

UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO PROGRAMA DE MAESTRÍA Y DOCTORADO EN INGENIERÍA DOCTORADO EN INGENIERÍA ELÉCTRICA – PROCESAMIENTO DIGITAL DE SEÑALES

APRENDIZAJE AUTOMÁTICO Y PROFUNDO ENFOCADO AL ANÁLISIS DE BIOSEÑALES: APOYO AL DIAGNÓSTICO CLÍNICO

TESIS QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE: DOCTOR EN INGENIERÍA

PRESENTA: M.Ing. JONATHAN ROBERTO TORRES CASTILLO

TUTOR PRINCIPAL: DR. MIGUEL ÁNGEL PADILLA CASTAÑEDA, ICAT, UNAM COMITÉ TUTOR: DR. BORIS ESCALANTE RAMÍREZ, FACULTAD DE INGENIARÍA, UNAM DR. CALEB ANTONIO RASCÓN ESTEBANÉ, IIMAS, UNAM

Ciudad universitaria, CD. MX. 2022



Universidad Nacional Autónoma de México



UNAM – Dirección General de Bibliotecas Tesis Digitales Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS © PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

JURADO ASIGNADO

- Presidente: DR. ESCALANTE RAMÍREZ BORIS, FACULTAD DE INGENIERÍA
- Secretario: DR. RASCÓN ESTEBANÉ CALEB A., IIMAS
- 1er. Vocal: DR. PADILLA CASTAÑEDA MIGUEL A., ICAT
- 2do. Vocal: DR. FUENTES PINEDA GIBRAN, IIMAS
- 3er. Vocal DR. FOSSION RUBEN YVAN MAARTEN, INSTITUTO DE CIENCIAS NU-CLEARES

UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO, CIUDAD UNIVERSITARIA, CD. MX. MÉXICO

TUTOR DE TESIS: DR. PADILLA CASTAÑEDA MIGUEL A., ICAT

FIRMA

A mi hija Gabi que es mi motor de vida y mi verdadera razón de vivir, a mi familia y a Karen mi compañera de aventuras. Especialmente dedico este logro a mi viejo querido, se que donde sea que estés vas a estar siempre orgulloso. ¡Te extraño Pa!

Agradecimientos

Esta investigación no hubiera sido posible sin la inestimable ayuda de mi tutor de tesis, el Dr. Miguel Ángel Padilla Castañeda, capaz de encauzarme y dirigirme en la consecución de la misma, argumentando todos los puntos que la componen de forma correcta y a la vez concisa. Le agradezco la confianza depositada en mí ya que me ha servido para lograr una gran motivación, ayudándome a continuar en los momentos más difíciles, enriqueciéndome con conocimientos a lo largo de este emocionante periodo.

Un sentimiento especial de agradecimiento a mi padre que es mi ejemplo de vida, aun recuerdo sus palabras de aliento y empuje, siempre las llevare en mi mente y corazón con la misma tenacidad para seguir adelante. A mi madre por su infinito amor, cariño, comprensión y apoyo, por soportar estos meses lejos de ella, por acompañarme en los buenos y malos momentos y sobre todo por ayudarme a que este momento llegara. A mis hermanos les agradezco porque nunca han dejado de estar a mi lado. Son muy especiales para mí.

Agradezco a mi compañera de vida por su desinteresada ayuda, por brindarme su tiempo cuando siempre lo necesité, por aportar considerablemente en este proyecto y en toda mi vida.

Quiero agradecer a mis asesores de tesis el Dr. Boris Escalante y el Dr. Caleb Rascón que me brindaron los conocimientos y las enseñanzas que me han ayudado a alcanzar mis metas profesionales, agradezco su apoyo para concluir con este trabajo de una manera exitosa.

Finalmente quiero agradecer a la UNAM por la asignación y financiación a través del proyecto DGAPA-PAPIIT TA100920. Además de agradecer a CONACYT-México y UNAM-PAEP por el apoyo recibido para llevar a cabo mis estudios de doctorado. Parte de la investigación que generó uno de los productos presentados en este documento, fue desarrollado parcialmente en la Supercomputadora Miztli-UNAM y las instalaciones tecnológicas de la UNAM.

Resumen

Las bioseñales son una fuente importante de información del estado de salud del cuerpo humano, por lo que siempre serán usadas en el ámbito clínico para diagnosticar diferentes enfermedades. Las enfermedades que representan estadísticamente alta mortalidad y alto gasto público, son las enfermedades cardiacas y las enfermedades neuromusculares (ENM). Las bioseñales eléctricas electrocardiográficas (ECG) y electromiográficas (EMG) son las técnicas clínicas estándar utilizadas para su diagnóstico. Sin embargo, los métodos clínicos actuales de evaluación de bioseñales por inspección visual y auditiva, dependientes de la experiencia del clínico, no son capaces de identificar y cuantificar patrones anómalos complejos superpuestos. A su vez, los algoritmos de interpretación de ECG y EMG todavía muestran tasas sustanciales de diagnóstico erróneo.

Por lo que, esta tesis tuvo como motivación investigar y desarrollar algoritmos de análisis de patrones mediante técnicas basadas en análisis tiempo-frecuencia, y algoritmos de aprendizaje automático (ML) y aprendizaje profundo (DL), que permitieran el análisis de señales EMG y señales ECG enfocados en la detección de patrones anómalos complejos, en pacientes con posible presencia concomitante de neuropatías y miopatías motoras usando EMG, y en pacientes con diferentes tipos de enfermedades cardiacas (EC) usando ECG. Este estudio se realizó en conjunto entre la Unidad de Investigación y Desarrollo Tecnológico (UIDT) del ICAT en el Hospital General de México "Dr. Eduardo Liceaga", la Unidad de Medicina Física y Rehabilitación del HGM y el Instituto Nacional de Cardiología.

La primera contribución es el desarrollo final de un sistema de análisis cuantitativo de señales EMG para la detección automática de enfermedades neuromusculares. El método descompone cada señal EMG en sub-bandas y extrae características de tiempo-frecuencia utilizando la transformada de Hilbert-Huang. Usa análisis estadístico no paramétrico y el análisis discriminante lineal no correlacionado (ULDA, por su significado en inglés) para reducir la dimensionalidad de estas características, que son usadas como predictores en el entrenamiento de clasificadores como LDA, TREE y KNN. Se implementaron cinco métodos de descomposición: descomposición empírica de modos (EMD), ensemble EMD (EEMD), EEMD complementaria (CEEMD), transformada wavelet empírica (EWT) y descomposición variacional de modos (VMD). Los mejores resultados se obtuvieron utilizando EEMD con el clasificador KNN con una precisión del 99.5 %. Una sensibilidad del 99.6 % para detección de neuropatía y del 98.8 % miopatías. Una especificidad del 99.2 % y un valor predictivo positivo del 99.6 %. Este estudio superó el estado del arte en la clasificación de trastornos neuromusculares.

Para un análisis exhaustivo y preciso de las señales EMG intramusculares se desarrolló un detector de potenciales de acción de unidad motora (PAUMs) en una señal EMG, esta basado en cuatro etapas; preprocesamiento, calculo del operador de energía (MTEO, por su significado en inglés), suavizado de la señal y selección del umbral estadístico. Y se compara la efectividad frente a diferentes técnicas utilizando dos métricas de evaluación: puntaje F1 y precisión. Se comprueba que usar este operador que se ajusta a la variabilidad en frecuencia de la señal permite detectar formas de onda características de cada ENM con gran precisión.

