Señales ECG y clasificación de arritmias

Bioseñales y sistemas

Fabio Velez Osorio *Universidad de Antioquia* Medellín, Colombia fabio.velezo@udea.edu.co

Resumen

Este trabajo presenta el desarrollo de un sistema automático para la clasificación de cuatro tipos de ritmos cardíacos: arritmia sinusal (SA), fibrilación auricular (AFIB), flutter auricular (AF) y ritmo sinusal normal (SR), utilizando señales electrocardiográficas (ECG). La metodología se basa en extracción de un conjunto amplio de características, incluve métricas que variabilidad de la frecuencia cardíaca. coeficientes mediante obtenidos transformada discreta del coseno (DCT), transformada de Fourier (FFT) y descriptores espectrales derivados mediante MFCC. A partir de estas características, se entrenaron y evaluaron distintos modelos de clasificación supervisada y no supervisada, como redes neuronales multicapa (MLP), máquinas de vectorial (SVM), soporte XGBoost agrupamiento K-Means. Entre ellos, el modelo XGBoost logró el mejor rendimiento, alcanzando una precisión global del 84% en la identificación de las cuatro clases.

Palabras clave: XGBoost, K-Means, SVM, redes neuronales.

I. Introducción

El análisis de señales electrocardiográficas (ECG) constituye una herramienta esencial en la práctica clínica para evaluar la actividad eléctrica cardíaca y detectar alteraciones en el ritmo, como la fibrilación auricular (AFIB) o ritmo sinusal (SR), que tienen relevancia diagnóstica[1]. El uso de métodos automáticos para el procesamiento y clasificación de ECG se ha consolidado como un apoyo clave para el

diagnóstico temprano y la reducción de errores, sin embargo, estas señales pueden verse afectadas por diferentes fuentes de ruido como movimientos, interferencias musculares o fluctuaciones en la línea base que alteran la forma del complejo P y QRS y dificultan su interpretación, por lo que resulta imprescindible aplicar un preprocesamiento adecuado[1].

Las técnicas basadas en transformadas matemáticas, como la transformada rapida de Fourier (FFT), la transformada discreta del coseno (DCT) y los coeficientes cepstrales en la escala Mel (MFCC), han facilitado la identificación de patrones espectrales y morfológicos asociados a diferentes arritmias, como SDNN, RMSSD y pNN50, para cuantificar la regularidad del ritmo cardíaco [2].

Este proyecto busca construir un sistema de clasificación automática de señales ECG basado en aprendizaje supervisado, utilizando un conjunto robusto de características extraídas tanto en dominio temporal como espectral. Se entrenaron diferentes modelos, incluyendo redes neuronales artificiales, máquinas de soporte vectorial (SVM) y el método K-Means para clustering. Finalmente, tras aplicar técnicas de filtrado avanzado y extracción de características, se realizó una comparación exhaustiva del rendimiento de todos los modelos

II. Marco teórico

A. Clasificación de arritmias en múltiples etapas.

En el estudio Optimal Multi-Stage Arrhythmia Classification Approach[3], se propuso una forma de identificar automáticamente diferentes tipos de arritmias cardíacas a partir de señales que registra las electrocardiograma (ECG). No se basa únicamente en detectar de manera directa las típicas ondas del corazón (como la P, QRS o T), sino que extrae una gran cantidad de datos y relaciones matemáticas que describen la forma de la señal.

A diferencia de los sistemas que funcionan como cajas negras, esta técnica se enfoca en características que se pueden entender, como: Altos o anchos de los picos y valles, cuánto duran y cómo se relacionan en el tiempo. Además, se hacen cálculos que combinan estos datos, como dividir la diferencia de altura entre dos picos por el tiempo que los separa. Con esto, se generan miles de características hasta casi de 40.000, que describen de manera detallada de la señal, junto con datos clínicos básicos como la edad y el sexo [4].

Un problema al analizar ECGs es que, en muchas enfermedades, algunas ondas desaparecen o se deforman. En la fibrilación auricular (AFIB) o flutter auricular (AFL), la onda P, indica la activación de las aurículas, puede no aparecer o verse sustituida por pequeñas ondas irregulares. Esto hace que los métodos tradicionales, que necesitan encontrar claramente la secuencia P-QRS-T, fallen o tengan bajo rendimiento.

En este estudio no se necesita detectar cada onda de forma exacta. Se apoya en patrones globales y en cómo se distribuyen las diferencias y relaciones entre distintos picos de la señal. Así se consigue que el modelo siga funcionando incluso cuando la señal está incompleta o distorsionada.

Cuando se trata de arritmias más complejas, como los bloqueos auriculoventriculares o los ritmos de marcapasos, puede ser necesario cambiar la forma de analizar la señal. Aquí se suelen aplicar otros métodos, como observar cómo varía el tiempo entre latidos, analizar la energía que se reparte en diferentes frecuencias de la señal o usar cálculos más avanzados como la entropía, que miden lo predecible o irregular que es la actividad eléctrica. Estos enfoques que combinan atributos morfológicos con técnicas estadísticas avanzadas, es posible desarrollar sistemas que clasifican las arritmias de forma automática[4].

