586	0.0112126126

Figura 5.10: Resultados prueba ANOVA para muestras de 5 min.

De estos resultados podemos concluir que, para las muestras de 30 min. no existe significancia estadística para ocho atributos:  $\overline{RR}$ , RMSSD, pNN50, SD1, Lmean, entropía, tiempo de captura y determinismo. Por lo tanto, de los 20 atributos originales, solo tomaremos los 12 que si pasaron el test ANOVA, los cuales son:

- SDRR
- SDSD
- NN50
- DAM

- VLF
- LF
- HF
- LF/HF
- SD2
- SD1/SD2
- REC
- LMAX

De manera similar, para las muestras de 5 min, tomaremos 13 atributos que pasaron el test ANOVA, los cuales fueron:

- $\overline{RR}$
  - SDRR
  - SDSD
  - DAM
  - VLF
  - LF
  - LF/HF
  - SD2
  - SD1/SD2
  - REC
  - $L_{max}$
  - CAPTURA
  - DET
-

## 5.3. Clasificación

Una vez realizada la selección de atributos se procedió a entrenar el modelo MLP y el bosque aleatorio y luego se evaluó el desempeño de cada uno haciendo uso de las correspondientes métricas.

### 5.3.1. Perceptrón multicapas

En esta sección se presentarán los resultados obtenidos por el clasificador MLP. Para esto se utilizó Keras, la API de alto nivel de TensorFlow que permite construir y entrenar modelos de aprendizaje profundo. Una vez que los datos fueron preprocesados, se les aplicó la función *StandardScaler()*, perteneciente a la librería Sklearn y las etiquetas se pasaron a modelo categórico. Se realizó la segmentación del conjunto de datos dejando el 80 % al conjunto de entrenamiento/validación y el 20 % restante, al conjunto de prueba.

Luego, se definió la arquitectura del modelo para realizar la clasificación dentro del grupo de segmentos de 30 min. Esta consistió en un perceptrón multicapas completamente conectado con 12 neuronas de entrada, una capa oculta de 10 neuronas, cada una de ellas con una función de activación ReLU y una capa de salida de 3 neuronas, con una función de activación softmax; utilizada tradicionalmente para los clasificadores multiclas. Esta arquitectura se obtuvo tomando como referencia un modelo inicial basado en [26], la cual tenía 12 neuronas de entrada, 15 en una capa oculta y 1 en la salida, debido a que estudiaron un caso de clasificación binaria. También, el modelo utilizó un optimizador ADAM con un factor de aprendizaje  $\alpha = 0.005$ , que usó como función de costo la entropía cruzada categórica y empleó 100 épocas para el proceso de entrenamiento. Para el proceso de entrenamiento se utilizaron 65 vectores de atributos el cual significa el 80 % del conjunto de datos total y, para el conjunto de prueba, se utilizaron los 17 vectores restantes.

A partir de aquí, se procedió a realizar un entrenamiento con un esquema de validación cruzada de 5 pliegues. Como se explicó en el capítulo 2, la validación cruzada es una técnica para evaluar modelos de aprendizaje automático en subconjuntos de los datos de entrada disponibles y detectar cuando un modelo tiene sobreajuste. Para realizar la validación cruzada, se segmentó el conjunto de entrenamiento en 5 pliegues, donde se realizó el entrenamiento con 4 de ellos y se dejó un último pliegue, denominado pliegue de validación, para calcular una medida de rendimiento [22] .

con base en la validación cruzada, se obtuvo un puntaje promedio de 96.92 % en los pliegues de entrenamiento y en la tabla 5.5, se muestran las exactitudes en cada pliegue de validación junto con la promedio, la cual fue de 86.15 %.

Tras realizar la validación cruzada en distintas configuraciones, se eligieron los hiper-

---

Tabla 5.5: Resultados de la validación cruzada de segmentos de 30 min

Pliegue	Exactitud validación( %)
1	92.30
2	76.90
3	84.60
4	92.30
5	84.61
promedio	86.15

parámetros descritos anteriormente, ya que fueron los que presentaron mejores métricas y menor sobreajuste. Posteriormente, se procedió a realizar el entrenamiento del modelo usando dichos hiperparámetros.

A continuación se muestra, en la figura 5.11, las curvas de pérdida y de aprendizaje del modelo entrenado, en la figura 5.12, la matriz de confusión obtenida a partir del conjunto de prueba y en la tabla 5.6, la evaluación de desempeño correspondiente. Como

