

Kevin Estiven Garcia Jaramillo

Estudiante de Bioingeniería

CC: 1001132918

Juan Diego Caguasango

Estudiante de Bioingeniería

CC: 1004232960



INTRODUCCIÓN

La predicción de patologías cardíacas, como las arritmias, es de suma importancia en el ámbito clínico debido a su impacto en la mejora del manejo y tratamiento personalizado de cada condición. Al contar con herramientas que permitan identificar y clasificar estas patologías de manera eficiente, se facilita la implementación de estrategias terapéuticas oportunas y específicas. En este contexto, la automatización de los procesos de diagnóstico juega un papel crucial al aumentar la precisión y reducir los tiempos de análisis, lo que contribuye directamente a un mejor desempeño médico.

El uso de redes neuronales y algoritmos relacionados con el aprendizaje automático (machine learning) y el aprendizaje profundo (deep learning) ha demostrado ser de gran utilidad para innovar en el diagnóstico médico. Estas tecnologías permiten realizar predicciones estadísticas precisas y automatizar procesos que, de otra manera, requerirían mayor intervención manual [1].

El objetivo de este trabajo es desarrollar un programa basado en una red neuronal capaz de predecir dos patologías específicas: Bradicardia Sinusal (SB) y Fibrilación Auricular (AFIB) [2]. La red neuronal será entrenada y validada utilizando un conjunto de datos de señales de electrocardiograma (ECG), garantizando su capacidad para identificar patrones relevantes asociados con cada condición. Este enfoque no solo busca mejorar la detección temprana de estas patologías, sino también aportar una herramienta innovadora que optimice los flujos de trabajo en entornos médicos.

MARCO TEÓRICO

1. Bradicardia Sinusal

La Bradicardia Sinusal (SB) es un tipo de arritmia que se origina en el nodo sinusal del corazón, el cual actúa como el marcapasos natural, estableciendo el ritmo de las pulsaciones eléctricas que controlan el bombeo cardíaco en cada zona del corazón. Esta condición afecta principalmente la frecuencia cardíaca, reduciendo el número de latidos por minuto en comparación con sujetos sanos. A diferencia de otras arritmias, la Bradicardia Sinusal no provoca irregularidades en las pulsaciones, ya que los patrones del ritmo cardíaco suelen ser constantes, sin cambios aleatorios en la frecuencia de la actividad eléctrica [3].

Una de las causas más comunes de la bradicardia es una disfunción del nervio vago. El nodo sinoauricular está regulado por los sistemas nerviosos simpático y parasimpático, los cuales modulan la frecuencia cardíaca según las necesidades del organismo. Esta regulación constante asegura que el corazón se ajuste a las demandas del cuerpo, pero cuando el equilibrio entre ambos sistemas se ve alterado, pueden surgir problemas como la bradicardia.

En términos clínicos, la Bradicardia Sinusal puede ser asintomática en muchos casos, pero cuando la frecuencia cardíaca desciende por debajo de ciertos niveles críticos (generalmente menos de 50 latidos por minuto), los

pacientes pueden experimentar fatiga, mareos, desmayos o falta de aire. Estas manifestaciones son el resultado de un flujo sanguíneo insuficiente para satisfacer las demandas de los órganos y tejidos del cuerpo, en especial el cerebro [3]. Por tanto, aunque no siempre representa una emergencia médica, la SB puede ser indicativa de un problema subyacente que requiere atención, especialmente en personas mayores o en aquellos con enfermedades cardiovasculares.

2. Fibrilación Auricular

La Fibrilación Auricular (AFIB) es un tipo de arritmia cardíaca que se caracteriza por un aumento en la frecuencia cardíaca y la presencia de impulsos eléctricos irregulares y descoordinados. Esto significa que los latidos del corazón suelen ser mucho más rápidos en comparación con los de un paciente sano y, además, tienden a ser erráticos, con variaciones irregulares en la frecuencia, completamente aleatorias [4]. La causa principal de este comportamiento radica en las aurículas, especialmente en la aurícula derecha, donde las contracciones se vuelven rápidas y descoordinadas, interfiriendo con el ritmo de los ventrículos. Esta falta de sincronización afecta el flujo sanguíneo, reduciendo la eficiencia en el transporte de oxígeno y la circulación general del cuerpo.

El origen de este comportamiento desorganizado se debe a impulsos eléctricos descoordinados que no son controlados por el nodo sinusal, el marcapasos natural del corazón. En lugar de seguir el ritmo regular que debería coordinar las contracciones de las aurículas con los ventrículos, las aurículas laten a su propio ritmo, completamente desincronizadas del resto del corazón. Estos impulsos eléctricos irregulares pueden surgir debido a diversas causas, como la hipertensión arterial, que provoca cambios en el tejido de las aurículas, haciendo que se vuelva más rígido y afecte la transmisión de impulsos eléctricos [4]. También las enfermedades de las válvulas cardíacas, como la estenosis mitral, pueden agrandar las aurículas, generando condiciones que favorecen la aparición de impulsos irregulares. Otras causas incluyen la insuficiencia cardíaca, el hipertiroidismo, el consumo excesivo de alcohol o drogas, las inflamaciones cardíacas, como la pericarditis, y el envejecimiento, que debilita el sistema eléctrico del corazón con el tiempo.

3. Diferencias Importantes

En cuanto a la diferencia en la regularidad del ritmo entre la Bradicardia Sinusal (SB) y la Fibrilación Auricular (AFIB), es importante destacar que en la SB el ritmo cardíaco es regular, aunque más lento de lo normal. Los latidos se producen a intervalos constantes, manteniendo un patrón predecible, ya que el nodo sinusal sigue siendo el marcapasos que controla de manera ordenada la frecuencia de las contracciones del corazón, aunque a un ritmo más bajo.

Por el contrario, en la AFIB el ritmo cardíaco es completamente irregular y caótico. Las aurículas laten de manera descoordinada y la frecuencia varía de manera errática, sin seguir un patrón establecido. Esto se debe a que los impulsos eléctricos que controlan las contracciones auriculares no provienen del nodo sinusal, lo que provoca una falta de sincronización con el resto del corazón. En consecuencia, mientras que la Bradicardia

4. Análisis de una IA Multietapa de Arritmias:24

El análisis de arritmias cardíacas y otras patologías mediante algoritmos de aprendizaje automático (machine learning) y aprendizaje profundo (deep learning) ha sido ampliamente explorado en investigaciones y aplicaciones clínicas. Para este proyecto, se tomó como referencia un estudio que desarrolló una inteligencia artificial (IA) de múltiples etapas diseñada para identificar 11 tipos de arritmias mediante la caracterización de diversas características fisiológicas extraídas de señales cardíacas. El objetivo principal del artículo analizado era determinar la combinación óptima de características y modelos que permitiera una clasificación precisa y eficiente de las 11 arritmias, estableciendo una base metodológica robusta para el desarrollo de soluciones innovadoras en el diagnóstico automatizado.

La metodología empleada por cada uno de ellos fue la de reducir las doce etapas o salidas del sistema en 4 grupos, esto para facilitar en gran manera el análisis estadístico del modelo, este agrupamiento de los datos consistió en juntar en 4 grandes grupos las enfermedades que se pudieran clasificar familiares entre ellas o tuvieran características bastante semejantes. 11 ritmos etiquetados por médicos certificados se fusionaron en 4 grupos (SB, FA, GSVT, SR), SB solo incluyó bradicardia sinusal, FA consistió en fibrilación auricular y aleteo auricular (AFL), GSVT contenía taquicardia supraventricular, taquicardia auricular, taquicardia reentrante del nódulo auriculoventricular, taquicardia reentrante auriculoventricular y marcapasos auricular errante, y SR incluyó ritmo sinusal e irregularidad sinusal. Estas 4 etiquetas de grupo se utilizaron para el entrenamiento y prueba de nuestros modelos [5].

Después de clasificar con precisión las 11 arritmias seleccionadas para el análisis, se procedió a dividir la base de datos en dos grupos. El *Grupo A* incluyó señales patológicas que no presentaban alteraciones fisiológicas adicionales más allá de la patología estudiada, mientras que el *Grupo B* comprendía señales patológicas asociadas con enfermedades subyacentes adicionales [5]. Este enfoque tuvo como objetivo evaluar cómo las condiciones coexistentes influyen en el rendimiento de los modelos y determinar cuáles modelos de *machine learning* ofrecían el mejor desempeño en cada caso.