B. Extracción de características

La extracción moderna de características incluye el análisis de relaciones morfológicas entre picos y valles, proporciones entre diferencias de prominencia y sus distancias temporales, así como la construcción de distribuciones estadísticas que describen la variabilidad de la señal. También se emplean atributos derivados, como la variabilidad de los intervalos RR, medidas en el dominio de la frecuencia, relaciones temporales, variabilidad del ritmo, características en el dominio de la frecuencia y métricas no lineales como la entropía. Esto captura la complejidad e irregularidad del ritmo cardiaco, en la cual podemos ver algunas de las características en la Tabla 1.

Característica	Descripción		
minNN	Intervalo RR mínimo registrado.		
maxNN	Intervalo RR máximo registrado.		
medianNN	Mediana de todos los intervalos RR.		
rangeNN	Rango de intervalos RR.		
skew	Indica si la distribución de intervalos RR.		
kurtosis	Mide qué tan concentrados están los intervalos RR alrededor de la media.		
DCT	Señal en sus componentes de frecuencia con cosenos.		

FFT	Señal en sus componentes de frecuencia.		
MFCC	Coeficientes descriptores de patrones complejos de frecuencia.		
meanNN	Es la media de todos los intervalos RR.		
SDNN	Variabilidad global del ritmo cardiaco.		
RMSSD	Raíz cuadrada de la media de las diferencias al cuadrado entre intervalos RR.		
pNN50	Porcentaje de pares sucesivos de intervalos RR que difieren más de 50 ms		

Tabla 1. Tabla de características para las señales ECG.

Estas características hacen posible entrenar modelos de clasificación más robustos, incluso en señales con distorsiones o ausencia de ondas clave como la onda P en fibrilación auricular, permitiendo así buscar una representación compleja del ECG.

C. Modelos para clasificación

Para la clasificación de señales ECG, se emplean distintos modelos de aprendizaje automático, cada uno con principios y formas de funcionamiento propios.

Algoritmo XGBoost:

Los árboles de decisión, como los que implementa el algoritmo XGBoost, funcionan dividiendo el espacio de características en regiones más específicas mediante reglas binarias. En cada nodo del árbol se realiza una prueba sobre alguna característica y las hojas determinan la clase asignada. Estos modelos destacan por su capacidad para tratar datos heterogéneos, su interpretación relativamente intuitiva y su eficacia en tareas de clasificación multiclase.

XGBoost refuerza el rendimiento de los árboles individuales mediante un enfoque de boosting secuencial, que ajusta los errores residuales de los árboles previos y optimiza una función de pérdida regularizada. Esto permite construir modelos más potentes y con

mejor capacidad de generalización, evitando el sobreajuste [5].

Redes neuronales artificiales (RNA)

Se inspiran en el funcionamiento del cerebro y están formadas por capas de neuronas conectadas que procesan la información a través de funciones de activación no lineales. Un tipo frecuente son los perceptrones multicapa (MLP), donde cada capa oculta combina y abstrae las características de entrada, permitiendo detectar relaciones complejas y patrones morfológicos en los datos. Su gran capacidad para capturar estructuras no lineales y su efectividad para procesar señales fisiológicas complejas como el ECG las hacen muy útiles, especialmente cuando se aplican técnicas de regularización como Relu que evita el problema del gradiente desvanecido y Softmax convierte las salidas en probabilidades y facilita la clasificación multiclase[5].

Máquinas de soporte vectorial (SVM)

Se basan en la teoría del margen máximo buscando identificar el hiperplano que mejor separa las clases en el espacio características. Gracias al uso de funciones núcleo kernels, las SVM pueden modelar relaciones no lineales sin necesidad de transformar los datos de manera explícita. En problemas con más de dos clases, se emplean estrategias como one-vs-rest o one-vs-one para construir múltiples clasificadores binarios que trabajen en conjunto. Estas características hacen que las SVM sean especialmente útiles para conjuntos de datos pequeños o de alta dimensionalidad, gracias a su buena capacidad de generalización y bajo riesgo de sobreajuste. para clasificación automática arritmias[6].

Algoritmo K-means:

Es uno de los algoritmos de aprendizaje no supervisado cuyo objetivo principal es agrupar datos similares en un número fijo de grupos o clústeres, a diferencia de los métodos de clasificación supervisada que requieren datos etiquetados para entrenar el modelo, K-Means se basa únicamente en las características de los datos de entrada. Su funcionamiento se apoya en un proceso iterativo que minimiza la distancia interna entre los puntos de un mismo clúster y su centroide[6].