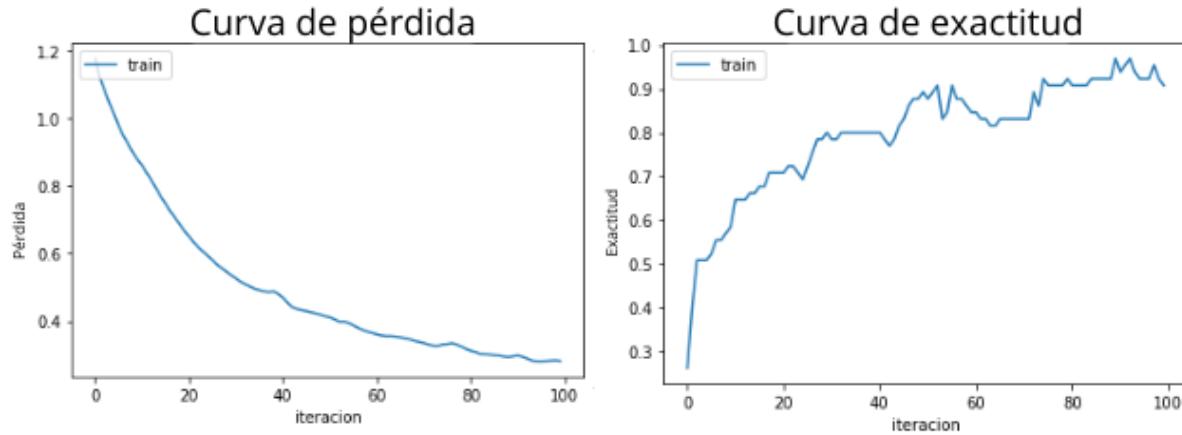


Figura 5.11: Curva de pérdida (izquierda) y curva de aprendizaje (derecha)

Métrica	Valor en conjunto de prueba (%)
<b>exactitud</b>	88,24
<b>precision</b>	89,08
<b>sensibilidad</b>	88,24
<b>F1</b>	88,19

Tabla 5.6: Métricas modelo MLP 30 min

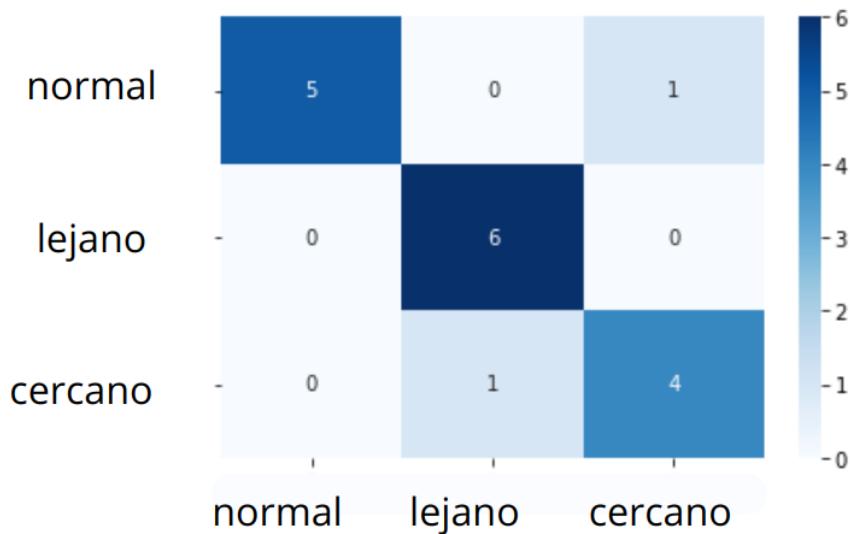


Figura 5.12: Matriz de confusión MLP muestras de 30 min

puede observarse en la tabla 5.6, la exactitud medida en el conjunto de prueba fue de 88.24 % y, si se compara con la obtenida en el conjunto de entrenamiento, la cual fue de 95.38 %, la diferencia entre ambas es alrededor del 7 %, lo cual podría ser evidencia de cierto nivel de sobreajuste y significar esto un posible problema de varianza que pudiera solventarse aumentando el conjunto de datos. A partir de las gráficas de la figura 5.11 se puede visualizar un decrecimiento suave hacia valores bajos de pérdida mientras que la curva de exactitud es creciente a medida que el modelo avanza en las iteraciones. Esto indica que, durante el avance del proceso de entrenamiento, el modelo mejora su valor de exactitud y disminuye los valores de la función de pérdida, lo cual es indicativo de que el entrenamiento se realiza de manera efectiva.

Sin embargo, a pesar de existir algo de sobreajuste, la exactitud obtenida puede considerarse satisfactoria, indicando esto que la clasificación en el conjunto de prueba es acertada. En la tabla 5.6, aparecen la precisión, con un valor de 89.08 %, sensibilidad, con un valor de 88.24 % y el puntaje F1 con un valor del 88.19 %. La importancia de estas métricas resultan de gran interés en el ámbito médico ya que una alta precisión reduce el riesgo de que un paciente enfermo de un diagnóstico erróneo y una alta sensibilidad garantiza que los pacientes en riesgo no sean pasados por alto. Juntas generan una visión integral del rendimiento del modelo y la relación entre estas dos métricas se puede ver en el puntaje F1.