Se ha comprobado la escalabilidad de los métodos desarrollados anteriormente en señales EMG, para ser usados en señales ECG con el fin de detectar de manera automática latidos cardiacos. Se demuestra su utilidad aumentando la efectividad en la detección de latidos cardiacos anormales con baja amplitud.

Adicionalmente, se presenta el desarrollo de un sistema de clasificación automático de EC usando técnicas de DL, superando la efectividad en el estado del arte. Para eso, se desarrolló un método automatizado de reconocimiento de patrones para detectar 25 arritmias cardíacas (ACs) diferentes y el tipo de ritmo sinusal normal. Se evaluó la importancia que tiene cada una de las 12 derivaciones de un ECG. Se empleó un modelo de red neuronal recurrente convolucional bidimensional (2D-CRNN) utilizando imágenes de datos sin procesar y espectrogramas de la señal. Se creó un método de cuatro pasos, el cual consiste en: 1. Preprocesamiento. Los datos se filtraron y se completaron o se completaron para que tenían la misma longitud. 2. Representación. Se obtuvieron dos conjuntos de imágenes, uno con la serie temporal y la otra con espectrogramas a través de Wavelet Synchrosqueezing (WS). 3. Extracción de características. Se eligió una red CNN para obtener características relevantes de las imágenes; Estos se colocaron en un vector para alimentar una red neuronal recurrente. 4. Clasificación. Se usó una capa completamente conectada para clasificar las señales. Se ejecutó un método de validación cruzada de 10 veces (VC). Como resultado, esta arquitectura muestra una puntuación promedio F1-Score de 0.826. El modelo 2D-CRNN presenta un rendimiento promedio de precisión frente a otros modelos, resaltando el uso novedoso de espectrogramas junto a CNN que optimiza el tiempo de entrenamiento sin disminuir la eficiencia.

Con estos resultados se muestra que la presente propuesta permite mejorar la capacidad de detectar ENM y EC de manera más precisa y efectiva, lo que permitirá mejorar la asignación de tratamientos médicos específicos más apropiados.

Palabras clave: Enfermedades cardiacas; Desordenes neuromusculares; Señales EMG;

Señales ECG; Análisis tiempo-frecuencia de Bioseñales; Aprendizaje automático: Aprendizaje profundo.

Abstract

Biosignals are an important source of information on the state of health of the human body, so they will always be used in the clinical setting to diagnose different diseases. Diseases that represent statistically high mortality and high public expenditure are heart disease and neuromuscular diseases (NMD). Electrocardiographic (ECG) and electromyographic (EMG) electrical biosignals are the standard clinical techniques used for their diagnosis. However, current clinical methods of evaluating biosignals by visual and auditory inspection, dependent on the clinician's experience, are not capable of identifying and quantifying complex overlapping abnormal patterns. In turn, ECG and EMG interpretation algorithms still show substantial rates of misdiagnosis.

Therefore, the motivation of this thesis was to investigate and develop pattern analysis algorithms using techniques based on time-frequency analysis, and machine learning (ML) and deep learning (DL) algorithms, allowing the analysis of EMG and ECG signals focused on the detection of complex anomalous patterns, in patients with possible concomitant presence of neuropathies and motor myopathies using EMG, and in patients with different types of cardiac diseases (CD) using ECG. This study was conducted jointly by the ICAT Research and Technological Development Unit (UIDT) at the General Hospital of Mexico "Dr. Eduardo Liceaga", the Physical Medicine and Rehabilitation Unit of the MGH, and the National Institute of Cardiology.

The first contribution is the final development of a system for quantitative analysis of EMG signals for the automatic detection of neuromuscular diseases. The method decomposes each EMG signal into sub-bands and extracts time-frequency characteristics using the Hilbert-Huang transform. It uses nonparametric statistical analysis and uncorrelated linear discriminant analysis (ULDA) to reduce the dimensionality of these features, which are used as predictors in the training of classifiers such as LDA, TREE, and KNN. Five decomposition methods were implemented: empirical mode decomposition (EMD), ensemble EMD (EEMD), complementary EEMD (CEEMD), empirical wavelet transform (EWT), and variational mode decomposition (VMD). The best results were obtained using EEMD with the KNN classifier with an accuracy of 99.5 %. A sensitivity of 99.6 % for neuropathy detection and 98.8 % for myopathy detection. A specificity of 99.2 % and a positive predictive value of 99.6 %. This study surpassed the state of the art in the classification of neuromuscular disorders.

For an exhaustive and accurate analysis of intramuscular EMG signals, a detector of motor unit action potentials (MUMPs) in an EMG signal was developed based on four stages; preprocessing, calculation of the energy operator (MTEO), signal smoothing, and

selection of the statistical threshold. And it compares the effectiveness against different techniques using two evaluation metrics: F1 score and accuracy. It is proved that using this operator that adjusts to the frequency variability of the signal allows the detection of characteristic waveforms of each ENM with high accuracy.

The scalability of the methods previously developed in EMG signals has been proved, to be used in ECG signals to automatically detect heartbeats. Their usefulness is demonstrated by increasing the effectiveness in detecting abnormal heartbeats with low amplitude.

Additionally, the development of an automatic EC classification system using DL techniques is presented, surpassing the effectiveness in the state of the art. For that, an automated pattern recognition method was developed to detect 25 different cardiac arrhythmias (CAs) and the type of normal sinus rhythm. The significance of each of the 12 leads of an ECG was evaluated. A two-dimensional convolutional recurrent neural network (2D-CRNN) model was employed using raw data images and spectrograms of the signal. A four-step method was created, which consists of **1.** Preprocessing. The data were filtered and either filled in or filled in so that they were of equal length. **Representation.** Two sets of images were obtained, one with the time series and the other with spectrograms through Wavelet Synchrosqueezing (WS). 3. Feature extraction A CNN network was chosen to obtain relevant features from the images; These were placed in a vector to feed a recurrent neural network. 4. Classification. A fully connected layer was used to classify the signals. A 10-fold cross-validation (VC) method was run. As a result, this architecture shows an average F1-Score of 0.84. The 2D-CRNN model presents an average accuracy performance against other models, highlighting the novel use of spectrograms together with CNN that optimizes training time without decreasing efficiency.

These results show that the present proposal improves the ability to detect ENM and EC more accurately and effectively, which will improve the assignment of more appropriate specific medical treatments.

Keywords: Cardiac diseases; Neuromuscular disorders; EMG signals; ECG signals; Biosignal time-frequency analysis; Machine learning: Deep learning.)