El procedimiento básico de K-Means incluye los siguientes pasos:

- 1. **Inicialización**: Se eligen aleatoriamente *K* puntos como centroides iniciales.
- Asignación: Cada dato del conjunto se asigna al clúster cuyo centroide esté más cercano, según una métrica de distancia.
- Actualización: Se recalculan los centroides como la media de los puntos asignados a cada clúster.
- Repetición: Los pasos de asignación y actualización se repiten hasta que los centroides se estabilizan o se cumple un criterio de parada.

III. Metodología

A. Datos

Para el desarrollo del proyecto se utilizaron los archivos de las señales de ECG sin filtrar *ECGData.zip*, correspondientes a señales de distintas arritmias[3]. Con estas señales por estudio solo se escogió la derivación II de la señal. Empleamos un análisis para la elección del filtrado. Se inició seleccionando de los datos, dos por arritmia, las cuales fueron: 'SR', 'AFIB', 'AF', 'SA', 'SB', lo cual nos va a permitir posteriormente a través de esa validación aplicarlo arritmias específicas del dataset.

B. Procesamiento de señales

Se aplicaron dos formas de filtrado, los cuales se implementaron y compararon con métricas para encontrar el filtro óptimo, se describen los métodos de la siguiente manera:

<u> Método 1:</u>

Señales filtradas entregadas en la base de datos *ECGDataDenoised.zip*

- Método 2:

- Eliminación de tendencia (Detrend)
- Filtro wavelet adaptado.
- Filtro pasa bajas FIR (50 Hz).

Las cuales se evaluaron con RMSE, ver Ecuación 1, y correlación, ver Ecuación 2, para encontrar el mejor flujo para ser aplicados a todo el dataset, el cual se evaluó el RMSE primero para cuantificar el promedio del error cuadrático entre los valores predichos y los valores reales. Es útil para evaluar la precisión de un modelo de predicción, lo cual si se acerca a un valor de 0 indica un valor de mejor predicción.

$$RMSE = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} (y_i - \widehat{y_i})^2}$$

Donde:

 $y_i = Valor real$

 $\hat{y}_i = Valor predicho$

n = Número total de muestras

Ecuación 1. Medida RMSE.

Para el segundo paso se realizó correlación que mide la fuerza y dirección de la relación lineal entre dos variables.

$$r = \frac{\sum_{i=1}^{n} (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sqrt{\sum_{i=1}^{n} (x_i - \bar{x})^2} \cdot \sqrt{\sum_{i=1}^{n} (y_i - \bar{y})^2}}$$

Ecuación 2. Coeficiente de correlación de Pearson.

El coeficiente r varía entre -1 y 1, siendo 1 la correlación perfecta (morfología idéntica) y -1 la correlación inversa.

C. Selección de arritmias

Se seleccionaron cuatro tipos de ritmo cardíaco a partir del archivo *Diagnostics.xlsx*, considerando criterios de representatividad estadística, importancia clínica y separabilidad fisiológica.

Para evaluar las diferencias entre estas clases, se analizaron variables como la frecuencia ventricular, la frecuencia auricular, la duración del complejo QRS y el intervalo RR. Cada clase quedó representada de forma común para análisis estadístico, las cuales se les aplicó pruebas de normalidad, homocedasticidad, t-students y Mann-whitney. Esta elección permite que la clasificación se base de manera efectiva en aspectos de ritmo, frecuencia y morfología de la señal.

D. Extracción características

Con el objetivo de representar de forma eficiente las señales ECG y facilitar su clasificación, se extrajo un conjunto amplio y diverso de características que describen distintos aspectos de la señal. Estas características se organizaron en tres grandes categorías:

• <u>Características temporales:</u> Incluyen métricas como el SDNN (desviación estándar de los intervalos RR), RMSSD (raíz cuadrada de la media de las diferencias cuadráticas sucesivas) y pNN50 (porcentaje de intervalos RR consecutivos que difieren en más de meanNN (Es la media de todos los intervalos RR), skew (Indica si la distribución de intervalos RR), rangeNN (Rango de intervalos RR), maxNN (Intervalo RR máximo registrado, ladito más lento) y minNN (Intervalo RR mínimo registrado, ladito más rápido)

Estas medidas reflejan la regularidad y fluctuación del ritmo cardiaco.

Características en el dominio de la frecuencia: Se aplicaron transformadas como la Transformada rapida de Fourier (FFT) y la Transformada Discreta del Coseno (DCT), junto con los coeficientes cepstrales en las frecuencias de Mel (MFCC). En este último caso, se extrajeron 6 coeficientes por señal, los cuales resumen de forma compacta la distribución de la energía en distintas bandas de frecuencia.

En total, se obtuvieron 19 características por registro, proporcionando así una representación multidimensional de cada señal para los modelos.

E. Modelos para clasificación

Una vez conformado el conjunto de características, se probaron distintos modelos de aprendizaje automático, tanto supervisados como no supervisados, con el propósito de analizar su capacidad para clasificar las señales ECG de acuerdo con el tipo de arritmia.