Un procedimiento análogo se realizó para las muestras de 5 minutos. Para tratar con este problema, al dividir los segmentos de 30 min en segmentos de 5 min, se obtuvieron

Tabla 5.7: Resultados de la validación cruzada de segmentos de 5 min

Pliegue	Exactitud validación( %)
1	71.21
2	70.77
3	76.92
4	72.30
5	67.69
promedio	71,778

326 vectores de entrenamiento y 82 vectores de prueba. Además, se realizaron ciertos cambios en la arquitectura de la red: 13 neuronas de entrada, ya que, para los datos de 5 min, fueron 13 los atributos que mostraron significancia estadística según la prueba ANOVA, 20 en la capa oculta y 3 en la de salida. El optimizador utilizado no fue Adam sino "RMSprop", el cual mantiene un promedio móvil del cuadrado de gradientes y divide el gradiente por la raíz de este promedio. Además, el factor de aprendizaje fue adaptativo con un  $\alpha_o = 0.04$  y su valor fue decayendo 0.0005 cada 50 épocas de un total de 200 épocas.

Tras realizar la validación cruzada, el promedio de la exactitud obtenida en los pliegues de entrenamiento, fue de 89.41 % y del conjunto de validación fue de 71.78 % como se muestra en la tabla 5.7. Sin embargo, tras múltiples ensayos con distintas arquitecturas, estos valores no lograron aumentar por lo que se procedió a entrenar el modelo tomando los hiperparámetros anteriormente señalados como los mejores obtenidos. A continuación se muestra, en la figura 5.13, las curvas de pérdida y de aprendizaje del modelo entrenado, en la figura 5.14, la matriz de confusión obtenida a partir del conjunto de prueba y en la tabla 5.8, la evaluación de desempeño correspondiente. En la tabla 5.8, la exactitud medida

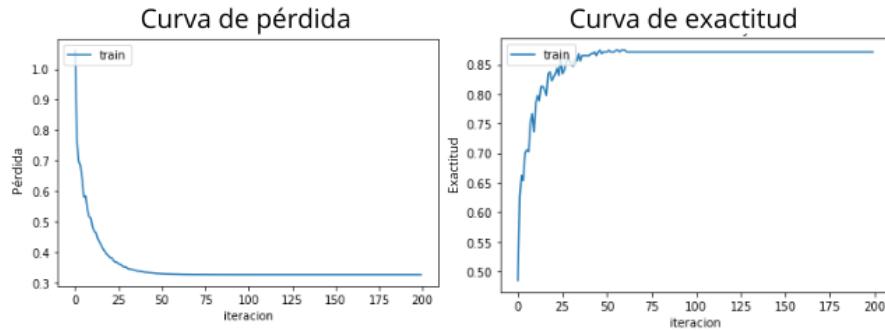


Figura 5.13: Curva de pérdida (izquierda) y curva de aprendizaje (derecha)

en el conjunto de prueba fue de 75.61 % y, si se compara con la obtenida en el conjunto de

Métrica	Valor en conjunto de prueba (%)
exactitud	75,61
precision	75,41
sensibilidad	75,61
F1	75,49

Tabla 5.8: Métricas modelo MLP 5 min

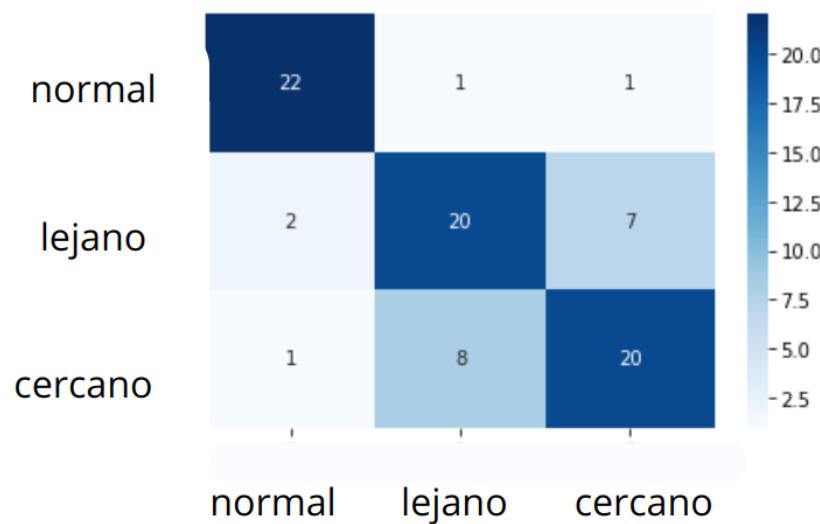


Figura 5.14: Matriz de confusión MLP muestras 5 min.

entrenamiento, la cual fue de 83.13 %, la diferencia entre ambas es de alrededor del 8 %, lo cual también puede ser evidencia de cierto nivel de sobreajuste y también significar un posible problema de varianza que pudiera solventarse aumentando el conjunto de datos. En las gráficas de la figura 5.13 se ve un decrecimiento suave por parte de la función de pérdida mientras que la curva de exactitud, al igual que en el caso de 30 min, es creciente a medida que el modelo avanza en las iteraciones, indicando también que el modelo mejora su valor de exactitud y disminuye los valores de la función de pérdida, lo cual indica de que el entrenamiento se realiza de manera efectiva.