Por otro lado, para evaluar cada modelo, se crearon 22 conjuntos de datos para cada grupo (A y B), lo que resultó en un total de 44 conjuntos por modelo. Esta división se realizó considerando varios factores, entre ellos el conjunto de características descrito en la Tabla 1, y el proceso de normalización aplicado a dichas características [5]. Estas características se organizaron en 11 grupos, los cuales se subdividieron según estuvieran normalizadas o no. Este enfoque permitió evaluar detalladamente cómo las características y su normalización afectan el desempeño de los modelos para cada grupo de datos, tanto con patologías exclusivas como con condiciones subyacentes adicionales. Obteniendo como resultado de mejores modelos los anteriormente mencionados EGBT y el GBT, como se puede observar en la tabla 2, esto debido a los resultados de la tabla de confusión, y su porcentaje de precisión que estuvo cercano al 98%

TABLA 2

Grupo Características	Mejor Modelo con Condiciones Adicionales	Mejor Modelo sin Condiciones Adicionales
1	ERT	ERT
2	ERT One vs One	GBT
3	ERT One vs One	EGBT
4	GBT	GBT
5	ERT	GBT
6	One vs One GBT	GBT
7	ERT	EGBT
8	EGBT	EGBT
9	GBT	GBT
10	EGBT	GBT
11	EGBT	EGBT

Tabla 2. Mejores modelos para cada conjunto de características [5].

TABLA 1

Grupo	Características	Número de Características
1	Frecuencia ventricular, frecuencia auricular, duración del QRS, intervalo QT, eje R, eje T, recuento de QRS, inicio de Q, final de Q	11
2	Media de intervalos RR, varianza de intervalos RR, recuento de intervalos RR, media y varianza de altura, ancho y prominencia del complejo QRS, picos no QRS y valles en la derivación II	23
3	Características del grupo 1: media de RR, varianza del intervalo RR, recuento del intervalo RR, media y varianza de altura, ancho, prominencia del complejo QRS, picos no QRS y valles en la derivación II	32
4	Media del intervalo RR, varianza del intervalo RR, recuento del intervalo RR, media y varianza de altura, ancho y prominencia del complejo QRS, picos y valles no QRS en todas las derivaciones	221
5	Características del grupo 1: media del intervalo RR, varianza del intervalo RR, recuento del intervalo RR, media y varianza de altura, ancho, prominencia del complejo QRS, complejo no QRS y valles en todas las derivaciones	230
6	Para el ECG de derivación II, un total de 900 frecuencias de altura, ancho y prominencia para el complejo QRS, picos no QRS y valles; un total de 600 frecuencias, un total de 1800 frecuencias que incluyen la relación entre la diferencia de alturas y la diferencia de ubicaciones.	3.302
7	Características del Grupo 2 y del Grupo 6	3.323
8	Características del grupo 1, grupo 2 y grupo 6	3.332
9	Características del Grupo 6 en todas las pistas	39.602
10	Características del Grupo 4 y del Grupo 9	39.821
10	Características del Grupo 3 y del Grupo 9	39.830

Tabla 1. Grupos de características evaluados en el artículo de guía [5].

5. Matriz de Confusión

La matriz de confusión es una herramienta fundamental para evaluar la precisión de un modelo de clasificación. Muestra la cantidad de predicciones correctas e incorrectas que el modelo realiza, distribuida entre las diferentes clases. En este caso, se utiliza una matriz de confusión binaria, donde:

- **Clase 0** SB
- **Clase 1**: AFIB

Cada celda en la matriz representa:

- **Verdaderos positivos (TP)**: Número de predicciones correctas de la clase positiva.
- **Falsos positivos (FP)**: Número de instancias que el modelo clasificó incorrectamente como positivas.
- **Verdaderos negativos (TN)**: Número de predicciones correctas de la clase negativa.
- **Falsos negativos (FN)**: Número de instancias que el modelo clasificó incorrectamente como negativas.

6. Reporte de Clasificación

El reporte de clasificación proporciona una descripción detallada del rendimiento del modelo usando las siguientes métricas clave:

Precisión (Precision): Es la proporción de predicciones positivas correctas (TP) sobre todas las predicciones positivas realizadas (TP + FP). Indica qué tan preciso es el modelo cuando predice la clase positiva.

$$\text{Precision} = \text{TP} / (\text{TP} + \text{FP})$$

Recall (Sensibilidad o Tasa de Verdaderos Positivos): Es la proporción de predicciones correctas de la clase positiva (TP) sobre todas las instancias reales de la clase positiva (TP + FN). Mide la capacidad del modelo para identificar correctamente todos los casos positivos.

$$\text{Recall} = \text{TP} / (\text{TP} + \text{FN})$$

F1-Score: Es la media armónica entre la precisión y el recall. Es una métrica útil cuando se busca un equilibrio entre ambas, especialmente cuando hay una distribución desigual entre las clases.

$$\text{F1} = 2(\text{Precisión} * \text{Recall}) / (\text{Precisión} + \text{Recall})$$

Exactitud (Accuracy): Es la proporción de predicciones correctas (tanto positivas como negativas) sobre el total de predicciones realizadas.

$$\text{Exactitud} = (\text{TP} + \text{TN}) / (\text{TP} + \text{TN} + \text{FP} + \text{FN})$$

7. Modelos de Machine Learning

Máquinas de Vectores de Soporte (SVM): Las Máquinas de Vectores de Soporte (SVM, por sus siglas en inglés) son modelos de aprendizaje supervisado ampliamente utilizados en clasificación y regresión. Este enfoque busca encontrar un hiperplano que separe de manera óptima las clases en un espacio multidimensional, maximizando el margen entre los vectores de soporte, es decir, los puntos de datos más cercanos al hiperplano. La principal fortaleza de las SVM radica en su capacidad para manejar problemas linealmente separables y no linealmente separables mediante el uso de funciones núcleo, como el núcleo radial base (RBF) o el polinómico. El modelo SVM ha demostrado ser robusto frente a datos con ruido y es particularmente útil en conjuntos de datos de alta dimensión, donde otros algoritmos pueden presentar limitaciones [6]. Sin embargo, su rendimiento puede depender significativamente de la elección de hiper parámetros y de la función núcleo seleccionada, lo que requiere una optimización cuidadosa durante su implementación.

Algoritmo K-means: El algoritmo K-means es una técnica de aprendizaje **no** supervisado utilizada para resolver problemas de agrupamiento. Este modelo agrupa los datos en K clusters basándose en su similitud, definida generalmente por la distancia euclidiana. El proceso iterativo consiste en asignar cada punto al clúster más cercano, recalculando el centroide de cada clúster y repetir hasta que no haya cambios significativos en las asignaciones o se alcance un criterio de convergencia.

Aunque es simple y eficiente, K-means tiene limitaciones inherentes, como su sensibilidad a los valores iniciales de los centroides y la suposición de que los clústeres tienen formas esféricas y tamaños similares [7]. A pesar de estas limitaciones, sigue siendo una herramienta popular debido a su facilidad de uso y capacidad para revelar estructuras en los datos.

Ambos modelos, SVM y K-means, han sido aplicados con éxito en áreas como el procesamiento de señales, el análisis de imágenes médicas y la detección de anomalías. La elección entre estos enfoques depende del tipo de datos y del problema a resolver. Mientras SVM es adecuado para problemas supervisados donde las etiquetas están disponibles, K-means resulta útil para explorar estructuras y patrones en datos no etiquetados.

8. Dispositivos que Diagnostican a través de ECG

HOLTER



Figura 1. Holter dispositivo de análisis de ECG [13].

El HOLTER presenta un enfoque innovador para detectar latidos irregulares en registros de electrocardiogramas ambulatorios (AECG), utilizando tensores y Máquinas de Vectores de Soporte (SVM). En términos simples, esta técnica combina la descomposición de tensores con la clasificación de patrones para identificar los latidos irregulares y excluirllos del análisis de la Variabilidad de la Frecuencia Cardíaca (HRV).

El proceso comienza con el filtrado de la señal, seguido de la construcción de un tensor de tercer orden para cada registro. Este tensor captura la información en tres dimensiones: canal, tiempo y latidos. Luego, se aplica una técnica llamada Descomposición Canónica Polinómica de Rango 3 (CPD), que divide el tensor en tres matrices que corresponden a esos tres aspectos. La matriz de los latidos se utiliza luego como entrada para un clasificador SVM, entrenado para diferenciar entre latidos regulares e irregulares. El modelo alcanza una precisión del 97,2%, lo que indica que esta metodología tiene un gran potencial para detectar irregularidades en los latidos del corazón [13].

Desde la perspectiva de redes neuronales y aprendizaje automático, la combinación de tensores y descomposición CPD ayuda a simplificar los datos, destacando los patrones importantes en los registros de ECG. Las SVM, conocidas por ser efectivas en espacios de datos complejos, aprenden a identificar las diferencias entre latidos normales e irregulares con base en las características extraídas. Este enfoque ofrece una solución precisa y eficiente para el análisis automatizado de la HRV y la detección de anomalías cardíacas [13].

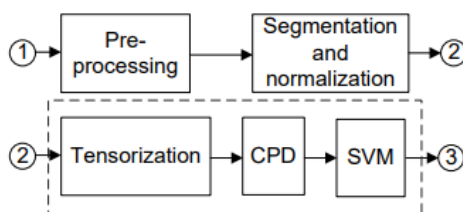


Figura 2. Funcionamiento del Holter [13].

ECOGRAFO PORTATIL



Figura 3. Ecografo portatil [14].