Lista de Figuras

Adquisición de una señal EMG	10
Formación de un Potencial de Acción de Unidad Motora y sus componentes.	11
Señal ECG y sus componentes.	12
Diagrama sobre los modelos de aprendizaje	13
Tipos de aprendizaje automático	15
Representación de tres algoritmos de clasificación dentro del AA	16
Esquema de redes neuronales	19
Efectos de trastornos neuromusculares en las unidades motoras y fibras	
musculares.	25
Metodología propuesta para la construcción del sistema clasificador de	
senales EMG.	28
Histograma del numero de senales por musculo registrado en la base de	20
	29
Senar EMG intrada	31
Descomposición de una senar EMG en sus 13 FMI_i , $i = 1, 2,, 13$ y en residuo r_m usando el algoritmo EEMD	34
Comparación de la precisión de detección de ENM utilizando diferentes	
métodos de clasificación $\ldots \ldots \ldots$	39
Índices clínicos en cada una de las pruebas realizadas en la validación cruzada	42
Morfología de la señal EMG descompuesta en sus TPAUMs	44
Sistema propuesto para la detección de PAUMs	44
Señal final filtrada para el tratamiento de señales EMG con el algoritmo	
de detección de picos	45
Algoritmo de implementación MTEO	47
Métodos de alineación: a) Segmentos deformados b) Alineación de extremo	
global c) Alineación MTEO paso 1 d) Alineación MTEO paso 2	48
Detección y segmentación de una señal EMG de un sujeto normal con el	
método propuesto. A) Plantillas de los PAUMs detectados en la señal. B)	
Señal preprocesada. C) Patrón de disparo de las UM	48
	$\label{eq:resonance} \begin{tabular}{lllllllllllllllllllllllllllllllllll$

4-7. 4-8.	Detección y segmentación de una señal EMG de un sujeto con ELA con el método propuesto. A) Plantillas de los PAUMs detectados en la señal. B) Señal preprocesada. C) Patrón de disparo de las UM	49 50
5-1. 5-2.	Efectos del operador KTEO sobre una señal ECG	53
5-3 .	kins	$\frac{56}{57}$
6-1. 6-2. 6-3. 6-4.	Diagrama esquemático del ECG de 12 derivaciones	59 61 64 66
A-1	Señales características para un ritmo sinusal normal (NSR) o paciente sin enfermedad cardiaca identificada.	74
A-2.	Señales puras de la enfermedad cardiaca Bloqueo de rama derecha identi- ficada como RBBB en el ámbito clínico.	75
A-3. A-4.	Senales características de una fibrilación auricular (AF) identificada Señales características para latidos ectópicos ventriculares (VEB - PVC) identificados	76
A-5. A-6.	Señales características para depresión del segmento ST (STD) identificado. Señales características para un Bloqueo de rama izquierda (LBBB) identi-	78
A-7 .	ficado	79
A-8.	cado	80 81
A - Y		

Lista de Tablas

2-1 .	Parámetros estadísticos para validar un clasificador de ENM	23
3-1. 3-2.	Demografía de la base de datos de señales EMG (BD-EMG) Matriz de confusión obtenida promediando los resultados de clasificación de las 30 pruebas ($\mu \pm \sigma$) y sus métricas clínicas del mejor clasificador usando EEMD-HT, ULDA y KNN	28 40
5-1 .	ECG-1Lead: Base de datos de señales ECG de una derivación con anota- ciones de latidos anormales.	55
6-1. 6-2.	Demografía base de datos ECG-12 leads	62
	tamaño de lotes	67

Contenido

	Agra	adecim	ientos	VII
	Resi	umen		IX
	Lista	a de sír	nbolos	xx
1.	Intro	oduccić	ón	1
	1.1.	Motiva	ación y retos	1
	1.2.	Investi	igaciones relacionadas	2
	1.3.	Objeti	WO	4
	1.4.	Hipóte	esis	4
	1.5.	Contri	bución	5
	1.6.	Public	aciones	6
2.	Ante	eceden	tes y definiciones	9
	2.1.	Bioseñ	$ales \ldots \ldots$	9
		2.1.1.	Señales electromiográficas	10
			2.1.1.1. Potenciales de Acción de Unidad Motora	11
		2.1.2.	Señales electrocardiográficas	11
	2.2.	Intelig	encia Artificial	12
		2.2.1.	Aprendizaje automático	14
			2.2.1.1. Preprocesamiento de bioseñales	15
			2.2.1.2. Extracción y reducción de características	16
	2.3.	Creaci	ón o entrenamiento de modelos supervisados y no supervisados $\ . \ .$	17
		2.3.1.	Árboles de decisión	17
		2.3.2.	Análisis Discriminante Lineal	18
		2.3.3.	K-vecinos más cercanos	18
		2.3.4.	Redes neuronales artificiales	19
		2.3.5.	Aprendizaje profundo	20
			2.3.5.1. Long Short Term Memory (LSTM)	20
			2.3.5.2. Bidirectional Long Short Term Memor (BiLSTM)	21
	2.4.	Medid	as de rendimiento	21

 3.1. Introducción	24 25
 3.2. Electromiografía cuantitativa 3.3. Clasificación de ENM	25
 3.3. Clasificación de ENM	
 3.3.1. Metodología	27
 3.3.2. Base de datos BD-EMG: Señales EMG de sujetos con ENM 3.3.3. Preprocesamiento de bioseñales EMG	27
 3.3.3. Preprocesamiento de bioseñales EMG	27
 3.3.4. Métodos de descomposición	30
 3.3.5. Extracción, selección y reducción de características	32
3.3.5.1. Extracción de características con la transformada de Hilbert 3.3.5.2. Reducción de características 3.3.6. Entrenamiento y clasificación 3.4. Resultados y productos obtenidos 3.5. Conclusiones 3.5. Conclusiones 4. Detección de Potenciales de Accion de Unidades Motoras (PAUMs) 4.1. Introducción 4.2. Metodología 4.2.1. Cálculo del operador de energía <i>Teager</i> 4.2.2. Umbral estadístico 4.2.3. Alineación y agrupamiento 4.4. Conclusiones 5. Enfermedades del corazón: Detección de latidos cardiacos	33
3.3.5.2. Reducción de características 3.3.6. Entrenamiento y clasificación 3.4. Resultados y productos obtenidos 3.5. Conclusiones 3.5. Conclusiones 4. Detección de Potenciales de Accion de Unidades Motoras (PAUMs) 4.1. Introducción 4.2. Metodología 4.2.1. Cálculo del operador de energía Teager 4.2.2. Umbral estadístico 4.2.3. Alineación y agrupamiento 4.4. Conclusiones 5. Enfermedades del corazón: Detección de latidos cardiacos 5.1 Introducción	34
3.3.6. Entrenamiento y clasificación	36
 3.4. Resultados y productos obtenidos	37
 3.5. Conclusiones	38
 4. Detección de Potenciales de Accion de Unidades Motoras (PAUMs) Introducción Metodología Metodología Cálculo del operador de energía <i>Teager</i> Cálculo del operador de energía <i>Teager</i> Umbral estadístico Alineación y agrupamiento Alineación y agrupamiento 5. Enfermedades del corazón: Detección de latidos cardiacos Introducción 	41
 4. Detección de Potenciales de Accion de Unidades Motoras (PAUMs) Introducción Metodología Metodología Cálculo del operador de energía <i>Teager</i> Cálculo del operador de energía <i>Teager</i> Umbral estadístico Alineación y agrupamiento 4.3. Resultados y productos obtenidos Conclusiones Detección de latidos cardiacos Introducción 	
 4.1. Introducción	43
 4.2. Metodología	43
 4.2.1. Cálculo del operador de energía <i>Teager</i>	43
 4.2.2. Umbral estadístico	46
 4.2.3. Alineación y agrupamiento	46
 4.3. Resultados y productos obtenidos	47
 4.4. Conclusiones	47
5. Enfermedades del corazón: Detección de latidos cardiacos	50
5.1 Introducción	52
J.1. III010UUCCI0II	52
5.2. Metodología	53
5.2.1. Base de datos ECG-1Lead (Detección de latidos cardiacos)	54
5.3. Resultados y discusión	54
5.4. Conclusiones	56
6. Clasificación de enfermedades cardiacas usando ECG de 12 derivaciones	58
6.1. Introducción	58
6.2. Estado del arte	59
6.3. ECG-12 derivaciones: Base de datos con señales ECG de 12 derivaciones .	60
6.4. Metodología	61
6.4.1. Preprocesamiento de las señales	63
6.4.2. Representación bidimensional	63
6.4.2.1. Transformación Wavelet Sincronizada	63
6.4.3. Modelo de aprendizaje profundo	65