De manera similar, existe algo de sobreajuste, y los valores de las métricas son significativamente menores a los obtenidos en los segmentos de 30 min. Sin embargo, debido a que el tipo de enfermedad que se busca diagnosticar no atenta de manera directa a la mortalidad del paciente, sino que da pie a otras enfermedades que pueden ser mortales, un porcentaje de 75 %, a pesar de no ser el mejor, no es un mal puntaje obtenido y puede considerarse satisfactorio.

Una vez realizado el entrenamiento se obtuvo la matriz de confusión visualizada en la figura 5.14 de la cual se obtuvieron los cálculos de exactitud, precisión, sensibilidad y puntaje F1 visualizados en la tabla 5.8. Al igual que ocurrió con la exactitud, la precisión, sensibilidad y puntaje F1 bajaron sus puntajes a un nivel aceptable pero donde hay más riesgo de realizar pronósticos erróneos o pasar por alto algun paciente que esté en riesgo de entrar en un estado de FAP

Al realizar una comparativa entre los segmentos de distinta duración, se obtuvo que los puntajes en las métricas de desempeño de los segmentos de 5 minutos resulta menor respecto a los de 30 minutos. Esto puede atribuirse a que pueden haber cambios críticos en la dinámica que pueden ser no tan evidentes en un tiempo tan corto e inclusive podría suceder que la dinámica entre los valores más lejanos del conjunto de cercanos (es decir, los primeros 5 minutos o 10 minutos de cada muestra) puedan confundirse con casos lejanos

### 5.3.2. Bosques aleatorios

En esta sección, se presentarán los resultados obtenidos para este modelo de aprendizaje automático. La arquitectura del bosque aleatorio para las muestras de 30 min , se caracterizó por el siguiente grupo de hiperparámetros:

- max\_depth = 2
  - n\_estimators = 500
  - min\_samples\_split=2
-

- min\_samples\_leaf=1

La segmentación de los datos se realizó separando el 80 % de los ejemplos para el entrenamiento/validación; con un total de 65 muestras, y el 20 % para el conjunto de prueba; con un total de 17 muestras. Posteriormente, se procedió con la fase de entrenamiento utilizando la validación cruzada de 5 pliegues tal como se hizo con el MLP y de la cual se obtuvieron los resultados presentados en la tabla 5.9:

Pliegue	Exactitud validación(%)
1	76,92
2	76,92
3	69,23
4	69,23
5	76,92
Promedio	73,84

Tabla 5.9: Validación cruzada Bosques aleatorios 30min

Siendo la arquitectura mencionada anteriormente, la que ofrece el mejor desempeño al realizar la validación cruzada, se procedió a realizar el entrenamiento del modelo donde el puntaje de exactitud en el conjunto de entrenamiento fue 86.2 % y en el conjunto de prueba fue de 76.5 %. En la figura 5.15, se muestra la matriz de confusión de este modelo, de la cual se extraen las métricas reportadas en la tabla 5.10.

Métrica	Valor en conjunto de prueba (%)
exactitud	76.47
precision	80.88
sensibilidad	76.47
F1	77.65

Tabla 5.10: Métricas modelo Bosque aleatorio 30 min

Finalmente, se realizó el entrenamiento del bosque aleatorio para la clasificación de muestras de 5 minutos. Para este modelo, se utilizaron los siguientes hiperparámetros:

- max\_depth = 5
- n\_estimators = 500
- min\_samples\_split=2

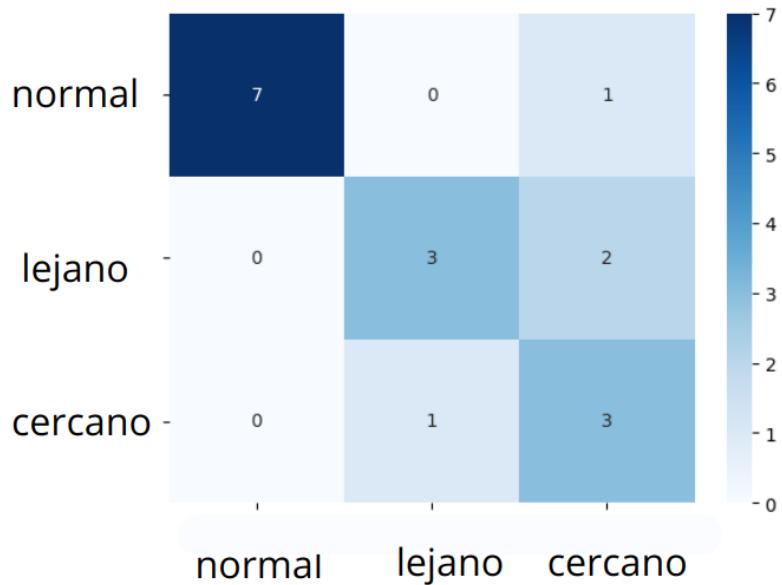


Figura 5.15: Matriz de confusión bosque aleatorio 30 minutos

- min\_samples\_leaf = 2

Tras realizar la validación cruzada, los valores obtenidos fueron los presentados en la tabla 5.11

Pliegue	Exactitud validación( %)
1	74.24
2	67.69
3	78.46
4	64.61
5	66.15
Promedio	70,23

Tabla 5.11: Validación cruzada Bosques aleatorios 5min

Siendo esta la mejor arquitectura ligada al mejor desempeño obtenido al realizar la validación cruzada, se realizó el entrenamiento del modelo donde el puntaje de exactitud en el conjunto de entrenamiento fue 91.10 % y 75.60 % en el conjunto de prueba. Una vez hecho el entrenamiento se obtuvieron las métricas siendo sus valores los reportadas en la tabla 5.10. En la figura 5.16 se plasma la matriz de confusión respectiva a dichos puntajes.