Redes neuronales artificiales (RNA)

Se diseñaron y compararon varias arquitecturas de redes neuronales implementadas para evaluar su rendimiento.

1. Modelo base:

Se construyó una red neuronal sencilla compuesta por capas ocultas con activación *ReLU* y una capa de salida con *softmax* para clasificar en categorías. Este modelo se utilizó como línea base para medir las mejoras obtenidas con redes más complejas. Los datos fueron divididos de forma estratificada en 70% entrenamiento y 30% prueba, Ver Código 1. las capas se distribuyeron de esta manera:

MLP simple: Dos capas ocultas de 32 y 64 neuronas.

MLP mediana: Dos capas ocultas de 128, 64 y 32 neuronas.

MLP profundo: tres capas ocultas con 2256, 128, 64 y 32 neuronas.

Todos los modelos fueron entrenados durante 30 épocas, usando el optimizador Adam, y reservando un 30% del conjunto de entrenamiento para validación.

```
# Modelo
    model = models.Sequential()

model.add(layers.Input(shape=(X_train.shap
e[1],)))
    for units in layers_units:
        model.add(layers.Dense(units,
activation='relu'))

model.add(layers.Dense(len(np.unique(y_enc
oded)), activation='softmax'))
```

Código 1. Modelos base con activación *ReLU* y *softmax* en Python.

Algoritmo XGBoost

Algoritmo de aprendizaje automático supervisado basado en árboles de decisión, donde utilizamos *mlogloss* que nos indica que mide el log-loss multinomial para multiclase, ver Código 2.

```
# Modelo XGBoost
model_xgb =
xgb.XGBClassifier(use_label_encoder=False,
eval_metric='mlogloss')
model_xgb.fit(X_train, y_train)
```

Código 2. Modelo XGBoost con mlogloss en Python.

Durante el entrenamiento, XGBoost construye varios árboles secuenciales, donde cada uno corrige los errores del anterior.

Algoritmo K-means

Es uno de los algoritmos de aprendizaje no supervisado cuyo objetivo principal es agrupar datos similares en un número fijo de grupos o *clusters*, en este caso seleccionamos 4, para las cuatro arritmias con un *random state* de 42 que es una semilla para el generador de números aleatorios y con un *init* de 10 que Indica cuántas veces el algoritmo se reinicia con diferentes centroides iniciales, Ver Código 3.

```
# KMeans
kmeans = KMeans(n_clusters=4,
random_state=42, n_init=10)
clusters = kmeans.fit_predict(X_scaled)
```

Código 3. Modelo K-means en Python.

K-Means es sensible a la posición inicial de los centroides, al hacer varias inicializaciones el cual se seleccionó 10, permite elegir la mejor solución.

Máquinas de soporte vectorial (SVM)

Se basan en la teoría del margen máximo buscando identificar el hiperplano que mejor separa las clases en el espacio de características, se seleccionó kernel rbf de función gaussiana que permite relaciones no lineales, luego como manejar la multiclase con one-vs-one utilizando ovo y un parámetro de regularización de c=1, ver Código 4

```
# SVM
svm_model = SVC(kernel='rbf',
decision_function_shape='ovo', C=1,
gamma='scale')
svm_model.fit(X_train, y_train)
```

Código 4. Modelo SVM en Python.

Lo que se busca con esta estrategia es capturar relaciones no lineales complejas presentes en los datos fisiológicos que se encuentren presentes en la señales ECG.

IV. Análisis y resultados

A. Filtrado

Se representa el método de filtrado para ciertas arritmias (prueba) presentadas en el Gráfico 1, el cual irá mostrando de arriba abajo en su orden las señales originales y con los dos filtros para cada par de arritmias. Las cuales se representan por el método 1 de señales ya filtradas de la base de datos y del método 2 con 3 pasos de filtrado.

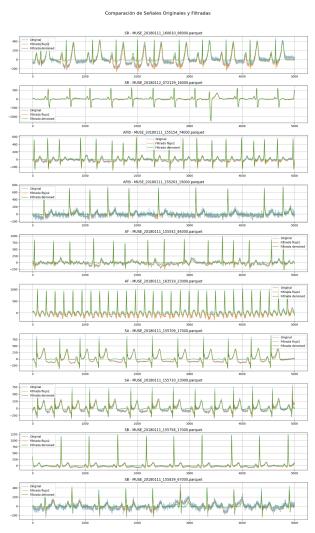


Gráfico 1. Comparación de señales originales y filtradas para las arritmias 'SR', 'AFIB', 'AF', 'SA', 'SB'.

1. Métrica para definir el filtro

Se escogieron 2 métricas clave para evaluar el filtrado de la señal; la primera fue el RMSE,

que básicamente mide cuánto difiere, en promedio, la señal filtrada respecto a la original. Cuanto más bajo este valor, mejor fue la limpieza. La segunda fue la correlación de Pearson, que indica qué tan parecidas son las formas de ambas señales. Si el valor está cerca de 1, significa que la señal filtrada conserva muy bien la forma de la original, ver Tabla 2, el cual mostrará las diferencias y el resultado.