	6.5. Resultados y productos obtenidos	67
7.	Conclusiones y trabajo futuro	69
Α.	Anexo: Gráficas de señales EMG de 12 derivaciones provenientes de sujetos	73
	Bibliografía	83
	Referencias	83

Lista de símbolos

Abreviaturas

Abreviatura	Término
IA	Inteligencia artificial
$\mathbf{A}\mathbf{A}$	Aprendizaje automático
\mathbf{AP}	Aprendizaje profundo
\mathbf{RNA}	Redes neuronales artificiales
ACC	Exactitud
\mathbf{ELA}	Esclerosis lateral amiotrófica
$\mathbf{A}\mathbf{M}$	Modulación de amplitud
AMN	Sujetos con ALS, con miopatía y sujetos normales
ANN	Red neuronal artificial
BAM	Ancho de banda de la modulación de amplitud
\mathbf{BFM}	Ancho de banda de la modulación de frecuencia
CaR	Característica
CPC	Cruces por cero
\mathbf{CPS}	Cambios en la pendiente de la señal
\mathbf{CR}	Coeficientes auto-regresivos
\mathbf{DEP}_{PEAK}	Valor pico de la DEP con el metodo Welch
DEP	Densidad espectral de potencia
\mathbf{DTW}	Trasnformación discreta de wavelet
EEMD	Descomposición empírica de modos por conjuntos
\mathbf{ELA}	Esclerosis lateral amiotrófica
EMD	Descomposición empírica de modos
EMG	Electromiografía
EMGC	Electromiografía cuantitativa
ENM	Enfermedad neuromuscular
\mathbf{ES}	Especificidad
\mathbf{FM}	Modulación de frecuencia
\mathbf{FMIs}	Funciones de modo intrínseco
\mathbf{FN}	Falso-Negativo

Abreviatura	Término
FP	Falso-Positivo
KNN	k-vecino más cercano
\mathbf{LB}	Línea base
LDA	Análisis discriminante lineal
LFO	Longitud formal de onda
\mathbf{ME}_{DEP}	Momento Espectral de la Densidad Espectral de Potencia
MFI	Media de la FI

1. Introducción

La medicina moderna se ha caracterizado por hacer uso del método científico para diagnosticar enfermedades en el hombre. Una de las herramientas ampliamente utilizadas en la actualidad para realizar un diagnóstico clínico y hacer seguimiento de la salud del individuo, es la medición y análisis de las bioseñales emitidas por el cuerpo humano. Son consideradas como bioseñales las medidas variables en el tiempo de los procesos del cuerpo humano, como la actividad cerebral, el ritmo cardíaco, la presión arterial, los movimientos musculares y oculares, y la aceleración de la marcha. El estudio y entendimiento de estas señales ha tomado relevancia en los últimos años, debido a su poder e importancia en el diagnóstico de enfermedades raras, que representan alta mortalidad y gasto público en el sistema de salud a nivel mundial. Por lo que, es de suma importancia desarrollar herramientas o sistemas que permitan procesar de manera rápida y eficiente estas bioseñales y evaluar el estado de salud actual de un paciente. Lo que permitiría comprender mejor el estado fisiológico del individuo, de modo que puedan aplicarse rápidamente los tratamientos adecuados, salvando vidas y reduciendo costos.

1.1. Motivación y retos

Entre las enfermedades que representan estadísticamente, alta mortalidad, inmovilidad y un alto costo en el diagnóstico, y tratamiento para los sistemas de salud en el mundo, se encuentran las enfermedades del corazón (alta mortalidad) y enfermedades neuromusculares como las neuropatías y miopatías (inmovilidad, alto gasto público en diagnóstico y tratamiento) (Srinivasan y Schilling, 2018; Iolascon y cols., 2019). El electrocardiograma (ECG) y la electromiografía (EMG) son las técnicas clínicas estándar utilizadas para su diagnóstico, con las cuales se obtienen datos de series temporales que muestran el comportamiento eléctrico del cuerpo humano y se conocen como señales ECG y señales EMG. El análisis correcto de este tipo de señales le permite a los clínicos determinar la presencia de una enfermedad y su gravedad. Sin embargo, este análisis depende en gran medida de la experiencia, lo que representa hoy en día un reto para los clínicos, debido a la alta gama de opciones en el proceso de diagnóstico.

El avance de la tecnología y la ampliación del acceso a señales ECG y señales EMG provenientes de pacientes que han sufrido o sufren estas enfermedades, muestran la posibilidad de desarrollar algoritmos de análisis automático para hacer más eficiente el proceso de diagnóstico, dando un soporte al experto para la detección de anomalías en los estudios médicos de los pacientes. En el área de la bioingeniería y el análisis de bioseñales el principal reto, es tener la capacidad para extraer características e interpretar la información, dada la complejidad de origen de las señales, para apoyar el diagnóstico clínico.

En los últimos años, se han utilizado modelos de aprendizaje automático (ML por su significado en inglés) y aprendizaje profundo (DL por su significado en inglés) para el análisis de bioseñales, con el fin de hacer más certero el proceso de detección de enfermedades de este tipo. Actualmente la interpretación automatizada y detección de características de señales ECG y EMG desempeña un papel fundamental en el flujo de trabajo clínico. Sin embargo, los algoritmos de interpretación de ECG y EMG todavía muestran tasas sustanciales de diagnóstico erróneo.

Este documento muestra la investigación y desarrollo de una metodología de análisis de señales EMG y señales ECG, para la detección de patrones anómalos complejos, en pacientes con posible presencia concomitante de neuropatías y miopatías motoras usando señales EMG, y en pacientes con diferentes tipos de enfermedades cardiacas (EC) usando señales ECG. Se desarrollaron algoritmos de análisis de patrones mediante técnicas basadas en análisis tiempo-frecuencia, y algoritmos de ML y DL, que permitieron la individualización del tipo de enfermedad, así como estudiar su validez como métodos clínicos de detección y diagnóstico. Este estudio se realizó en conjunto entre la Unidad de Investigación y Desarrollo Tecnológico (UIDT) del ICAT en el Hospital General de México "Dr. Eduardo Liceaga", la Unidad de Medicina Física y Rehabilitación del HGM y el Instituto Nacional de Cardiología.

1.2. Investigaciones relacionadas

Según la organización mundial de la salud (OMS), las enfermedades cardíacas (EC) y enfermedades neuromusculares (ENM) son las principales causas de mortalidad e inmovilidad en el mundo. Las enfermedades cardiacas son las responsables del 26 % de las muertes por enfermedad a nivel mundial y del 21 % en México (Campbell y cols., 2021). Las enfermedades neuromusculares, son una causa importante de inmovilidad y cada año aumenta la prevalencia en todo el mundo disminuyendo tasas de supervivencia relacionado con el empeoramiento progresivo de las condiciones clínicas y el difícil acceso a costosos tratamientos, lo que impone una pesada carga social y económica (Iolascon y cols., 2019). Estas enfermedades también comprometen una parte importante de los costes sanitarios mundiales debido a que las enfermedades crónicas son de larga duración y por lo general de progresión lenta, por lo que los pacientes que padecen algún tipo de estas enfermedades des necesitan un tratamiento de por vida (Mathers y Loncar, 2006). Su caracterización precisa y correcta se ha convertido en un paso importante en el proceso de diagnóstico.