Hay que destacar que tanto en las muestras de 30 minutos como en las de 5 minutos, las diferencias entre las exactitudes de entrenamiento y de prueba son aproximadamente

Métrica	Valor en conjunto de prueba (%)
exactitud	75.61
precision	75.92
sensibilidad	75.61
F1	75.66

Tabla 5.12: Métricas modelo Bosque aleatorio 5 min

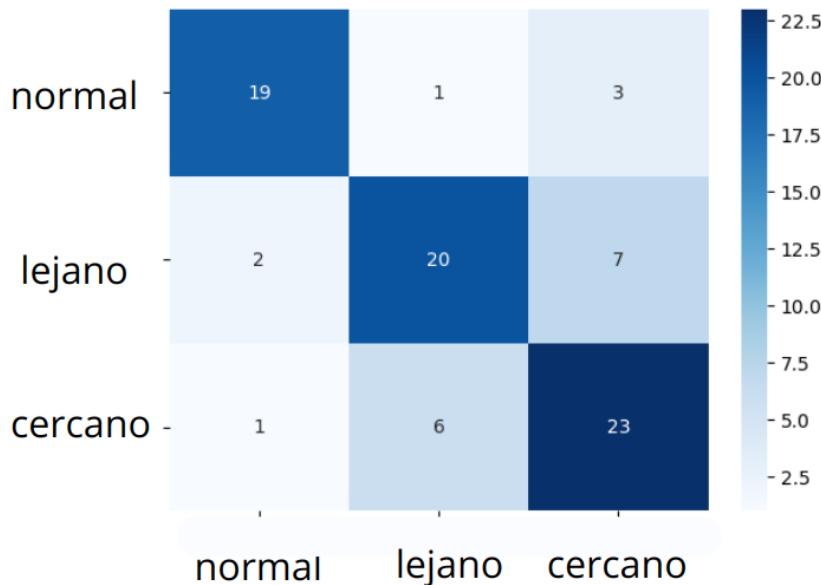


Figura 5.16: Matriz de confusión bosque aleatorio 5 minutos

de 10 % y 15 % respectivamente. Al igual que en el caso del MLP, se evidencia un nivel de sobreajuste que incluso, es un poco más grande, sin embargo, los puntajes derivados de las matrices de confusión verifican que en efecto hay una clasificación efectiva entre las 3 clases, lo cual, sugiere existe una evolución entre los 3 estados.

Cabe destacar que gran parte del error de clasificación reside principalmente en las clases de pacientes lejanos y cercanos, esto se puede visualizar en las matrices de confusión, indicando que a los modelos le resulta más difícil discernir entre los pacientes que padecen de FAP que de los ECG de sujetos sanos. Este patrón se puede observar en ambos clasificadores para las muestras tanto de 30 minutos como de 5 minutos.

En la tabla 5.13 se realiza un resumen comparativo con las métricas de desempeño obtenidas para ambos modelos. Allí se evidencia que, para las muestras de 30 minutos, el MLP resulta notablemente superior al bosque aleatorio tanto en exactitud, precisión y sensibilidad, indicando que el MLP resulta ser mejor herramienta al momento de clasificar

a cada paciente en su clase correspondiente, tiene menor probabilidad de dar un pronóstico erróneo y mayor probabilidad de que un paciente enfermo no pase por alto en esta longitud de muestras.

Sin embargo, en las muestras de 5 minutos, aunque ambos tienen puntajes muy parejos, el bosque aleatorio es ligeramente mejor clasificando en el conjunto de prueba, pero el MLP muestra menor grado de sobreajuste. Esto puede significar que ambos modelos observan patrones o características semejantes en los registros de 5 min y, por lo mismo, obtienen resultados similares, lográndose diferenciar en sus resultados para registros más largos como los de 30 min.

	MLP		Bosque aleatorio	
	segmentos de 30min	segmentos de 5 min	segmentos de 30min	segmentos de 5 min
exactitud	88,24	75,61	76,47	75,61
precision	89,08	75,41	80,88	75,92
sensibilidad	88,24	75,61	76,47	75,61
F1	88,19	75,49	77,65	75,66

Tabla 5.13: Comparativa entre modelos clasificadores

Tras los resultados mostrados en la tabla 5.13, se puede observar que existe una viabilidad para discernir entre pacientes que estén cercanos a un episodio de FAP de los pacientes lejanos y los sanos. De esta estratificación se puede inferir que la transición de un paciente desde un estado "sano" a un estado "cercano" es un proceso que ocurre de manera progresiva, ya que existen patrones característicos para cada estado, lo cual permite una discriminación entre ellos. Esto se puede utilizar de manera provechosa ya que al poder distinguir entre los tres estados, se puede construir una herramienta computacional dentro del área del aprendizaje automático que incluya un perceptrón multicapa con una capa oculta, con la finalidad de avisar con antelación y con cierto nivel de fiabilidad, al equipo médico, para realizar el tratamiento del paciente y prevenir un estado salud más grave para el paciente.