Métricas	AF	AFIB	SA	SR	SB
Correlación Método 1	0.962	0.949	0.932	0.958	0.902
Correlación Método 2	0.982	0.964	0.986	0.988	0.953
RMSE Método 1	58.276	37.871	65.30	40.88	41.86
RMSE Método 2	34.414	26.592	25.61	21.38	24.66

Tabla 2. Métrica de diferencia de RMSE y correlación para elección de mejor filtrado.

Se encuentran mejores métricas en el método 2, el cual se hará un filtrado a el dataset seleccionado.

B. Selección de arritmias

Se seleccionaron las arritmias AF, AFIB, SA, SR, por procesos estadísticos realizados, en sus distribuciones con pruebas paramétricas y no paramétricas para el desarrollo de clasificaciones en los modelos.

C. Extracción de características

Las características obtenidas para las arritmias se hicieron según la Tabla 1, las cuales se extrajeron para las 4 arritmias y se guardaron como un nuevo dataset de características para los modelos de clasificación.

D. Modelos para clasificación

1. Clasificación para cuatro arritmias

Se clasificaron con RNA las cuatro arritmias en tres modelos de la siguiente manera:

MLP simple: Dos capas ocultas de 32 y 64 neuronas, ver Gráfico 2, donde se presenta la matriz de confusión correspondiente al modelo de red neuronal.

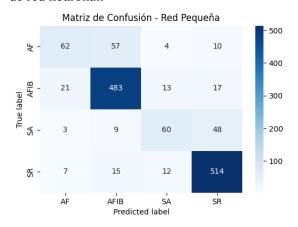


Gráfico 2. Clasificación de arritmias con dos capas ocultas de las arritmias AF, AFIB, SA, SR.

Esta matriz resume el desempeño del modelo sobre los datos de prueba, mostrando la cantidad de predicciones correctas e incorrectas para cada clase. El recall es alto para encontrar los verdaderos positivos por lo que se ve con mejor precisión en las clases AFIB y SR. También podemos ver el reporte de clasificación para cada arritmia en la Tabla 3.

	Precisión	Recall	f1-score	support
AF	0.67	0.47	0.55	133
AFIB	0.86	0.90	0.88	534
SA	0.67	0.50	0.57	120
SR	0.87	0.94	0.90	548

Tabla 3. Reporte de clasificación para red neuronal de dos capas de las arritmias AF, AFIB, SA, SR.

Este clasificador obtuvo un accuracy de 84%, para el f1 score de las arritmias AF y SA logran un rendimiento muy bajo de la clasificación, no siendo esas características suficientes para clasificarlos más acertadamente.

MLP mediana: Tres capas ocultas de 128, 64 y 32 neuronas, ver Gráfico 3, donde se presenta la matriz de confusión correspondiente al modelo de red neuronal.

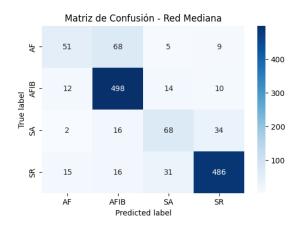


Gráfico 3. Clasificación de arritmias con tres capas ocultas de las arritmias AF, AFIB, SA, SR.

Esta matriz resume el desempeño del modelo sobre los datos de prueba, mostrando la cantidad de predicciones correctas e incorrectas para cada clase. En la cual se ve con mejor precisión en las clases AFIB y SR. También podemos ver el reporte de clasificación para cada arritmia en la Tabla 4.

	Precisión	Recall	f1-score	support
AF	0.64	0.38	0.48	133
AFIB	0.83	0.93	0.88	534
SA	0.58	0.57	0.57	120
SR	0.90	0.89	0.89	548

Tabla 4. Reporte de clasificación para red neuronal de tres capas de las arritmias AF, AFIB, SA, SR.

El clasificador tuvo un accuracy de 83%. Para las clases AF y ESA sigue siendo bajo el fl score, lo que complica las características para determinar una buena clasificación de estas arritmias. Los recall de verdaderos positivos encontrados sigue siendo más alto para las arritmias AFIB y SR, lo que indica que logra

identificar correctamente en una alta tasa de porcentaje.

MLP profundo: Cuatro capas ocultas con 256, 128, 64 y 32 neuronas, ver Gráfico 4, donde se presenta la matriz de confusión correspondiente al modelo de red neuronal.

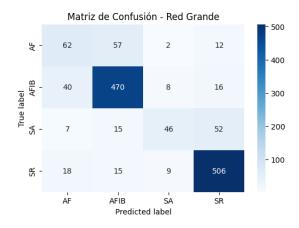


Gráfico 4. Clasificación de arritmias con cuatro capas ocultas de las arritmias AF, AFIB, SA, SR.