La incidencia de las ENM particularmente las clases denominadas como miopatía y neuropatía que se caracterizan por ocasionar un funcionamiento atípico del sistema nervioso y muscular (Dumitru y cols., 2002) y las EC particularmente las relacionadas con el ritmo cardiaco (arritmias cardiacas), que pueden llegar a ser más de 100 tipos de enfermedades, está creciendo en todo el mundo, lo que impulsa a crear nuevas investigaciones para comprender mejor la fisiopatología de la enfermedad subyacente a tiempo, siendo ésta una característica importante (Mathers y Loncar, 2006).

Un correcto diagnóstico requiere de un equipo clínico experimentado con un alto grado de práctica, que dirija la realización de estudios de los cambios dinámicos eléctricos del cuerpo humano. Esto se lleva a cabo analizando las señales eléctricas que se obtienen por medio de sensores superficiales puestos en el pecho a la altura del corazón (ECG), empleadas para detectar alguna EC y señales EMG obtenidas con un sensor de aguja (EMG) insertada en el musculo afectado con el fin de diagnosticar una ENM (Rodríguez-Torres y cols., 2017).

En la práctica clínica actual, el análisis de estas bioseñales se realiza principalmente mediante el análisis cualitativo tanto visual como auditivo centrándose en el análisis de forma de los potenciales de acción de cada unidad motora (PAUMs) en las señales EMG y de los potenciales de acción cardiacos o latidos cardiacos (Beats por su significado en inglés) en señales ECG (Varela y Gooch, 2014). En el análisis auditivo, un clínico escucha la frecuencia y la amplitud de los *clics* y crujidos producidos por las señales amplificadas para tratar de identificar el patrón de reclutamiento de estos potenciales. Las herramientas de inspección visual son usadas para tratar de aislar los PAUMs o Beats en la señal, para luego superponerlos en tiempo real dando una estimación aproximada de la forma de onda promedio de estos potenciales normales. Ambos métodos cualitativos son crudos, con escasa sensibilidad y especificidad, y carecen de datos cuantitativos objetivos a partir de los cuales puedan hacerse fácilmente comparaciones longitudinales.

Por ejemplo, un estudio escrito por Kendall y Werner (2006), realizado en la Universidad de Utah tuvo como objetivo determinar la eficiencia del diagnóstico de un tipo de neuropatía a partir de señales EMG pregrabadas tomando como sujetos evaluadores tanto al personal médico docente como residentes, los cuales no tuvieron acceso al diagnóstico subyacente de cada señal EMG, mostrando como resultados tan solo una precisión promedio del 46.9 % (médico docente 60.5 %, residente 28.5 %) con respecto al diagnóstico real (Kendall y Werner, 2006), demostrando que para un médico experimentado la precisión en el diagnóstico de una neuropatía a partir de solo señales EMG es poco certera. Estudios recientes también han demostrado que los médicos tienen una tasa de precisión del 75% en el procedimiento de detección de algunas EC (Hannun y cols., 2019).

Por esa razón, se han implementado con frecuencia modelos computacionales predictivos para mejorar y apoyar al clínico en el diagnóstico de estas enfermedades (Pino y cols., 2010; Vallejo v Gallego, 2018; Ozal Yıldırım v cols., 2018). Estos algoritmos se basan en el reconocimiento y extracción de características a través de metodologías sofisticadas basadas en Inteligencia Artificial (IA), específicamente en ML. Se basan en métodos complejos de análisis de tiempo-frecuencia y se ha aplicado con éxito utilizando redes neuronales convolucionales (CNN por sus siglas en inglés), maquinas de soporte vectorial (SVM, por sus siglas en inglés) y otros enfoques similares para cuantificar exhaustivamente estas señales para proporcionar métricas adecuadas útiles para un diagnóstico preciso con alta sensibilidad y especificidad (Gokgoz y Subasi, 2015; Naik y cols., 2016; Christodoulou y cols., 2012; H. Yousefi y cols., 2014). Por ejemplo, la detección de anomalías relacionadas con una ENM en señales EMG (Sengur y cols., 2017, 2018; Mishra, Bajaj, y Kumar, 2016) o EC en señales ECG (Hannun y cols., 2019), empleando DL (Ozal Yıldırım y cols., 2018; Gokgoz v Subasi, 2015; Sengur v cols., 2018; Subasi, 2012), estadísticas de orden superior (Vallejo v Gallego, 2018; Berzuini v cols., 1982; Verma v Gupta, 2020; Istenic v cols., 2008), selección de características y reducción de la dimensionalidad (Christodoulou y cols., 2012; Subasi, 2012; Al-Barazanchi y cols., 2017; Gokgoz y Subasi, 2014), transformación discreta de Wavelet (Subasi, 2012; Verma y Gupta, 2020; AlOmari y Liu, 2014; Subasi, 2013), análisis de componentes independientes (Naik y cols., 2016), y la descomposición de la señal (Doulah y cols., 2014; Parsaei y Stashuk, 2011).

1.3. Objetivo

Desarrollar técnicas novedosas de procesamiento de bioseñales con modelos de aprendizaje automatizado y profundo para apoyar el diagnóstico de enfermedades neuromusculares y enfermedades cardiacas.

1.4. Hipótesis

Los métodos clínicos actuales de evaluación de bioseñales por inspección visual y auditiva dependientes de la experiencia del clínico no son capaces de identificar patrones anómalos complejos superpuestos, por lo que no reflejan adecuadamente las posibles enfermedades de los pacientes. Se piensa que la presente propuesta permitirá mejorar la capacidad de detectar ENM y EC de manera más precisa y efectiva, lo que permitirá mejorar la asignación de tratamientos específicos más apropiados.

1.5. Contribución

La EMG y la ECG son señales fisiológicas que pueden ser estudiadas a través de metodologías similares. Esta metodología general consta de tres partes, la primera es la fase de extracción de características, la segunda es la representación de dichas características y la tercera es el soporte al diagnóstico.

Esta investigación se divide en varios capítulos en donde se muestran las definiciones, los antecedentes, los resultados, discusión y conclusiones de los procedimientos realizados para alcanzar el objetivo planteado. A continuación se realiza una descripción de cada uno de los capítulos.

En el **capítulo 2**, se describen los fundamentos y las aplicaciones de las señales EMG y ECG. A su vez, se proporcionan antecedentes relevantes para entender los métodos de aprendizaje profundo (DL) y aprendizaje automático (ML), y los algoritmos más relevantes implementados en esta investigación.

En el **capítulo 3**, se hace el análisis de señales EMG a partir de tres modelos de aprendizaje supervisado y no supervisado para la clasificación de las señales en tres etiquetas de salida (Neuropatías, Miopatías o Normal). Se hace uso de una base de datos publica, previamente verificada por clínicos expertos. Se realiza una breve explicación de trabajos previos, se exponen los métodos utilizados, se realiza una discusión de los resultados y se concluye.

En el **capítulo 4**, se desarrolla el procesamiento para la detección de potenciales de acción en señales EMG que sirve para evaluar la gravedad de una ENM a partir de la señal EMG capturada. Este método es útil como herramienta de diagnóstico.