# **Capítulo 6**

## **Conclusiones y recomendaciones**

### **6.1. Conclusiones**

De acuerdo con la revisión bibliográfica realizada, si bien hay trabajos que han utilizado múltiples herramientas clasificadoras, éstos sólo se limitan a casos binarios, es decir, clasificando únicamente entre casos lejanos y casos cercanos a un episodio FAP o, en su defecto, entre sujetos sanos y pacientes cercanos a un episodio FAP. En este trabajo se estudiaron clasificadores multiclasses con el propósito de discriminar entre segmentos de ECG de sujetos sanos, de pacientes separados temporalmente de un episodio de FAP, al menos 45 minutos y de pacientes que están justo antes del episodio de FAP. Los resultados obtenidos, permiten concluir lo siguiente:

- Ambos modelos de aprendizaje automático logran una clasificación aceptable, tanto en las muestras de 30 minutos, obteniéndose una exactitud de 88.24 % para el MLP y 75.61 %, para el bosque aleatorio. Por otro lado, en las de muestras 5 minutos, para las cuales, el valor de exactitud fue de 76.47 % para el MLP y 75.61 % para el bosque aleatorio.
- El puntaje en los segmentos de 5 minutos resulta menor respecto a los de 30 minutos. Esto puede atribuirse a que pueden haber cambios críticos en la dinámica que pueden ser no tan evidentes en un tiempo tan corto e inclusive podría suceder que la dinámica entre los valores más lejanos del conjunto de cercanos (es decir, los primeros 5 minutos o 10 minutos de cada muestra) puedan confundirse con casos lejanos.
- El modelo con mejor valor de precisión fue el MLP para muestras de 30 min, obteniendo un valor del 89.08 %. La importancia de esta métrica en el ámbito médico,

reside en que refleja la proporción de sujetos con un resultado positivo en la evaluación y que tengan realmente el padecimiento.

- El modelo con mejor valor de sensibilidad fue el MLP para muestras de 30 min con un 88.24 % y evidencia que hay una probabilidad alta de que un paciente con el padecimiento dará un resultado positivo en la evaluación.
- Para las muestras de 5 min los resultados de precisión y sensibilidad del MLP fueron de 75.41 % y 75.61 % respectivamente y 75.92 %, 75.61 % para el bosque aleatorio. Lo cual indica que ambos modelos evaluaron de forma similar en cada una de las métricas y abre la posibilidad de que ambos vieron los mismos patrones para las muestras de esta longitud.
- En los segmentos de 30 minutos el clasificador MLP presentó mejor desempeño que el bosque aleatorio, esto se evidencia en los valores presentados en las métricas de la tabla 5.13 donde todos los puntajes del MLP son del 9 % al 12 % superiores a los del bosque aleatorio. Sin embargo, en los segmentos de 5 minutos ambos clasificadores resultaron con desempeños bastante similares, puesto que sus diferencias en métricas no llegan ni al 1 % en ninguno de los casos.
- Lograr la clasificación entre las clases cercanos, lejanos y sanos, evidencia la posibilidad de realizar una estratificación de riesgo de sufrir FAP, lo cual sugiere que este padecimiento ocurre a través de cambios fisiológicos progresivos y que, al poder identificar en qué etapa se halla un paciente, se puede priorizar la atención entre pacientes cercanos y lejanos a un episodio de FAP y, además, indicar cuando un paciente sale de un estado normal para estar pronto a un estado de riesgo.
- Los hallazgos sugieren que un perceptrón con una capa oculta podría utilizarse como herramienta computacional en el aprendizaje automático para estratificar el riesgo de experimentar un evento FAP

## 6.2. Recomendaciones

Si bien se obtuvieron resultados aceptables, hay que destacar que este trabajo tiene algunas limitantes importantes como lo son:

1. El tamaño del conjunto de datos ya que, al tener una cantidad tan limitada de datos, los clasificadores tienden al sobreajuste
-

2. Los resultados están limitados por la ausencia de una evaluación comparativa prospectiva con datos del mundo real derivados clínicamente.
3. Si bien se han obtenido resultados positivos de predicción, no se ha hecho una comparativa con otro tipo de ritmos cardíacos más allá del ritmo sinusal normal.

Estas limitaciones pueden afectar la fiabilidad de los resultados obtenidos, aunque funciona como un buen punto de partida para realizar investigaciones a profundidad cubriendo dichas limitantes expresadas.