El Butterfly iQ+ es un dispositivo de ultrasonido portátil que integra innovaciones tecnológicas con el aprendizaje automático para facilitar el diagnóstico por imágenes en diversos entornos clínicos. Equipado con tecnología Ultrasound-on-chip™, este dispositivo ofrece múltiples modos de imagen, como Modo B, Modo M, Doppler Color y Doppler de Potencia, aplicables en más de 20 configuraciones clínicas, incluyendo cardiología, pulmonar y musculoesquelético. Estas capacidades se complementan con su diseño para capturar datos en tiempo real, lo que permite alimentar modelos de redes neuronales con información de alta precisión y calidad [14].

Además, el Butterfly iQ+ utiliza herramientas avanzadas como Biplane Imaging™ y NeedleViz™, que no solo mejoran la visualización y la orientación durante los procedimientos, sino que también generan datos estructurados y complejos ideales para el entrenamiento de redes neuronales profundas. La integración del dispositivo con plataformas móviles y la Butterfly Cloud posibilita el almacenamiento de grandes volúmenes de imágenes médicas, lo que es fundamental para entrenar y validar modelos predictivos basados en inteligencia artificial. Esto lo convierte en una herramienta clave para sistemas de telemedicina avanzados, donde las redes neuronales pueden ser utilizadas para evaluar anomalías en tiempo real [14].

El aprendizaje adaptativo también está presente en el Butterfly iQ+ mediante tutoriales dirigidos y orientación inteligente, que optimizan el uso del dispositivo incluso para usuarios con experiencia limitada. Sus funciones de cálculo automático, como la estimación de la fracción de eyección y el volumen vesical, generan métricas estandarizadas que pueden ser procesadas por algoritmos de machine learning para identificar patrones asociados a patologías específicas. Estas características consolidan al Butterfly iQ+ como una herramienta innovadora que combina hardware avanzado con la capacidad de las redes neuronales para transformar la obtención de imágenes médicas [14].

El Philips PageWriter TC70



Figura 4. Ecografo Philips PageWriter TC70 [15].

Dispositivo que incorpora algoritmos de aprendizaje automático (machine learning) para ofrecer interpretaciones automáticas y precisas del ECG, utilizando su algoritmo DXL ECG. Este algoritmo emplea técnicas de aprendizaje supervisado, específicamente clasificación, para analizar señales de hasta 18 derivaciones simultáneamente. De esta forma, el equipo proporciona diagnósticos avanzados para situaciones críticas como el STEMI (Infarto Agudo de Miocardio con Elevación del Segmento ST), identificando la arteria responsable y generando mapas ST polares detallados. El modelo entrenado con grandes volúmenes de datos médicos es capaz de distinguir patrones complejos en los registros, lo que permite una detección precisa y rápida [15].

Además, el dispositivo utiliza técnicas de aprendizaje supervisado para almacenar y comparar ECGs previos, lo que facilita el seguimiento a largo plazo del paciente y permite resaltar valores críticos en pantalla y en los informes impresos. A través de este proceso, el modelo puede aprender de las variaciones en el tiempo y mejorar su capacidad de predicción. El módulo LeadCheck, por su parte, utiliza técnicas de detección de anomalías basadas en algoritmos de machine learning para identificar errores en la colocación de los electrodos, alertando al usuario y asegurando la calidad de las señales y la precisión del diagnóstico [15].

METODOLOGÍA

La implementación del proyecto final comenzó con el procesamiento de las señales filtradas utilizadas previamente en el Proyecto 2, dado que el filtrado aplicado en el Proyecto 3 distorsionaba significativamente las señales asociadas con la patología de Fibrilación Auricular (AFIB). Esta distorsión afectaba la calidad del análisis, lo que motivó la decisión de retomar el enfoque inicial. En esta etapa, se seleccionaron únicamente las señales correspondientes a las patologías Bradicardia Sinusal (SB) y Fibrilación Auricular (AFIB), asegurando un total de 1,600 señales para cada una. Este balance proporcional fue crucial para evitar sesgos en el modelo hacia alguna de las patologías.

Para garantizar una representación equitativa, las señales se dividieron por género, con 700 señales de pacientes femeninos y 900 de pacientes masculinos. Todas las señales fueron muestreadas a una frecuencia de 500 Hz, con una longitud de 5,000 muestras por señal. En el análisis, se trabajó exclusivamente con la segunda derivada de las 12 disponibles en el repositorio, ya que esta derivada fue considerada suficiente para extraer las características más relevantes.

Se aplicó un proceso de detrend con compresión a las señales para eliminar tendencias y normalizar la amplitud de los picos. Este enfoque buscó mitigar errores relacionados con variaciones de tendencia y amplitud, optimizando así la extracción de características clave para el análisis.

El siguiente paso consistió en identificar las características más representativas de cada tipo de señal, priorizando aquellas que permitieran diferenciar de manera precisa entre AFIB y SB. Adicionalmente, se integró información complementaria del repositorio, como el intervalo QT, la edad y el género de los pacientes. Estos

datos adicionales enriquecieron el análisis y facilitaron la exploración de correlaciones entre estas variables y las señales cardíacas seleccionadas.

La selección de características se basó en su capacidad para aportar información significativa que permitiera a la red neuronal aprender y clasificar de manera efectiva las señales asociadas a Bradicardia Sinusal (SB) y Fibrilación Auricular (AFIB). En el procesamiento de señales fisiológicas, las características que describen las dinámicas temporales y los patrones subyacentes son esenciales para mejorar tanto la precisión como la eficiencia de los modelos predictivos. Aunque las señales de SB y AFIB comparten algunos elementos comunes, presentan diferencias críticas que, al ser capturadas de manera adecuada, garantizan una clasificación precisa.

La selección de parámetros clave se centró en reflejar las discrepancias principales entre los patrones de las señales ECG de cada patología. Para la red neuronal, se seleccionaron las siguientes características: Ventricular Rate (bpm), QRS Count, HRV MeanNN (ms), STD_RR, CV_RR y FMP (derivada del Proyecto 3). Estas se complementaron con características adicionales como el intervalo QT, el género y la edad del paciente, proporcionando un contexto clínico integral.

Las primeras cinco características fueron calculadas con la librería estadística NeuroKit2, reconocida por su capacidad para capturar patrones distintivos en la actividad eléctrica cardíaca. Esta combinación estratégica de características incrementa la precisión del modelo de red neuronal, asegurando un enfoque robusto y fundamentado para la clasificación eficiente de las patologías SB y AFIB.

A. Descripción de Características

Ventricular Rate (bpm): La frecuencia ventricular, expresada en latidos por minuto (bpm), es un parámetro clave para distinguir entre Bradicardia Sinusal (SB) y Fibrilación Auricular (AFIB). En la SB, la frecuencia ventricular tiende a ser baja y presenta un patrón regular, mientras que en la AFIB se caracteriza por ser más elevada y significativamente irregular. Estas diferencias en la velocidad y la regularidad del ritmo cardíaco ofrecen información esencial para que la red neuronal aprenda a identificar y clasificar de manera precisa las señales correspondientes a cada patología [5].

QRS Count: El conteo de complejos QRS, que indica el número de latidos en un intervalo de tiempo, es un parámetro crucial para la diferenciación entre SB y AFIB. En AFIB, la actividad auricular desorganizada genera una irregularidad en los intervalos y la distribución de los complejos QRS, mientras que en SB estos son más uniformes, constantes y en menor cantidad debido a la disminución de la frecuencia cardíaca [3]. Esta característica, obtenida al contar los picos R que marcan el inicio y el final de cada ciclo cardíaco, es esencial para que la red neuronal pueda identificar los diferentes patrones de activación ventricular característicos de cada patología [5].

HRV MeanNN (ms): La variabilidad de la frecuencia cardíaca (HRV) es un indicador esencial de la regulación autónoma del corazón. El valor promedio de los intervalos entre latidos (MeanNN) ofrece una medida de la regularidad del ritmo cardíaco. En SB, estos intervalos suelen ser más uniformes, mientras que en la AFIB presentan una mayor variabilidad debido a la irregularidad de los intervalos RR [8]. Esta característica, obtenida mediante herramientas como NeuroKit2, calcula la variación media de la frecuencia cardíaca para cada conjunto de señales, proporcionando a la red neuronal un criterio clave para diferenciar entre las señales en función de la regularidad o irregularidad de los latidos [6].

STD_RR: La desviación estándar de los intervalos RR (STD_RR) evalúa la variabilidad en la duración de los intervalos entre latidos consecutivos. En la AFIB, los intervalos RR presentan una alta irregularidad, lo que se traduce en una desviación estándar significativamente mayor. En cambio, en la SB, los intervalos son más uniformes, resultando en una desviación estándar más baja [8]. Esta medida es fundamental para la clasificación de las señales, ya que permite a la red neuronal identificar los patrones distintivos asociados a cada patología.