En el **capítulo 5**, se desarrolla el procesamiento para la detección de complejos QRS en señales ECG. Este método es útil como herramienta de diagnóstico. las pruebas iniciales al implementar el método en estas señales, mostró eficiencia y gran utilidad para el diagnóstico.

En el **capítulo 6**, se realiza la explicación de los métodos utilizados para el análisis de señales ECG de doce derivaciones. Se realiza un análisis de antecedentes y trabajos relacionados. Posteriormente se plantean los métodos utilizados, donde se hace uso de modelos de aprendizaje profundo para la clasificación de 25 tipos de arritmias cardiacas. Las bases

de datos utilizadas en este capítulo son publicas, fueron verificadas y etiquetadas previamente por clínicos expertos. Se muestran los resultados y se hace una discusión de los mismos. Finalmente se concluye con respecto a los objetivos planteados en este proyecto.

En el **capítulo 7**, se identifican los retos pendientes y se discuten los posibles trabajos futuros. Se muestran las conclusiones del trabajo realizado.

1.6. Publicaciones

Torres, J. R., De Los Rios, K., & Padilla, M. A. (2020, September). Cardiac arrhythmias identification by parallel CNNs and ECG time-frequency representation. In 2020 Computing in Cardiology (pp. 1-4). IEEE.

En esta investigación se desarrolló un método automatizado de reconocimiento de patrones anormales para el apoyo a la decisión clínica, capaz de detectar entre 27 posibles AC. Se empleó un modelo mejorado de aprendizaje profundo (DL) utilizando datos en bruto e imágenes de representación de frecuencia temporal (TFR por su significado en inglés). Se filtró y normalizó un amplio conjunto de registros de ECG. Se segmentaron y transformaron en dos conjuntos de imágenes bidimensionales. Las imágenes de TFR se obtuvieron mediante *Wavelet Synchrosqueezing* (WS). Se eligió la red VGG-16, modificando los pesos de las capas internas para adaptar el modelo a la tarea de detección de ACs. Se ejecutó un método de validación cruzada de 10 veces. Se probaron diferentes hiperparámetros de entrenamiento para encontrar el mejor modelo. Con la validación cruzada sobre los datos de entrenamiento, el modelo desarrollado se desempeñó identificando ACs, con una puntuación F1-score de 0.82. Este modelo tuvo un alto rendimiento en la detección de sujetos sanos con una puntuación F1 de 0.83 (Torres-Castillo, De Los Rios, y Padilla, 2020).

Torres-Castillo, J. R., & Padilla-Castañeda, M. A. (2021, September). Cardiac Abnormalities Detection Through 12-Lead/Reduced-Lead ECG Spectrograms and 2D-CRNN. In 2021 Computing in Cardiology (CinC) (Vol. 48, pp. 1-4). IEEE.

En este trabajo se presentó un método automatizado de reconocimiento de patrones para detectar 25 arritmias cardíacas diferentes y el tipo de ritmo sinusal normal. Se evaluó la importancia que tiene cada una de las 12 derivaciones. Se empleó un modelo de red neuronal recurrente convolucional bidimensional (2D-CRNN) utilizando imágenes de datos sin procesar y espectrogramas de señal. Con una base de datos de 88253 señales de ECG de 12 derivaciones, se creó un método de cuatro pasos. **Preprocesamiento:** Los datos se filtraron y se completaron o se completaron para que tenían la misma longitud. **Representación:** Se obtuvieron dos conjuntos de imágenes, uno con la serie temporal y la otra con espectrogramas a través de WS. **Extracción de características:** Se eligió una red CNN para obtener características relevantes de las imágenes. Estas se colocaron en un vector para alimentar una red neuronal recurrente. **Clasificación:** Se usó una capa completamente conectada para clasificar las señales. Se ejecutó un método de validación cruzada de 10 veces (CV). Se concluyó que el modelo propuesto tiene porcentajes de detección similares a los reportados en la literatura y que debido a la gran variabilidad en las bases de datos aún carece de alta eficiencia. Sin embargo, para mejorar el tiempo de procesamiento se logró determinar que con solo 3 de las 12 derivaciones que contiene un ECG es posible realizar el mismo diagnóstico. Esto se traduce en un menor tiempo de procesamiento y en la posibilidad de construir equipos clínicos de ECG con menos componentes, disminuyendo el costo de adquisición y ampliando el acceso a diagnósticos más certeros (Torres-Castillo y Padilla-Castaneda, 2021).

Torres-Castillo, J. R., López-López, C. O., & Padilla-Castañeda, M. A. (2022). Neuromuscular disorders detection through time-frequency analysis and classification of multi-muscular EMG signals using Hilbert-Huang transform. Biomedical Signal Processing and Control, 71, 103037.

Este trabajo se muestra una estrategia de aprendizaje automático para clasificar las señales de EMG con el fin de detectar la presencia de neuropatía, miopatía o ausencia de enfermedad de forma eficiente. Se utilizó una base de datos de 938 señales adquiridas de diferentes músculos divididas simétricamente en estas tres clases. El método descompone cada señal en sub-bandas de amplitud o frecuencia modulada y extrae de ellas características de tiempo-frecuencia, utilizando la transformada de Hilbert-Huang. Para la selección de características y la reducción de la dimensionalidad de los datos se utilizó el análisis estadístico no paramétrico y el análisis discriminante lineal no correlacionado (ULDA). En la clasificación se utilizaron tres técnicas diferentes de ML: LDA, TREE y KNN. Se evaluaron cinco métodos de descomposición: descomposición empírica de modos (EMD), ensemble EMD (EEMD), EEMD complementaria (CEEMD), transformada wavelet empírica (EWT) y descomposición variacional de modos (VMD).

Los mejores resultados se obtuvieron utilizando EEMD con el KNN con una precisión del 99.5 %. Una sensibilidad del 99.6 % para la neuropatía y del 98.8 % para la miopatía. Una especificidad del 99.2 % y un valor predictivo positivo del 99.6 %. Este estudio presenta el mayor rendimiento de clasificación con tal variabilidad y amplitud de datos, superando el estado del arte de la clasificación de los trastornos neuromusculares. En consecuencia, la metodología propuesta interpreta adecuadamente la información extraída del análisis cuantitativo de tiempo-frecuencia, mostrando su validez para apoyar al clínico en la detec-

ción y diagnóstico de los ENM de forma altamente eficiente (Torres-Castillo, López-López, y Padilla-Castañeda, 2022).

2. Antecedentes y definiciones

En este capítulo se inicia con una breve introducción a los diferentes tipos de bioseñales, que se analizan habitualmente para el diagnóstico y el tratamiento de las enfermedades señaladas de gran interés en la introducción. Se discuten los antecedentes técnicos necesarios sobre el ML, incluyendo el aprendizaje supervisado, el aprendizaje no supervisado y el DL, que se utilizarán en esta tesis. Se hace una descripción breve de los principales métodos y algoritmos, para el completo entendimiento del problema que ha sido abordado.

2.1. Bioseñales

Las bioseñales son una descripción de un fenómeno fisiológico, independientemente de su naturaleza. Ya que hay un número casi ilimitado de mecanismos fisiológicos de interés que pueden ser observados o medidos, se establece que el número de bioseñales identificables en un diagnóstico son muy grandes. Las bioseñales pueden ser capturadas a través de los sentidos de un sujeto (cualitativa) o a partir de la implementación de sensores (cuantitativo) (Kaniusas, 2012a). De este último, se puede establecer que una bioseñal observada de forma cuantitativa es un compilado de datos de series temporales que pueden medirse de forma continua en el cuerpo humano. Contienen información sobre fenómenos fisiológicos que reflejan la salud y el bienestar (Kaniusas, 2012b).