# Bibliografía

- [1] David E Mohrman, Lois Jane Heller, and Ana María Girón Rojas. *Fisiología cardiovascular*. McGraw-Hill México DF, 2007.
- [2] John Hampton and Joanna Hampton. *The ECG Made Easy E-Book: The ECG Made Easy E-Book*. Elsevier Health Sciences, 2012.
- [3] John G Webster. *Medical instrumentation: application and design*. John Wiley & Sons, 2009.
- [4] Aurélien Géron. *Hands-on machine learning with Scikit-Learn, Keras, and TensorFlow*. ” O'Reilly Media, Inc.”, 2022.
- [5] Ian Goodfellow. *Deep learning*, volume 196. MIT press, 2016.
- [6] Pedro Gomes, Petra Margaritoff, and Hugo Silva. pyHRV: Development and evaluation of an open-source python toolbox for heart rate variability (HRV). In *Proc. Int'l Conf. on Electrical, Electronic and Computing Engineering (IcETRAN)*, pages 822–828, 2019.
- [7] Microsoft. Resultados de los modelos de aprendizaje automático, 2023. URL: <https://learn.microsoft.com/es-es/dynamics365/finance/finance-insights/confusion-matrix>.
- [8] Sociedad Venezolana de Cardiología. Sociedad de cardiología recomienda cuidar el corazón todo el año, 2023. URL: <https://www.svcardiologia.com/informacion/noticias-informacion/sociedad-de-cardiologia-recomienda-cuidar-el-corazon-todo-el-ano/#:text=Se%20estima%20que%20las%20enfermedades,y%20discapacidad%20en%20el%20pa%C3%ADs>.
- [9] Sociedad Europea de Cardiología, European Heart Rhythm Association, et al. Guía esc 2020 sobre el diagnóstico y tratamiento de la fibrilación auricular, 2020.

- [10] Philip A Wolf, Janet B Mitchell, Colin S Baker, William B Kannel, and Ralph B D'Agostino. Impact of atrial fibrillation on mortality, stroke, and medical costs. *Archives of internal medicine*, 158(3):229–234, 1998.
  - [11] G Schreier, P Kastner, and W Marko. An automatic ecg processing algorithm to identify patients prone to paroxysmal atrial fibrillation. In *Computers in Cardiology 2001. Vol. 28 (Cat. No. 01CH37287)*, pages 133–135. IEEE, 2001.
  - [12] W Zong, R Mukkamala, and RG Mark. A methodology for predicting paroxysmal atrial fibrillation based on ecg arrhythmia feature analysis. In *Computers in Cardiology 2001. Vol. 28 (Cat. No. 01CH37287)*, pages 125–128. IEEE, 2001.
  - [13] Maryam Mohebbi and Hassan Ghassemian. Prediction of paroxysmal atrial fibrillation based on non-linear analysis and spectrum and bispectrum features of the heart rate variability signal. *Computer methods and programs in biomedicine*, 105(1):40–49, 2012.
  - [14] Tin Kam Ho. Random decision forests. In *Proceedings of 3rd international conference on document analysis and recognition*, volume 1, pages 278–282. IEEE, 1995.
  - [15] Developed with the Special Contribution of the European Heart Rhythm Association (EHRA), Endorsed by the European Association for Cardio-Thoracic Surgery (EACTS), Authors/Task Force Members, A John Camm, Paulus Kirchhof, Gregory YH Lip, Ulrich Schotten, Irene Savelieva, Sabine Ernst, Isabelle C Van Gelder, et al. Guidelines for the management of atrial fibrillation: the task force for the management of atrial fibrillation of the european society of cardiology (esc). *European heart journal*, 31(19):2369–2429, 2010.
  - [16] Tinsley Randolph Harrison, Anthony Fauci, Eugene Braunwald, Kurt Isselbacher, Jean Wilson, and Joseph Martin. *Principios de Medicina Interna Vol. 2*. McGraw Hill-Interamericana, 2015.
  - [17] V. Maini and S. Sabri. *Machine Learning For Humans: Introduction to Machine Learning with Python*. Alanna Maldonado, 2023. URL: <https://books.google.co.ve/books?id=nqLGzwEACAAJ>.
  - [18] F Rosenblatt. The perceptron: A probabilistic model for information storage and organization. *Psychological Review*, 65(6), 1958.
  - [19] C Shalizi. Chapter 12 logistic regression, 2012.
-