CV_{RR}: El coeficiente de variación de los intervalos RR (CV_{RR}) es una medida relativa que refleja la variabilidad del tiempo entre los latidos del corazón. Un valor alto de CV_{RR} denota una mayor irregularidad en el ritmo cardíaco, una característica distintiva de la AFIB. En contraste, un CV_{RR} bajo indica un ritmo más estable y regular, propio de la SB. Esta métrica es clave para que la red neuronal identifique las diferencias en la regularidad del ritmo cardíaco entre ambas patologías [8]. Su cálculo se realiza dividiendo la desviación estándar de los intervalos RR por la mediana de estos mismos valores.

QTInterval: El intervalo QT representa el tiempo total del ciclo cardíaco, abarcando desde la despolarización hasta la repolarización ventricular. Aunque su relevancia es secundaria para diferenciar entre SB y AFIB, las variaciones en este intervalo pueden reflejar alteraciones en la actividad cardíaca asociadas con la AFIB. Su inclusión en el análisis agrega una dimensión adicional de información, contribuyendo a mejorar la precisión en la clasificación de las señales [5].

FMP (Frequency of Maximum Power): Esta característica corresponde a la frecuencia donde se localiza el pico de mayor potencia en el espectro de frecuencia de la señal. En la AFIB, esta frecuencia tiende a presentar una mayor dispersión debido a la naturaleza caótica e irregular de la señal. Por el contrario, en la SB, la distribución de potencia es más uniforme y predecible [9]. Este patrón espectral resulta fundamental para la red neuronal, ya que proporciona información adicional sobre la organización y dinámica de las señales, mejorando así su capacidad para distinguir entre ambas patologías.

Edad y Género: Estas características fueron extraídas de la base de datos de señales empleada en el trabajo, dado su impacto en las enfermedades cardíacas. Su inclusión responde a la influencia que la edad y el género pueden tener sobre la morfología y la amplitud de las señales [5]. Al considerar estos factores, se busca minimizar posibles sesgos en los resultados, asegurando que las diferencias observadas se deban a parámetros relacionados con las patologías y no a otras variables no controladas. Para el género, se asignó una codificación binaria: 1 para mujeres y 0 para hombres, permitiendo que todas las características mantuvieran un formato numérico uniforme.

B. *Aplicación de Características y Normalización*

Luego de seleccionar los parámetros mencionados previamente y convertir los valores no numéricos a valores numéricos, se integraron todas las funciones de extracción de características en una única función unificada. Esta función permite extraer de manera eficiente las características de todas las señales correspondientes a cada patología, alimentándose posteriormente en un dataframe para su análisis.

A continuación, se aplicó el método Z-score para normalizar los datos, con el objetivo de aumentar la precisión de las características al entrenar y evaluar las redes neuronales y los modelos de machine learning destinados a la predicción de patologías. La normalización mediante Z-score se lleva a cabo restando a cada valor individual la media del conjunto de datos correspondiente y dividiendo el resultado entre la desviación estándar del mismo conjunto [10]. Este proceso asegura que las características tengan una escala comparable, facilitando el aprendizaje de los modelos al reducir posibles desequilibrios en los rangos de valores.

Es importante mencionar que los datos relativos al género no fueron sometidos a normalización, ya que estos ya estaban representados de manera binaria (1 para mujeres y 0 para hombres) y no requerían ajustes adicionales en su escala. De este modo, se preservó la integridad de esta característica específica mientras se garantiza una normalización adecuada para las demás.

C. *Creación de las tres Redes Neuronales*

Tras la extracción de las características relacionadas con las patologías, se procedió al diseño de tres redes neuronales basadas en el modelo Multilayer Perceptron (MLP). Estas redes se estructuraron en tres capas fundamentales: la capa de entrada, la capa oculta o intermedia, y la capa de salida. La elección de MLP se fundamenta en su capacidad probada para la clasificación y análisis de patrones en diversos contextos biomédicos, tal como lo describen LeCun *et al.* en su trabajo sobre aprendizaje profundo [11].

Capa de entrada: El número de neuronas en esta capa fue igual al número total de características extraídas más un adicional. Este enfoque asegura que cada característica está representada por una neurona, permitiendo una distribución eficiente de los pesos y una representación precisa de los datos en la red.

Capa oculta o intermedia: La cantidad de neuronas en la capa intermedia fue calculada mediante una ecuación específica (Ecuación 1), que considera el total de señales disponibles, incluidas las empleadas para entrenamiento y validación (3,196 en total). Asimismo, se introdujo un factor ajustable en la ecuación, lo que permitió diseñar tres configuraciones diferentes para esta capa. Estas configuraciones fueron evaluadas para identificar la arquitectura óptima que ofreciera el mejor rendimiento en la clasificación de las patologías. El diseño y ajuste de esta capa se basaron en los principios detallados por Haykin en su obra sobre redes neuronales y máquinas de aprendizaje [12].

$$number_neurons = \frac{trading_data_samples}{factor * (input_neurons + output_neurons)}$$

Ecuación 1. número de neuronas

Capa de salida: Esta capa incluye una única neurona, ya que la tarea principal es realizar una clasificación binaria entre AFIB y SB. Los resultados de esta clasificación se representan como 0 o 1, lo que garantiza que la red pueda discriminar de manera eficaz entre las dos patologías.

Validación y análisis de resultados

La variación del factor en la ecuación de la capa oculta permitió explorar cómo distintas arquitecturas de la red afectan su capacidad de aprendizaje y generalización. Para validar y analizar el desempeño de cada configuración, se utilizaron diversas herramientas, incluyendo:

- **Validación cruzada:** para evaluar la consistencia y robustez de los modelos.
- **Matrices de confusión:** aplicadas tanto a los datos de entrenamiento como a los de validación para medir precisión, sensibilidad y especificidad.
- **Curvas de pérdida:** para monitorear el rendimiento del modelo durante el proceso de entrenamiento y prevenir el sobreajuste.

La estructuración de cada red neuronal requiere considerar varias variables clave. Entre ellas, destaca el uso de la función de activación ReLU (activation='relu'), que introduce no linealidad al procesar los datos, devolviendo 0 para valores negativos y el valor mismo para positivos, lo cual ayuda a mitigar el problema del desvanecimiento del gradiente. Para el entrenamiento, se seleccionó el optimizador Adam (solver='adam'), un método eficiente basado en el descenso de gradiente estocástico que ajusta dinámicamente la tasa de aprendizaje para cada parámetro, combinando las ventajas de AdaGrad y RMSProp. El modelo está configurado con un límite de 2000 iteraciones máximas (max_iter=2000) para garantizar la convergencia durante el entrenamiento, y se estableció un random_state=40 para asegurar la reproducibilidad de los resultados en ejecuciones futuras. Esta configuración es especialmente adecuada para problemas de clasificación complejos, proporcionando un rendimiento robusto y eficiente.

Los resultados obtenidos de estas configuraciones, junto con las métricas de desempeño, se detallan en la sección correspondiente de este documento. Estos análisis fueron fundamentales para seleccionar la red neuronal más adecuada para la clasificación precisa de las patologías Fibrilación Auricular (AFIB) y Bradicardia Sinusal (SB).

D. Comparación entre Modelo SVM y K-means

Para finalizar el análisis del proyecto, se decidió implementar y comparar dos enfoques adicionales para el tratamiento de los datos: un modelo de Máquinas de Vectores de Soporte (SVM) y un modelo basado en K-means. Estos dos métodos representan paradigmas distintos en el análisis de datos, ya que mientras el modelo SVM se basa en aprendizaje supervisado para clasificar los datos utilizando un hiperplano óptimo, el modelo K-means opera mediante un enfoque no supervisado, agrupando los datos en clústeres en función de su similitud.

A ambos modelos se les aplicaron evaluaciones rigurosas para determinar su desempeño. En el caso del modelo SVM, se generaron matrices de confusión para evaluar la calidad de las predicciones en las fases de entrenamiento y validación, midiendo métricas clave como la precisión, sensibilidad, especificidad y el puntaje F1. Por otro lado, para el modelo K-means, se utilizó un enfoque diferente para evaluar la coherencia de los clusters generados, empleando medidas como el índice de silueta y la inercia intra-clúster.

En ambas aproximaciones se registró la precisión general del modelo, distinguiendo entre los datos de entrenamiento y los de validación, con el objetivo de identificar posibles problemas de sobreajuste o subajuste. Este análisis permitió comparar la eficacia de cada método y entender cómo responden a las características particulares del conjunto de datos utilizado.

RESULTADOS

En los resultados obtenidos para el número de neuronas en la etapa oculta, se observó que la cantidad de neuronas en la capa oculta tiene un impacto significativo en el rendimiento de cada modelo. Para la Red Neuronal 1, con factor de 5 se alcanzó un total de 58 neuronas. En la Red Neuronal 2, con factor de 7, alcanzó un total de 41 neuronas, mientras que en una configuración adicional de la misma red con factor 10, se redujo a 29 neuronas. Estos resultados indican que, a medida que el número del factor aumenta, la cantidad de neuronas en la capa oculta disminuye como se evidencia en la **Tabla 3**.