Figura 2-1.: Procedimiento básico para la evaluación de bioseñales a) A través de los sentidos b) A través del uso de sensores. Imagen tomada de (Kaniusas, 2012a).

Se han convertido en una fuente importante de información para el diagnóstico clínico, la terapia física y el monitoreo pasivo de la salud (ver Figura 2-1). Estas señales pueden ser de naturaleza eléctrica como el electroencefalograma (EEG), electrocardiograma (ECG), electrococulograma (EOG) y electromiograma (EMG), o no eléctrica, como la respiración y los movimientos corporales. A continuación, se describen las bioseñales que son de importancia en esta investigación y que han sido ampliamente utilizadas en aplicaciones clínicas.

2.1.1. Señales electromiográficas

La electromiografía (EMG) es una técnica con la que se obtiene una bioseñal eléctrica producida por el sistema músculo-esquelético, cuando las células se activan eléctrica o neurológicamente. Existen dos tipos de EMG: el EMG de superficie (sEMG) y el EMG intramuscular (Preston y Shapiro, 2013). El sEMG mide la actividad muscular desde la superficie sobre el músculo en la piel, como la velocidad y la fuerza de las señales que viajan entre dos o más puntos (es decir, los electrodos). La EMG intramuscular registra la actividad eléctrica en ese músculo insertando electrodos de aguja en diferentes puntos del músculo. Normalmente, la EMG se ha utilizado para ayudar a diagnosticar trastornos musculares o trastornos que afectan a las neuronas motoras y para identificar enfermedades neuromusculares (Preston y Shapiro, 2013).

En un estudio clínico de EMG el profesional de la salud limpia la piel del músculo donde se hace la prueba, luego introduce un electrodo de aguja en el músculo y la máquina registra la actividad muscular mientras el músculo está en reposo, luego se le pide que contraiga el músculo en forma lenta y constante. Y el electrodo se puede mover para registrar la actividad en diferentes músculos (Daube y Rubin, 2009). La actividad eléctrica se graba y se ve en una pantalla de vídeo, como se muestra en la Figura **2-2**.



Figura 2-2.: Adquisición de una señal EMG.

2.1.1.1. Potenciales de Acción de Unidad Motora

Las señales EMG son el producto de la actividad eléctrica que ocurre entre la neurona motora y las fibras musculares, cada impulso eléctrico hace que se contraiga el musculo produciendo movimiento. Estos impulsos son conocidos como potencial de acción de unidad motora (PAUM). De esta forma, la señal EMG es la suma aritmética de las posibilidades de actividad de la unidad motora, dentro del área de cobertura del sensor de aguja, como se muestra en la Figura **2-3**.



Figura 2-3.: Formación de un Potencial de Acción de Unidad Motora y sus componentes.

2.1.2. Señales electrocardiográficas

Las señales ECG son bioseñales eléctricas que muestran la actividad cardíaca y es registrada a partir de electrodos colocados en la piel del sujeto. Estos electrodos detectan la señal generada por el patrón de despolarización y repolarización del músculo cardíaco durante cada latido (Srinivasan y Schilling, 2018). Un corazón sano producirá una actividad electromecánica regular y bien organizada conocida como ritmo sinusal normal (RSN).

La Figura 2-5 ilustra un ejemplo de como se forma una señal ECG de un corazón en RSN. Normalmente, un solo latido consta de tres componentes principales: la onda P, el complejo QRS y la onda T. La despolarización ventricular (o cuando el corazón bombea sangre a los pulmones y al resto del cuerpo) provoca el complejo QRS impulsivo. La repolarización ventricular y la posterior relajación de los músculos ventriculares se asocian a la onda T. La despolarización de las aurículas (o cuando el corazón está transfiriendo



Figura 2-4.: Señal ECG y sus componentes.

sangre de las aurículas a los ventrículos) produce la onda P, pero se cree que su repolarización se produce durante la contracción ventricular, que queda oculta por la señal más fuerte del complejo QRS. Los patrones de un corazón sano son predecibles. Por lo tanto, características como la duración desde el inicio de la onda P hasta el inicio del complejo QRS (es decir, el intervalo PR) y la duración del complejo QRS pueden ser monitorizadas y diagnosticar para detectar desviaciones de la RNS como arritmias cardíacas (Srinivasan y Schilling, 2018).

2.2. Inteligencia Artificial

Cuando se habla sobre modelos de aprendizaje los términos IA, el ML, las ANN y el DL, vienen a la mente. Tal vez la forma más fácil de pensar en la definición de estos términos es considerar que uno es esencialmente un componente del término inmediatamente anterior. Para poder entender todos los problemas abordados, es necesario abordar los conceptos más importantes de los modelos de aprendizaje. El ML es un subcampo de la IA. El DL es un subcampo del ML, y las ANN constituyen la columna vertebral de los algoritmos de DL (Berry y cols., 2019; Kavlakoglu, 2020). De hecho, es el número de capas de nodos, o la profundidad, de las ANN lo que distingue una red neuronal simple de un algoritmo de DL, que debe tener más de tres capas.

Durante los años ochenta los científicos se encontraron con el surgimiento del término IA. El término, se originó en los laboratorios en donde se investigaba cómo hacer que las maquinas imitaran la inteligencia del comportamiento humano (McCarthy, 1989). Toda la tecnología desarrollada a partir de ese momento y todo lo resultante de su uso, investigación e implementación, eran asociados al término, sin embargo, no se podía discernir entre los problemas candidatos a la aplicación de esa tecnología.



Figura 2-5.: Diagrama sobre los modelos de aprendizaje.

En las últimas décadas, las aplicaciones de la IA han sido mayormente acotadas. También han surgido una serie de definiciones acerca de este concepto. Por ejemplo, se puede usar la siguiente definición "Es la ciencia y la ingeniería de la fabricación de máquinas inteligentes, especialmente programas informáticos inteligentes. Está relacionada con la tarea de usar computadoras para entender la inteligencia humana, pero la IA no tiene que limitarse a métodos que son biológicamente observables" realizada por John McCarthy en 2004 (McCarthy, 2004).

Sin embargo, décadas antes, surgieron otra serie de definiciones que también marcaron el camino de la IA, definiciones que dieron origen a técnicas de evaluación para predicciones de maquina versus humanos y toma de decisiones, y se dio origen a las definiciones de los sistemas que piensan racionalmente. Pero en la forma más simple, la IA es un campo de la ciencia y la ingeniería que combina la informática y los conjuntos de datos robustos para la resolución de problemas. También abarca los subcampos del ML y el DL, mencionados frecuentemente con el uso de IA. Estos subcampos buscan crear sistemas expertos que hagan predicciones o clasificaciones basadas en datos de entrada.

2.2.1. Aprendizaje automático

En la última década la IA ha sido utilizada para mejorar la calidad de vida y las experiencias del ser humano al hacer uso de diferentes servicios. En la medicina, ha sido utilizada para mejorar el proceso de detección de enfermedades a medida que se recolectan datos en los pacientes. El ML ha sido utilizado como uno de los primeros modelos de aprendizaje aplicados a la medicina.