Esta matriz resume el desempeño del modelo sobre los datos de prueba, mostrando la cantidad de predicciones correctas e incorrectas para cada clase. En la cual se ve con mejor precisión en las clases AFIB y SR. También podemos ver el reporte de clasificación para cada arritmia en la Tabla 5.

	Precisión	Recall	f1-score	support
AF	0.58	0.47	0.52	133
AFIB	0.86	0.87	0.87	534
SA	0.57	0.61	0.59	120
SR	0.88	0.90	0.89	548

Tabla 5. Reporte de clasificación para red neuronal de cuatro capas de las arritmias AF, AFIB, SA, SR.

Este clasificador tuvo un accuracy de 81%, lo que indica que bajo respecto a los otros clasificadores, esto puede indicar un sobreajuste por lo que el recall bajo respecto a los anteriores dos modelos, lo que implica que

disminuyó en encontrar sus verdaderos positivos, lo que implicó un sesgo en la clasificación por el sobreajuste.

2. Clasificación para dos arritmias

Se clasificaron con RNA las cuatro arritmias en tres modelos de la siguiente manera:

MLP simple: Dos capas ocultas de 32 y 64 neuronas, ver Gráfico 5, donde se presenta la matriz de confusión correspondiente al modelo de red neuronal.

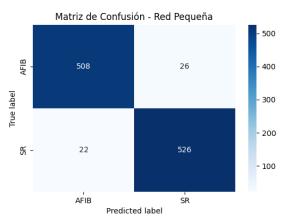


Gráfico 5. Clasificación de arritmias con dos capas ocultas de las arritmias AFIB, SR.

Esta matriz resume el desempeño del modelo sobre los datos de prueba, mostrando la cantidad de predicciones correctas e incorrectas para cada clase. También podemos ver el reporte de clasificación para cada arritmia en la Tabla 6.

	Precisión	Recall	f1-score	support
AFIB	0.96	0.95	0.95	534
SR	0.95	0.96	0.96	548

Tabla 6. Reporte de clasificación para red neuronal de dos capas de las arritmias AFIB, SR.

Para estas arritmias el clasificador tuvo un accuracy del 96%, lo que indica que logró una buena identificación de las características, con un recall para SR de 96%, implica mayor verdaderos positivos para encontrar y clasificar este tipo de arritmia.

MLP mediana: Dos capas ocultas de 128, 64 y 32 neuronas, ver Gráfico 6, donde se presenta la matriz de confusión correspondiente al modelo de red neuronal.

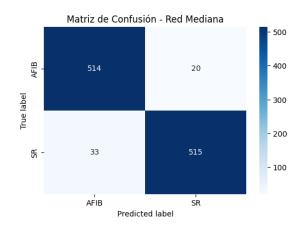


Gráfico 6. Clasificación de arritmias con tres capas ocultas de las arritmias AFIB, SR.

Esta matriz resume el desempeño del modelo sobre los datos de prueba, mostrando la cantidad de predicciones correctas e incorrectas para cada clase. También podemos ver el reporte de clasificación para cada arritmia en la Tabla 7.

	Precisión	Recall	f1-score	support
AFIB	0.94	0.96	0.95	534
SR	0.96	0.94	0.95	548

Tabla 7. Reporte de clasificación para red neuronal de tres capas de las arritmias AFIB, SR.

Se obtuvo un accuracy del 95% igual al de dos capas ocultas, por lo que otra capa oculta no ayudó aumentarlo pero si aumento el recall de verdaderos positivos de AFIB subió un 1% un indicador de que las arritmias se están calificando mejor que el anterior.

MLP profundo: tres capas ocultas con 256, 128, 64 y 32 neuronas, ver Gráfico 7, donde se presenta la matriz de confusión correspondiente al modelo de red neuronal.

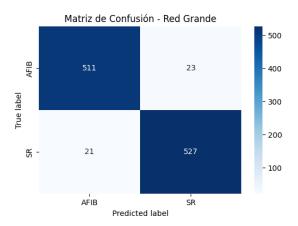


Gráfico 7. Clasificación de arritmias con cuatro capas ocultas de las arritmias AFIB, SR.

Esta matriz resume el desempeño del modelo sobre los datos de prueba, mostrando la cantidad de predicciones correctas e incorrectas para cada clase. También podemos ver el reporte de clasificación para cada arritmia en la Tabla 8.

	Precisión	Recall	f1-score	support
AFIB	0.96	0.96	0.96	534
SR	0.96	0.96	0.96	548

Tabla 8. Reporte de clasificación para red neuronal de cuatro capas de las arritmias AFIB, SR.

Este clasificador logró un 96% en el accuracy, lo que indica que entre más capas ocultas logro poder coger esas características y clasificarlas mejor, tanto para las dos arritmias de manera simultánea, el recall se establece igual para los dos y de un buen porcentaje para la clasificación de verdaderos positivos de las arritmias.