TABLA 3

Factor	Número de Neuronas Capa Oculta	Red Neuronal	Validación Cruzada
5	58	RED NEURONAL 1	0.953
7	41	RED NEURONAL 2	0.954
10	29	RED NEURONAL 3	0.952

Tabla 3. Cantidad de neuronas utilizadas en las tres estructuras de la Red Neuronal MLP

Los resultados obtenidos de la matriz de confusión de la Red Neuronal 1 permiten calcular las métricas clave de evaluación del modelo, como la precisión, recall, F1-score y accuracy **Tabla 4 y 5**, junto con su gráfica de

aprendizaje **Figura 2**. Además, se presenta la gráfica correspondiente de la matriz de confusión, la cual visualiza de manera clara la distribución de las predicciones correctas e incorrectas, lo que facilita la interpretación y análisis del rendimiento del modelo **Figura 1**

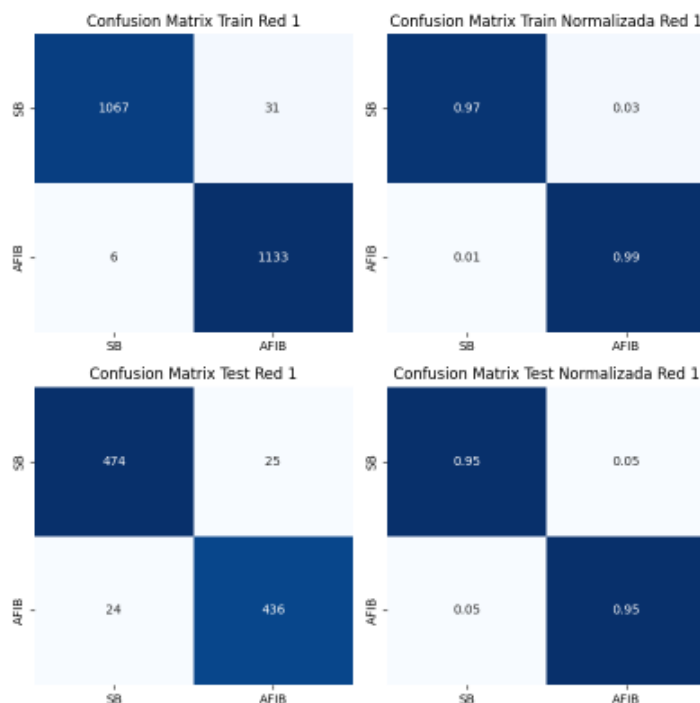


Figura 5. Matrices de confusión de la red neuronal 1, normalizadas y no normalizadas de los datos de entrenamiento y validación

TABLA 4

	Precisión	Recall	F1-score	Support
SB	0,96	0.98	0.98	1098
AFIB	0.98	0.97	0.98	1139
Accuracy			0.98	2237
Macro AVG	0.98	0.98	0.98	2237
Weighted AVG	0.98	0.98	0.98	2237

Tabla 4. Reporte de clasificación de Entrenamiento de Red Neuronal 1

TABLA 5

	Precisión	Recall	F1-score	Support
SB	0.95	0.95	0.95	499
AFIB	0.95	0.95	0.95	460
Accuracy			0.95	959
Macro AVG	0.95	0.95	0.95	959
Weighted AVG	0.95	0.95	0.95	959

Tabla 5. Reporte de clasificación de Validación de Red Neuronal 1

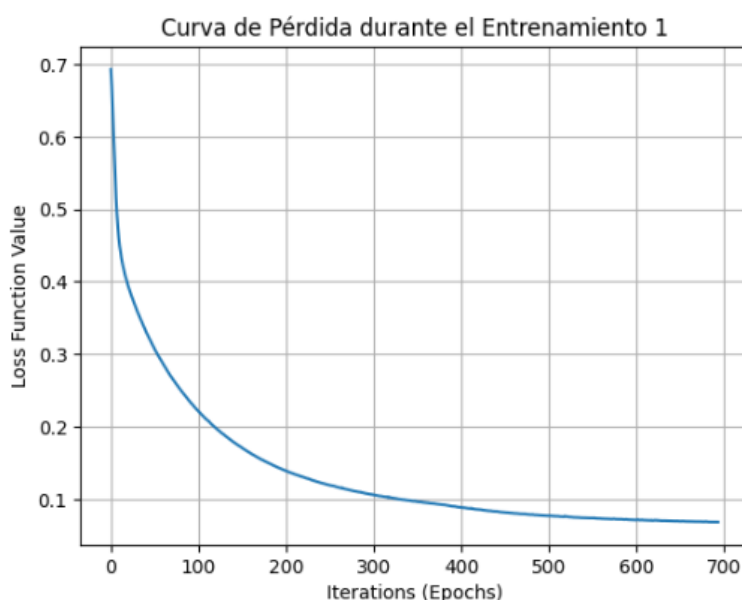


Figura 6. Curva de pérdida durante el entrenamiento de la Red Neuronal 1

Los resultados obtenidos a partir de la matriz de confusión de la Red Neuronal 2 permiten calcular las métricas de evaluación, incluyendo precisión, recall, F1-score y accuracy, como se muestra en las Tablas 6 y 7. Estas métricas proporcionan una visión completa del desempeño del modelo, permitiendo evaluar su capacidad para identificar correctamente las clases positivas y negativas. Además, se presenta la gráfica de aprendizaje en la Figura 4, que muestra la evolución de la precisión y la pérdida a lo largo de las iteraciones, permitiendo observar cómo el modelo mejora su capacidad de generalización durante el proceso de entrenamiento.

La matriz de confusión asociada también se presenta gráficamente en la Figura 3, lo que facilita la interpretación visual de las predicciones correctas e incorrectas. Esta representación permite identificar de manera clara las clases que el modelo tiene más dificultad para predecir, lo que puede ser útil para ajustar parámetros o aplicar técnicas adicionales de mejora del modelo. En conjunto, estos análisis ofrecen una mejor comprensión del desempeño de la red neuronal y proporcionan información valiosa para optimizar el proceso de clasificación.

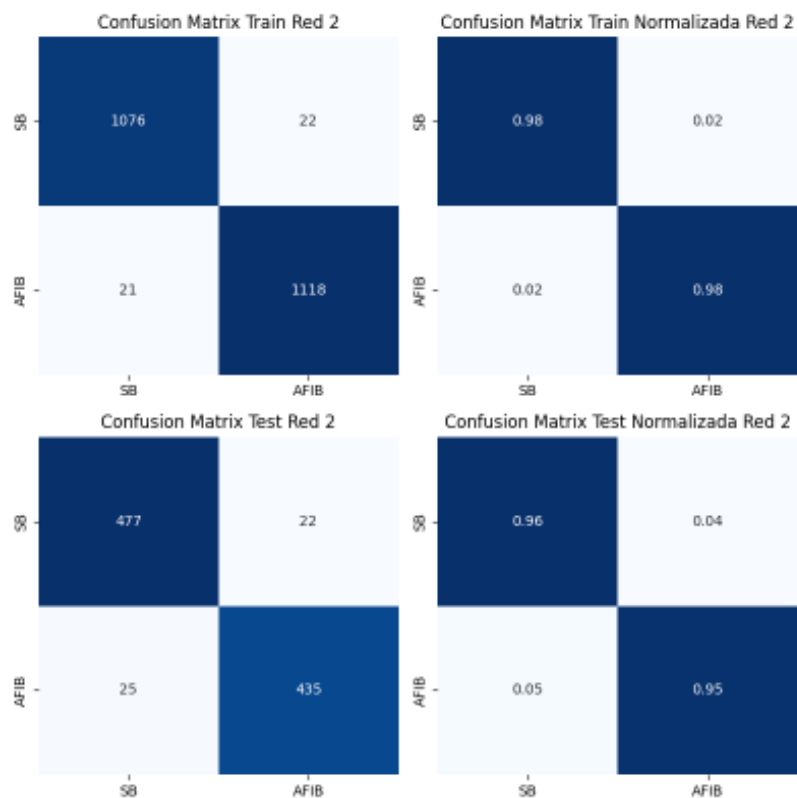


Figura 7. Matrices de confusión de la red neuronal 2, normalizadas y no normalizadas de los datos de entrenamiento y validación

TABLA 6

	Precisión	Recall	F1-score	Support
SB	0.98	0.98	0.98	1098
AFIB	0.98	0.98	0.98	1139
Accuracy			0.98	2237
Macro AVG	0.98	0.98	0.98	2237
Weighted AVG	0.98	0.98	0.98	2237

Tabla 6. Reporte de clasificación de Entrenamiento de Red Neuronal 2

TABLA 7

	Precisión	Recall	F1-score	Support
SB	0.95	0.95	0.95	499
AFIB	0.95	0.95	0.95	460
Accuracy			0.95	959
Macro AVG	0.95	0.95	0.95	959
Weighted AVG	0.95	0.95	0.95	959