- [20] Deep learning AI. Week 2: Neural network basics - gradient descent., (n.d). Neural networks and Deep Learning. URL: <https://www.coursera.org/learn/neural-networks-deep-learning/lecture/A0tBd/gradient-descent>.
- [21] Deep learning AI. Week 3: Backpropagation intuition (optional), (n.d). Neural networks and Deep Learning. URL: <https://www.coursera.org/learn/neural-networks-deep-learning/lecture/6dDj7/backpropagation-intuition-optional>.
- [22] F. Pedregosa, G. Varoquaux, A. Gramfort, V. Michel, B. Thirion, O. Grisel, M. Blondel, P. Prettenhofer, R. Weiss, V. Dubourg, J. Vanderplas, A. Passos, D. Cournapeau, M. Brucher, M. Perrot, and E. Duchesnay. Scikit-learn: Machine learning in Python. *Journal of Machine Learning Research*, 12:2825–2830, 2011.
- [23] George Moody, Ary Goldberger, S McClenen, and S Swiryn. Predicting the onset of paroxysmal atrial fibrillation: The computers in cardiology challenge 2001. In *Computers in Cardiology 2001. Vol. 28 (Cat. No. 01CH37287)*, pages 113–116. IEEE, 2001.
- [24] Maryam Mohebbi and Hassan Ghassemian. Prediction of paroxysmal atrial fibrillation using recurrence plot-based features of the rr-interval signal. *Physiological measurement*, 32(8):1147, 2011.
- [25] Khang Hua Boon, M Khalil-Hani, MB Malarvili, and Chen Wei Sia. Paroxysmal atrial fibrillation prediction method with shorter hrv sequences. *Computer methods and programs in biomedicine*, 134:187–196, 2016.
- [26] Elias Ebrahimzadeh, Maede Kalantari, Mohammadamin Joulani, Reza Shahrokhi Shahraki, Farahnaz Fayaz, and Fereshteh Ahmadi. Prediction of paroxysmal atrial fibrillation: A machine learning based approach using combined feature vector and mixture of expert classification on hrv signal. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 165:53–67, 2018. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0169260718304851>, doi:<https://doi.org/10.1016/j.cmpb.2018.07.014>.
- [27] 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.

- [28] Chen Xie, Lucas McCullum, Alistair Johnson, Tom Pollard, Brian Gow, and Benjamin Moody. Waveform database software package (wfdb) for python. *PhysioNet*, 2022.
- [29] MV Kamath and EL Fallen. Correction of the heart rate variability signal for ectopics and missing beats, in: Malik m., camm aj (eds.): Heart rate variability. *Armonk, NY Futura Pub. Co. Inc*, 1995.
- [30] Christopher M DeGiorgio, Patrick Miller, Sheba Meymandi, Alex Chin, Jordan Epps, Steven Gordon, Jeffrey Gornbein, and Ronald M Harper. Rmssd, a measure of vagus-mediated heart rate variability, is associated with risk factors for sudep: the sudep-7 inventory. *Epilepsy & Behavior*, 19(1):78–81, 2010.
- [31] Otis M Solomon Jr. Psd computations using welch's method. *NASA STI/Recon Technical Report N*, 92:23584, 1991.
- [32] Saeed V Vaseghi. Power spectrum and correlation. *Advanced Digital Signal Processing and Noise Reduction, Saeed V. Vaseghi Copyright© 2000 John Wiley & Sons Ltd ISBNs: 0-471-62692-9 (Hardback): 0-470-84162-1 (Electronic)*, page 263, 2000.
- [33] Agnieszka Kitlas Golińska. Poincaré plots in analysis of selected biomedical signals. *Studies in logic, grammar and rhetoric*, 35(1):117–127, 2013.
- [34] Floris Takens. Detecting strange attractors in turbulence. In *Dynamical Systems and Turbulence, Warwick 1980: proceedings of a symposium held at the University of Warwick 1979/80*, pages 366–381. Springer, 2006.
- [35] Matthew B Kennel, Reggie Brown, and Henry DI Abarbanel. Determining embedding dimension for phase-space reconstruction using a geometrical construction. *Physical review A*, 45(6):3403, 1992.
- [36] Norbert Marwan, M Carmen Romano, Marco Thiel, and Jürgen Kurths. Recurrence plots for the analysis of complex systems. *Physics reports*, 438(5-6):237–329, 2007.
- [37] Jonathan F Donges, Jobst Heitzig, Boyan Beronov, Marc Wiedermann, Jakob Runge, Qing Yi Feng, Liubov Tupikina, Veronika Stolbova, Reik V Donner, Norbert Marwan, et al. Unified functional network and nonlinear time series analysis for complex systems science: The pyunicorn package. *Chaos: An Interdisciplinary Journal of Nonlinear Science*, 25(11), 2015.

- [38] Michael L Waskom. Seaborn: statistical data visualization. *Journal of Open Source Software*, 6(60):3021, 2021.
- [39] David R Anderson, Dennis Sweeney, and Williams Thomas. *Estadística para la administración y economía*. Cengage Learning, 2008.
- [40] Pauli Virtanen, Ralf Gommers, Travis E. Oliphant, Matt Haberland, Tyler Reddy, David Cournapeau, Evgeni Burovski, Pearu Peterson, Warren Weckesser, Jonathan Bright, Stéfan J. van der Walt, Matthew Brett, Joshua Wilson, K. Jarrod Millman, Nikolay Mayorov, Andrew R. J. Nelson, Eric Jones, Robert Kern, Eric Larson, C J Carey, İlhan Polat, Yu Feng, Eric W. Moore, Jake VanderPlas, Denis Laxalde, Josef Perktold, Robert Cimrman, Ian Henriksen, E. A. Quintero, Charles R. Harris, Anne M. Archibald, Antônio H. Ribeiro, Fabian Pedregosa, Paul van Mulbregt, and SciPy 1.0 Contributors. SciPy 1.0: Fundamental Algorithms for Scientific Computing in Python. *Nature Methods*, 17:261–272, 2020. doi:10.1038/s41592-019-0686-2.