3. Algoritmo XGBoost

Clasificamos las cuatro arritmias para la clasificación multiclase, en el Gráfico 8, se visualiza la matriz de confusión y los aciertos que tiene mayores en las arritmias AFIB y SR. Este patrón de precisión uniforme refleja la capacidad del modelo para capturar patrones específicos de cada arritmia sin comprometer

la generalización entre clases. En la Tabla 9, se ve el reporte del clasificador.

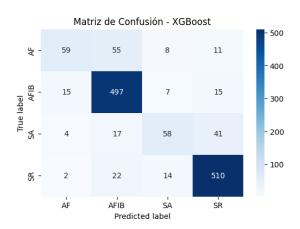


Gráfico 8. Clasificación XGBoost de las arritmias AF, AFIB, SA, SR.

	Precisión	Recall	f1-score	support
AF	0.74	0.44	0.55	133
AFIB	0.84	0.93	0.88	534
SA	0.67	0.48	0.56	120
SR	0.88	0.93	0.91	548

Tabla 9. Reporte de clasificación XGBoost de las arritmias AF, AFIB, SA, SR.

El modelo logra una alta capacidad de discriminación en las clases SR (ritmo sinusal) y AFIB (fibrilación auricular), con valores de recall de 0.93 y f1-score superiores a 0.88, lo que indica que casi todos los registros de estas clases se identificaron correctamente. Por otro lado, las clases AF y SE presentan menor desempeño, especialmente en recall (0.44 y 0.48 respectivamente), reflejando que el modelo tiende a confundirlas con clases morfológicamente parecidas, mientras que la media ponderada (weighted avg), que considera el tamaño de cada clase, fue de 0.83, lo que confirma que el modelo mantiene un rendimiento robusto a pesar del desbalance en el número de registros por clase.

4. Algoritmo K-means

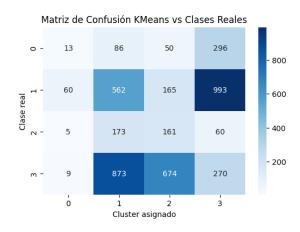


Gráfico 9. Clasificación K-means de las arritmias AF, AFIB, SA, SR.

En el modelo no supervisado se obtuvo un accuracy 45%, reflejando una alta dificultad del algoritmo para agrupar correctamente las señales ECG según las clases reales de arritmia, ver Gráfico 9, tal como muestra la matriz de confusión, existe una marcada dispersión de las muestras verdaderas en múltiples clusters: AF (0), AFIB(1), SA(2), SR(3).

Esto indica que KMeans, al no contar con información de las etiquetas durante el entrenamiento, tiende a agrupar muestras según patrones estadísticos generales que no necesariamente corresponden a las categorías clínicas reales, provocando una mezcla considerable entre distintas arritmias. Estos resultados confirman que, para tareas de clasificación ECG con estructuras complejas y clases similares morfológicamente, los métodos no supervisados como KMeans presentan limitaciones importantes frente a modelos supervisados más específicos.

5. Máquinas de soporte vectorial (SVM)

En el análisis de desempeño del modelo SVM para clasificación multiclase, se observa en el Gráfico 10 la matriz de confusión generada tras el entrenamiento del modelo con kernel ajustado y estrategia one-vs-one. El reporte se puede encontrar en la Tabla 10.

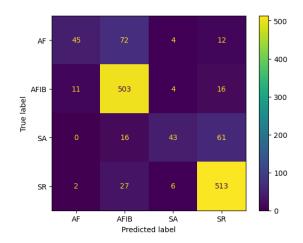


Gráfico 10. Clasificación SVM de las arritmias AF, AFIB, SA, SR.

	Precisión	Recall	f1-score	support
AF	0.78	0.34	0.47	133
AFIB	0.81	0.94	0.87	534
SA	0.75	0.36	0.49	120
SR	0.85	0.94	0.89	548

Tabla 10. Reporte de clasificación SVM de las arritmias AF, AFIB, SA, SR.

Los resultados del modelo SVM multiclase evidencian un desempeño global adecuado, con una accuracy del 83% sobre el conjunto de pruebas. Las clases con mayor representación, AFIB y SR, alcanzaron valores elevados tanto en recall (0.94) como en f1-score (0.87 y 0.89, respectivamente), lo que indica que el modelo identifica correctamente la mayoría de sus registros y mantiene un buen equilibrio en precisión, mientras que la media ponderada (weighted avg) alcanzó 0.81 gracias al mejor desempeño en las clases más numerosas.

6. Comparación de mejor clasificador En el diagrama 1. se evidencia el mejor modelo clasificador para las arritmias.

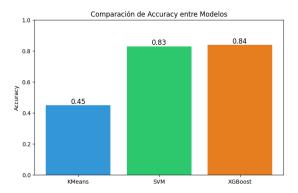


Diagrama 1. Porcentaje de accuracy de clasificadores.