Tabla 7. Reporte de clasificación de Validación de Red Neuronal 2

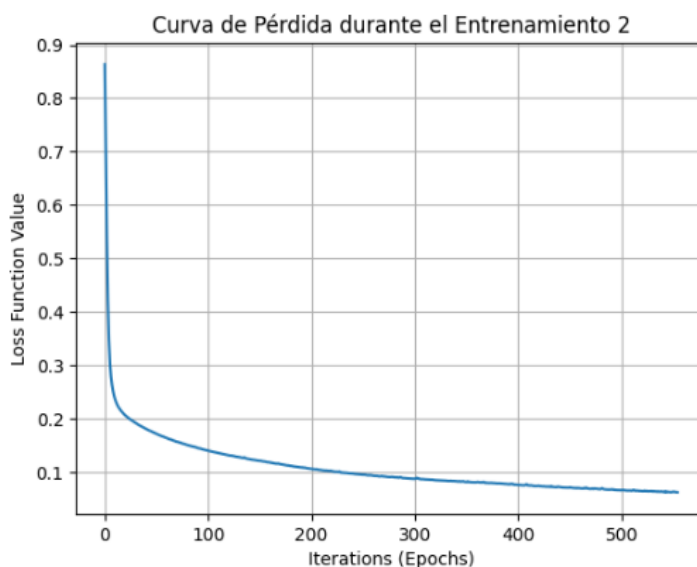


Figura 8. Curva de pérdida durante el entrenamiento de la Red Neuronal 2

Por otro lado, los resultados de la Red Neuronal 3, derivados también de su matriz de confusión, muestran un desempeño similar, con la posibilidad de calcular las métricas de precisión, recall, F1-score y accuracy para evaluar la calidad de las predicciones. Tablas 8 y 9. Al igual que con las redes anteriores, se incluye la representación gráfica de la matriz de confusión. Figura 5, lo que permite una visualización clara y directa de las predicciones realizadas y facilita la interpretación del rendimiento general del modelo además de su respectiva gráfica de aprendizaje. Figura 6

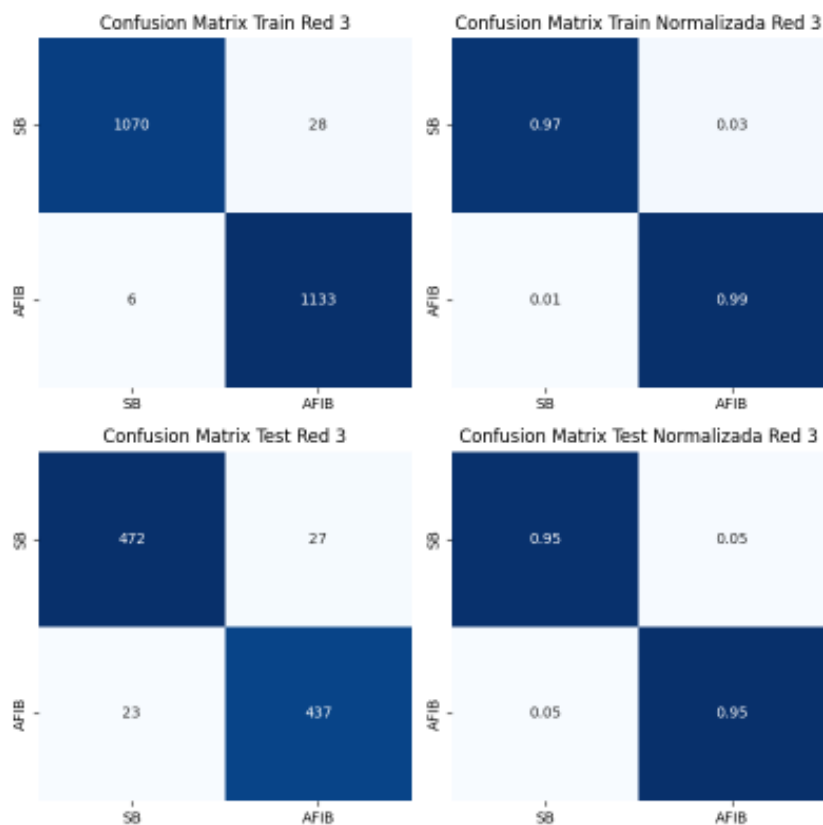


Figura 9. Matrices de confusión de la red neuronal 3, normalizadas y no normalizadas de los datos de entrenamiento y validación

TABLA 8

	Precisión	Recall	F1-score	Support
SB	0.99	0.97	0.98	1098
AFIB	0.98	0.99	0.99	1139
Accuracy			0.98	2237
Macro AVG	0.98	0.98	0.98	2237
Weighted AVG	0.98	0.98	0.98	2237

Tabla 8. Reporte de clasificación de Entrenamiento de Red Neuronal 3

TABLA 9

	Precisión	Recall	F1-score	Support
SB	0.95	0.95	0.95	499
AFIB	0.94	0.95	0.95	460
Accuracy			0.95	959
Macro AVG	0.95	0.95	0.95	959
Weighted AVG	0.95	0.95	0.95	959

Tabla 9. Reporte de clasificación de Validación de Red Neuronal 3

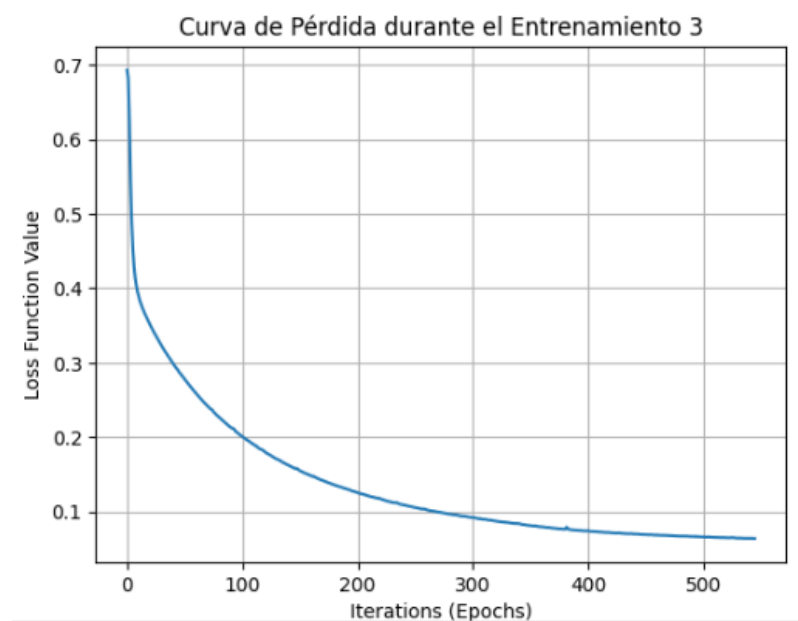


Figura 10. Curva de pérdida durante el entrenamiento de la Red Neuronal 3

Los resultados obtenidos de la implementación del modelo K-means muestran una exactitud de entrenamiento y validación de 0.91, la exactitud en la validación cruzada fue considerablemente más baja, con un valor de 0.58.

Tabla 10

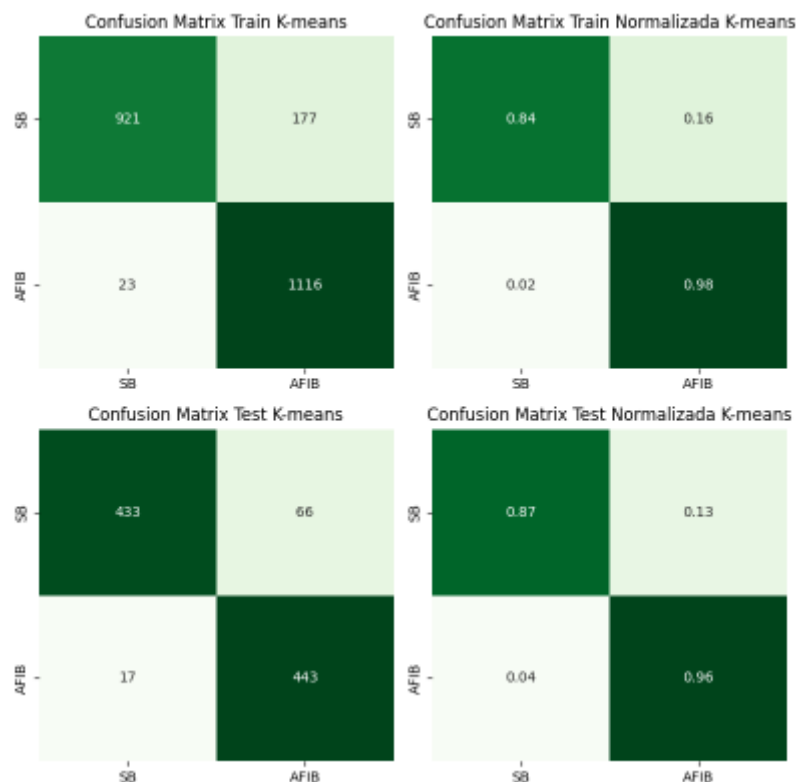


Figura 11. Matrices de confusión del modelo k-means, normalizadas y no normalizadas de los datos de entrenamiento y validación

TABLA 10

Parámetro	Valor
Exactitud Entrenamiento	0.91
Exactitud Validación	0.91
Exactitud Validación Cruzada	0.58

Tabla 10. Reporte de Validación y entrenamiento del modelos K-MEANS

El modelo de Máquina de Soporte Vectorial (SVM) mostró un desempeño destacado en la clasificación de las patologías en el conjunto de entrenamiento, con una precisión de 0.97 para la bradicardia sinusal (SB) y 0.95 para la fibrilación auricular (AFIB). El recall fue de 0.94 para SB y 0.98 para AFIB, mientras que el F1-score fue de 0.96 para ambas clases. La exactitud global alcanzó un 96%. En el conjunto de validación, los resultados de SVM fueron igualmente consistentes, con una precisión, recall y F1-score de 0.95 en ambas clases (SB y AFIB). La exactitud en la validación fue de 0.95. **Tabla 11 y 12**. Además, se generó una gráfica de aprendizaje del modelo SVM que muestra el valor de C óptimo para lograr una mayor precisión. Los resultados indicaron que, a valores bajos de C, se obtuvo una mayor precisión en la clasificación, lo que sugiere que un valor reducido de este parámetro mejora el rendimiento del modelo en términos de exactitud. como se evidencia en la **Figura 9**

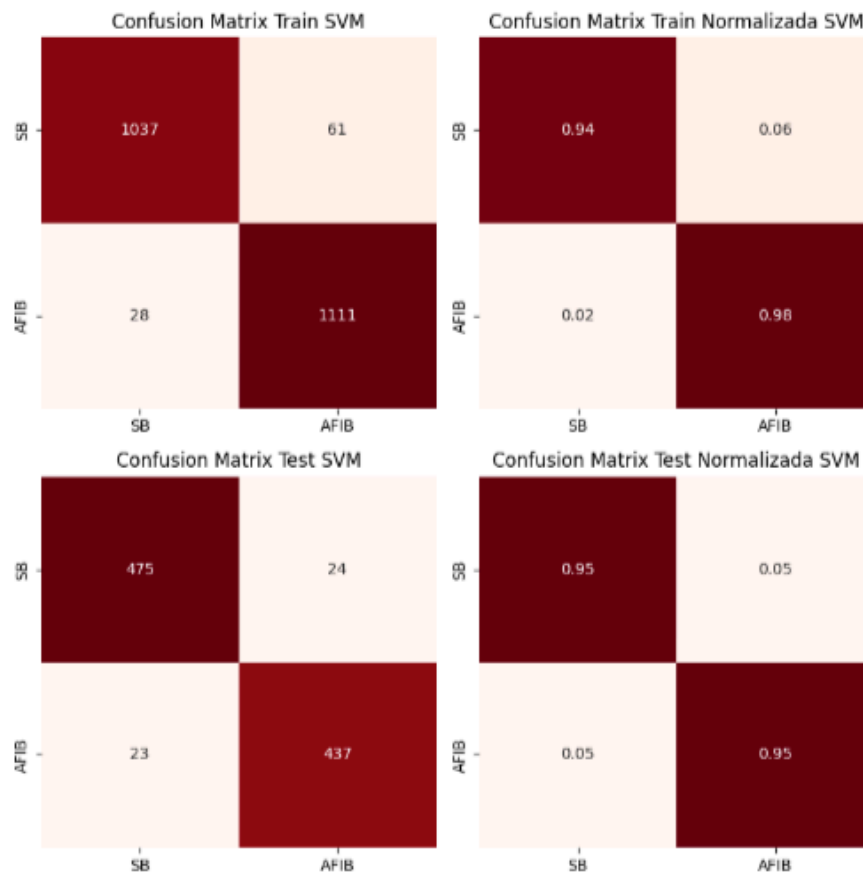


Figura 12. Matrices de confusión del modelo SVM, normalizadas y no normalizadas de los datos de entrenamiento y validación

TABLA 11

	Precisión	Recall	F1-score	Support
SB	0.97	0.94	0.96	1098
AFIB	0.95	0.98	0.96	1139
Accuracy			0.96	2237
Macro AVG	0.96	0.96	0.96	2237
Weighted AVG	0.96	0.96	0.96	2237

Tabla 11. Reporte de clasificación de Entrenamiento del modelo SVM

TABLA 12

	Precisión	Recall	F1-score	Support
SB	0.95	0.95	0.95	499
AFIB	0.95	0.95	0.95	460
Accuracy			0.95	959
Macro AVG	0.95	0.95	0.95	959
Weighted AVG	0.95	0.95	0.95	959

Tabla 12. Reporte de clasificación de Validación del modelo SVM



Figura 13. Curva de pérdida durante el entrenamiento del modelos SVM

ANÁLISIS

A. Características:

Las características analizadas demostraron un buen desempeño, reflejado en los altos valores de precisión obtenidos durante el entrenamiento de cada modelo. Este comportamiento fue consistente tanto en las tres redes neuronales diseñadas bajo el modelo Multilayer Perceptron (MLP) como en otros algoritmos de aprendizaje automático, como Support Vector Machine (SVM) y K-means. Estos resultados evidencian una notable

capacidad de discriminación de las patologías estudiadas, lo que se traduce en diferencias significativas entre los valores representativos de cada una de las nueve características evaluadas.

Además, el uso de funciones como *detrend* y compresión de señales resultó crucial para optimizar los datos, asegurando que no se produjeran distorsiones significativas que comprometieran la validez de las características extraídas. Estas técnicas facilitaron un ajuste más preciso de los datos, preservando la integridad de las señales durante el proceso de entrenamiento. Como consecuencia, los modelos mostraron un desempeño mejorado, logrando clasificar con mayor precisión las patologías y destacando la efectividad de las estrategias de preprocesamiento implementadas en este estudio.

Por otra parte, la aplicación del método *Z-score* también contribuyó a mejorar la precisión de los modelos, aunque el cambio observado no fue drástico. No obstante, este enfoque tuvo un impacto positivo en la normalización de los datos, ayudando a estabilizar los valores de las características y, en última instancia, influyendo en el aumento de la precisión en la clasificación de las patologías. Esto refuerza la importancia de emplear técnicas de normalización como parte del flujo de preprocesamiento en estudios de esta naturaleza.

B. Redes Neuronales:

Respecto al rendimiento en el conjunto de entrenamiento La **Red Neuronal 1** obtiene métricas altas con valores de precisión, recall y F1-score de 0.96 y 0.98 para SB y AFIB, respectivamente. Sin embargo, muestra una ligera variabilidad entre las clases, lo que podría indicar que ha tenido algo más de dificultad para aprender algunos patrones en la clase SB, aunque sigue manteniendo un rendimiento robusto en la **Red Neuronal 2** exhibe un desempeño sobresaliente, alcanzando una precisión, recall y F1-score de 0.98 para ambas clases (SB y AFIB), lo que demuestra una excelente capacidad para identificar las características de los datos y clasificar las instancias con alta precisión. Este resultado refleja un proceso de entrenamiento exitoso, permitiendo que el modelo distingue las clases de manera eficiente. Finalmente, la **Red Neuronal 3** destaca por obtener los mejores resultados en el entrenamiento, con una precisión de 0.99 para SB y 0.98 para AFIB, lo que indica una capacidad de aprendizaje excepcional. Las diferencias en las métricas entre las clases pueden ser atribuidas a la mayor complejidad o distribución de las clases en los datos, pero en general, este modelo logra una alta exactitud en la clasificación de ambas clases.

En cuanto al rendimiento en el conjunto de validación, La **Red Neuronal 1** experimenta una ligera disminución en las métricas, con precisión, recall y F1-score de 0.95. Este descenso podría estar relacionado con el sobreajuste, lo que sugiere que el modelo ha aprendido en exceso de los datos de entrenamiento y no ha logrado generalizar de manera óptima a los nuevos datos. No obstante, el rendimiento sigue siendo bastante bueno, lo que indica que la capacidad de generalización del modelo se mantiene sólida. La **Red Neuronal 2**, muestra una caída similar en las métricas de validación, alcanzando 0.95 en todas las métricas. Aunque inferior al rendimiento en el conjunto de entrenamiento, esta caída es menos pronunciada en comparación con la Red Neuronal 3 y 1, lo que sugiere que ha logrado un buen equilibrio entre aprender de los datos de entrenamiento y generalizar a nuevos datos, con menor riesgo de sobreajuste. Finalmente, la **Red Neuronal 3** muestra la mayor discrepancia entre los resultados de entrenamiento y validación, con una caída considerable en las métricas a 0.95 en el conjunto de validación. Esto indica un fuerte sobreajuste, ya que, aunque el modelo tiene un rendimiento sobresaliente en entrenamiento, su capacidad para generalizar a los datos no vistos es notablemente inferior. Este comportamiento podría sugerir que el modelo no ha sido suficientemente regularizado o que las características de los datos de validación no fueron adecuadamente representadas en el conjunto de entrenamiento.