Siendo el mejor XGBoost como el mejor clasificador multiclase con un accuracy del 84%

V. Discusión

Los resultados obtenidos muestran que el modelo XGBoost superó en precisión global a las redes neuronales multicapa, las máquinas de soporte vectorial (SVM) y el agrupamiento no supervisado K-Means para la clasificación automática de los ritmos SA, AFIB, AF y SR a partir de señales ECG. Este hallazgo se alinea con lo reportado por X. Zhang et al. [7], evaluaron varios algoritmos quienes machine learning y encontraron que los métodos basados en árboles de decisión potenciados, como XGBoost, ofrecían mejor conjuntos rendimiento en de desequilibrados y con alta dimensionalidad, gracias a su capacidad para ponderar la importancia relativa de cada característica y reducir el sobreajuste mediante regularización.

Las redes neuronales multicapa demostraron ser particularmente efectivas para aprender patrones morfológicos complejos y no lineales presentes en señales ECG, como los descritos en la fibrilación auricular. Según lo documentado por A. Hannun et al. [8], modelos profundos pueden alcanzar niveles de precisión cercanos al experto clínico, siempre que cuenten con un volumen considerable de datos etiquetados.

Por su parte, el clasificador SVM, que busca maximizar el margen entre clases, mostró un buen desempeño en términos de precisión y f1-score, especialmente para las clases más representadas (AFIB y SR). No obstante, tuvo dificultades mayores para capturar variabilidad presente en las clases minoritarias (SA y AF), lo cual también ha sido reportado en estudios previos[7]. En conjunto, los resultados confirman que los métodos basados en ensambles como XGBoost pueden ser más robustos frente a desequilibrios dimensionalidad alta; mientras que las redes neuronales resultan más adecuadas cuando se dispone de grandes bases de datos y se busca capturar relaciones morfológicas complejas.

VI. Conclusiones

XGBoost demostró ser el modelo con mejor desempeño global para la clasificación automática de los ritmos cardíacos SA, AFIB, AF y SR, gracias a su capacidad de manejar datos de alta dimensionalidad y desequilibrio entre clases, alcanzando una precisión superior frente a redes neuronales y SVM.

Las redes neuronales multicapa (MLP) lograron capturar patrones morfológicos complejos presentes en las señales ECG, mostrando un buen rendimiento especialmente en clases frecuentes, se vio limitada por el tamaño reducido del conjunto de datos y el riesgo de sobreajuste.

El uso complementario de métodos supervisados y no supervisados (como SVM y K-Means) permitió validar la separabilidad de las clases y reforzó la interpretación clínica de los resultados, destacando la importancia de combinar distintas técnicas para mejorar la robustez de los sistemas de clasificación de arritmias.

Referencias

[1] K. Yakut, E. D. Bolat y H. Efe, "K-Means Clustering Algorithm Based Arrhythmic Heart Beat Detection in ECG Signal," *Balkan Journal of Electrical and Computer Engineering*, vol. 9, no. 1, pp. 53–61, ene. 2021. doi: 10.17694/bajece.814473

- [2] X. Zhang, J. Wei, M. Qi y C. Liu, "Heartbeat Classification Using XGBoost and Convolutional Neural Network," *IEEE Access*, vol. 8, pp. 126138–126145, 2020. doi: 10.1109/ACCESS.2020.3007795
- [3] S. D. Greenwald, T. Patton, K. A. Roberts y B. S. Greenwald, "Optimal multi-stage arrhythmia classification approach," *Scientific Reports*, vol. 10, no. 1, p. 19110, 2020. doi: 10.1038/s41598-020-59821-7
- [4] C. L. Herry, M. Frasch, A. J. E. Seely y H.-t. Wu, "Heart beat classification from single-lead ECG using the Synchrosqueezing Transform," arXiv, oct. 2015, precursora de un SVM con transformada av el soporte vectorial para distinguir ritmos cardíacos.
- [5] K. S. Rajani Kumari, Y. Naaz y Y. P. Sai, "A Review on Arrhythmia Classification Using ECG Signals," in *IEEE SCEECS*, Bhopal, India, feb. 2020.
- [6] D. Khan, J. Forbes, I. Postlethwaite y N. S. Turetsky, "Model identification using flight data from one sortie using ARX, ARMAX, Output Error, Box-Jenkins and NARMAX structures," *Processes*, vol. 10, no. 7, p. 1236, 2022. *No es ECG, pero muestra la relevancia del modelo OE en sistemas biomédicos*. doi:10.3390/pr10071236
- [7] X. Zhang, J. Wei, M. Qi y C. Liu, "Heartbeat Classification Using XGBoost and Convolutional Neural Network," *IEEE Access*, vol. 8, pp. 126138–126145, 2020. doi: 10.1109/ACCESS.2020.3007795
- [8] A. Hannun *et al.*, "Cardiologist-Level Arrhythmia Detection with Convolutional Neural Networks," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 67, no. 3, pp. 876–885, 2020. doi: 10.1109/TBME.2019.2946928