El hecho de que el accuracy sea muy similar en las tres redes neuronales sugiere que, aunque los modelos varían en su rendimiento en términos de precisión, recall y F1-score, todos logran una capacidad de clasificación general bastante alta. El accuracy, al ser una métrica global que no distingue entre clases, se ve influido por la proporción de instancias correctamente clasificadas, y en este caso, las tres redes son eficaces para identificar la mayoría de las instancias de manera correcta, independientemente de las diferencias entre las clases. Esto indica que, aunque puedan existir variaciones en su capacidad para diferenciar ciertas clases (como SB o AFIB), todas

mantienen una clasificación global coherente en términos de aciertos generales. Además, esto puede reflejar que los datos están bien equilibrados y que, en su mayoría, las redes aprenden patrones relevantes sin afectar significativamente el accuracy total.

Por esta razón, se emplea un método como la validación cruzada (cross-validation), el cual ofrece una evaluación más robusta del rendimiento del modelo al dividir los datos en múltiples subconjuntos, permitiendo entrenar y validar el modelo en diferentes particiones. Como se observa en la Tabla 3, los resultados de la validación cruzada evidencian que la precisión más alta se obtuvo utilizando un índice intermedio, mientras que la más baja correspondió al índice más elevado. Sin embargo, las diferencias entre las tres configuraciones no son significativas, lo que indica que todas las estructuras evaluadas presentan un desempeño sólido.

No obstante, se identifica una tendencia hacia el uso de un número intermedio de neuronas, ya que esta configuración parece ser la más adecuada para evitar tanto el subajuste como el sobreajuste del modelo. Esto sugiere que un balance en la cantidad de neuronas en la capa oculta puede garantizar un rendimiento óptimo al capturar patrones relevantes sin introducir ruido o complejidad innecesaria.

Finalmente, las curvas de pérdida evidencian una convergencia de aprendizaje uniforme entre las tres redes neuronales, alcanzando un rendimiento óptimo alrededor de las 500 iteraciones. Este valor es significativamente menor al límite máximo establecido inicialmente, lo que refleja la excelente capacidad de entrenamiento de cada modelo. Además, la rápida convergencia observada destaca la eficiencia y robustez de las configuraciones empleadas, asegurando un desempeño consistente en todas las redes.

C. Modelos SVM y K-Means

Los resultados obtenidos mediante la implementación del modelo K-means reflejan una exactitud de 0.91 en el conjunto de entrenamiento, mientras que en validación cruzada esta disminuyó significativamente a 0.58. Esto sugiere que el modelo enfrenta dificultades para generalizar a datos no vistos durante el entrenamiento, una limitación inherente a los algoritmos no supervisados como K-means. En este caso, el algoritmo no logró identificar de manera óptima las características distintivas de las clases dentro del conjunto de datos, lo que repercute negativamente en su capacidad para realizar predicciones precisas al ser aplicado a nuevas muestras.

Por otro lado, los resultados de las matrices de precisión y las tablas de validación demuestran que el modelo SVM supera significativamente a K-means en términos de precisión. Esto se debe a que SVM es un modelo supervisado, diseñado específicamente para trabajar eficientemente con características numéricas, y que emplea funciones kernel para abordar problemas de clasificación en espacios de mayor dimensión. Además, el rendimiento de SVM está estrechamente relacionado con el parámetro CCC, el cual controla la flexibilidad o robustez del modelo al penalizar errores. Aunque la variación en precisión dentro de un rango de valores de CCC entre 1 y 10 no es drástica, los resultados muestran que valores más bajos de CCC ayudan a minimizar la pérdida de precisión, haciéndolo particularmente eficiente en el manejo de señales fisiológicas, donde ya existe un margen de error debido a las etapas de adquisición. Esto destaca la capacidad del modelo para adaptarse y mantener un desempeño sólido incluso en escenarios con datos ruidosos o parcialmente contaminados.

CONCLUSIONES

1. De acuerdo con los modelos neuronales SVM y K-means, son dos algoritmos clave en el aprendizaje automático. SVM es ideal para problemas supervisados de clasificación, destacando por su capacidad para manejar datos no lineales y de alta dimensión, aunque su rendimiento depende de la correcta selección de hiper parámetros. Por otro lado, K-means es un algoritmo no supervisado utilizado para agrupamiento, sencillo y eficiente, pero con limitaciones como su sensibilidad a la inicialización de los centroides y su suposición de que los clústeres tienen formas esféricas. Ambos modelos se aplican ampliamente en áreas como procesamiento de señales y análisis de imágenes médicas, y su elección depende del tipo de datos y el problema a resolver.

2. En conclusión, La Red Neuronal 1 muestra un buen equilibrio entre entrenamiento y validación, lo que indica una sólida capacidad de generalización, la Red Neuronal 2 tiene el mejor rendimiento en entrenamiento, pero una ligera caída en validación, lo que sugiere un leve sobreajuste, aunque sigue generalizando bien. Por último, la Red Neuronal 3, aunque sobresale en entrenamiento, presenta un mayor sobreajuste, lo que sugiere la necesidad de mejorar las técnicas de regularización para una mejor generalización.
3. El cambio en el número de neuronas en un modelo de red neuronal, aunque importante, no tiene una influencia tan significativa debido a la calidad de las características utilizadas. Las características seleccionadas son tan efectivas y representativas que el modelo es capaz de aprender patrones significativos incluso con variaciones en la cantidad de neuronas. Esto sugiere que el modelo es lo suficientemente robusto como para generalizar bien y evitar tanto el sobreajuste como el desajuste, independientemente de los ajustes en la cantidad de neuronas. De este modo, el desempeño del modelo se mantiene altamente efectivo gracias a las características bien elegidas, lo que asegura un rendimiento confiable y preciso en el análisis de las señales.

REFERENCIAS

- [1] J. L. Díaz, F. J. Altuve, y A. García, "Deep learning approach for the detection of atrial fibrillation and sinus bradycardia using ECG signals," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 68, no. 9, pp. 3051–3061, Sept. 2021. doi: 10.1109/TBME.2021.3054952.
- [2] P. S. Hamilton y W. Tompkins, "Quantitative investigation of QRS detection rules using the MIT-BIH arrhythmia database," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. BME-33, no. 12, pp. 1157–1165, Dec. 1986. doi: 10.1109/TBME.1986.325695.
- [3] «Detection of Atrial Fibrillation Using a Machine Learning Approach». Accedido: 20 de octubre de 2024. [En línea]. Disponible en: <https://www.mdpi.com/2078-2489/11/12/549>
- [4] «Atrial fibrillation - Symptoms and causes», Mayo Clinic. Accedido: 7 de noviembre de 2024. [En línea]. Disponible en: <https://www.mayoclinic.org/diseases-conditions/atrial-fibrillation/symptoms-causes/syc-20350624>
- [5] W. Wang, L. Wang, T. Guo, and Y. Shi, "Heart sound classification using attention-based deep residual networks," *Scientific Reports*, vol. 10, no. 1, pp. 1–9, Feb. 2020. doi: 10.1038/s41598-020-59821-7.
- [6] V. Vapnik, *The Nature of Statistical Learning Theory*, New York, NY, USA: Springer-Verlag, 1995.
- [7] J. B. MacQueen, "Some methods for classification and analysis of multivariate observations," in *Proc. 5th Berkeley Symp. Math. Statist. Prob.*, vol. 1, 1967, pp. 281–297.
- [8] G. Task Force, "Heart Rate Variability Standards," *Eur. Heart J.*, vol. 17, pp. 354–381, 1996.
- [9] J. L. Welch, "Power Spectral Analysis in ECG Signals," *IEEE Signal Process. Mag.*, vol. 15, pp. 29–36, 2002.
- [10] KeepCoding, "Métodos de normalización en Python," *KeepCoding Blog*, [Online]. Available: <https://keepcoding.io/blog/metodos-de-normalizacion-en-python/>. [Accessed: Dec. 01, 2024].
- [11] Y. LeCun, Y. Bengio, and G. Hinton, "Deep learning," *Nature*, vol. 521, no. 7553, pp. 436–444, May 2015. doi: 10.1038/nature14539.
- [12] S. Haykin, *Neural Networks and Learning Machines*, 3rd ed. Upper Saddle River, NJ, USA: Pearson Education, 2008.
- [13] F. André, F. Bécue-Bertaut, G. Carrault y J. M. Clément, "Cluster analysis for classification of 12-lead ECG: Evaluation of an automated clustering tool," en *Computing in Cardiology Conference (CinC)*, Vancouver, Canadá, 2016, pp. 299–302. Disponible en: <https://www.cinc.org/archives/2016/pdf/299-222.pdf>.