El ML es un componente importante del creciente campo de la ciencia de los datos. Mediante el uso de métodos estadísticos, los algoritmos se entrenan para hacer clasificaciones o predicciones, y para descubrir ideas clave en proyectos de minería de datos. Estos conocimientos impulsan posteriormente la toma de decisiones dentro de las aplicaciones, lo que idealmente repercute en las métricas de crecimiento clave. A medida que el *big-data* siga expandiéndose y creciendo, aumentará la demanda de algoritmos eficientes que puedan procesar esa gran cantidad de datos.

Dentro de la IA y el ML, existen dos enfoques básicos: el aprendizaje supervisado y el aprendizaje no supervisado. La principal diferencia es que uno utiliza datos etiquetados para ayudar a predecir los resultados, mientras que el otro no. Sin embargo, hay algunos matices entre los dos enfoques, y áreas clave en las que uno supera al otro.

El aprendizaje no supervisado, utiliza algoritmos de ML para analizar y agrupar conjuntos de datos sin etiqueta. Estos algoritmos descubren patrones ocultos sin necesidad de la intervención humana. Su capacidad para descubrir similitudes y diferencias en la información lo convierten en la solución ideal para el análisis exploratorio de datos y el reconocimiento de imágenes. Los modelos de aprendizaje no supervisado se utilizan para tres tareas principales: agrupación, asociación y reducción de la dimensionalidad (Kavlakoglu, 2020).

Mientras que el aprendizaje supervisado es un enfoque de ML que se define por el uso de conjuntos de datos etiquetados. Estos conjuntos de datos están diseñados para entrenar o "supervisar" a los algoritmos para que clasifiquen datos o predigan resultados con alta precisión. Utilizando entradas y salidas etiquetadas, el modelo puede medir su precisión y aprender con el tiempo. El aprendizaje supervisado puede dividirse en dos tipos de problemas de minería de datos: clasificación y regresión.

Ente los problemas abordados por el ML, el problema de clasificación (ver Figura **2-6**), que hace parte de los algoritmos supervisados, es el que permite realizar el análisis de las bioseñales presentadas en este trabajo. Pero antes, es necesario optimizar la información que se quiere analizar.


Figura 2-6.: Tipos de aprendizaje automático y tipos de problemas que se pueden abordar. El problema de clasificación, resaltado en oscuro, es el problema abordado para el análisis de señales y el resaltado en azul claro, señala el problema abordado en el preprocesamiento de datos.

2.2.1.1. Preprocesamiento de bioseñales

La calidad de las bioseñales digitalizadas puede verse degradada por el ruido inducido a través de la red eléctrica, el ruido inherente de alta frecuencia atribuido a los equipos electrónicos y por el ruido de baja frecuencia generado por las oscilaciones de la línea base (OLB). Lo que altera los procesos de extracción, clasificación y análisis de la señal. Es por eso que es necesario realizar el preprocesamiento para eliminar estos artefactos.

El procedimiento está compuesto por una serie de filtros digitales en cascada, específicos para cada tipo de ruido. (para más detalle ver (Torres-Castillo, 2018)). Además de técnicas actuales de eliminación de ruido que se basa en la transformada wavelet (TW) que permite una estimación óptima de patrones para las bioseñales (Kumar y Agnihotri, 2010; Awal y cols., 2014). Esta técnica presenta varias ventajas entre ellas, que no reduce la amplitud, como lo hacen los filtros clásicos FIR y IIR pasa bajas, y produce una señal suave sin ruido (Kumar y Agnihotri, 2010).

Posteriormente al procedimiento de filtrado, es necesario realizar la descomposición de la señal con el fin de obtener las características relevantes de la misma. El procedimiento de descomposición de señales utilizado frecuentemente, es el procedimiento de descomposición empírica de modos (EMD), sin embargo Torres-Castillo y cols. en el (2022) propone como método de descomposición, la descomposición empírica de modos por conjuntos (EEMD), método que soluciona el fenómeno de mezcla de modos en las descomposiciones de señales.

2.2.1.2. Extracción y reducción de características

La extracción de características es un procedimiento que consiste en obtener información relevante de la señal descompuesta (Torres-Castillo, 2018). Estas características pueden ser obtenidas en el dominio del tiempo y en el dominio de la frecuencia mediante una transformación de los datos originales, formando así un vector de características tiempo-frecuencia.



Figura 2-7.: Representación de tres algoritmos de clasificación dentro del AA.

Las características en el dominio del tiempo son las más populares en aplicaciones de tiempo real (Güler y Koçer, 2005), esto se debe a que no se necesita hacer transformación alguna de los datos. Se basan simplemente en la amplitud de la señal, forma de onda y algunas características que se relacionan con la frecuencia, por otra parte se conocen como características de frecuencia cualquier característica relacionada con el ancho de banda de cualquier señal (Mishra, Bajaj, Kumar, Sharma, y Singh, 2017).

Los métodos de reducción de características son aquellos que permiten obtener un subconjunto de información a partir de la transformación o combinación de las características originales. Este problema también se aborda en el campo del ML como problema de reducción de dimensionalidad con algoritmos supervisados y no supervisados (ver Figura 2-6).

Los métodos ampliamente utilizados en esta categoría son el análisis de componentes principales (PCA por sus siglas en inlgés) (Sapsanis, Georgoulas, y Tzes, 2013; Gokgoz y Subasi, 2014) y el análisis discriminante Lineal (LDA por sus siglas in inglés), para

mapear el vector de características a un espacio de dimensiones inferiores. PCA es un enfoque estadístico no supervisado, que convierte las observaciones de variables, en valores de variables linealmente sin correlación a través de una transformada ortogonal. A diferencia de PCA, el objetivo de LDA es encontrar características discriminantes óptimas bajo condiciones supervisadas, maximizando la relación entre la dispersión de clases y la dispersión dentro de la clase de un conjunto de observaciones. Sin embargo, se debe tener en cuenta que el LDA clásico no es adecuado para datos sobremuestreados. Es por esto que en el trabajo previo Torres-Castillo y cols. propone el uso de la versión mejorada de LDA, es decir, LDA no correlacionado (ULDA por sus siglas en inglés). Este método introduce un requerimiento adicional de extracción de vectores de características que contienen características no correlacionadas (Ye, Janardan, Li, y Park, 2006; Chan y Green, 2007).

2.3. Creación o entrenamiento de modelos supervisados y no supervisados

De los algoritmos de clasificación existentes que hacen parte del ML, se hace especial énfasis en los algoritmos de Árboles de decisión, LDA, K-vecinos más cercananos (KNN, por sus siglas en inglés) y ANN, etc. Además, dentro del uso de las ANN se hace énfasis en DL.

2.3.1. Árboles de decisión

Un árbol de decisión es un modelo de clasificación y predicción utilizado en diversos ámbitos de la ciencia. Se puede considerar como un mapa de los posibles resultados de una serie de elecciones relacionadas. Permite evaluar las posibles acciones entre sí, en función de sus costos, probabilidades y beneficios. Dado un conjunto de datos se fabrican diagramas de construcciones lógicas, muy similares a los sistemas de predicción basados en reglas, que sirven para representar y categorizar una serie de condiciones que ocurren de forma sucesiva, para la resolución de un problema (Quinlan, 1986; Breiman, Friedman, Olshen, y Stone, 2017; Wang y Zaniolo, 2000).

Los árboles de decisión están formados por nodos, vectores de números, flechas y etiquetas. Cada nodo se puede definir como el momento en el que se ha de tomar una decisión de entre varias posibles, lo que va haciendo que a medida que aumenta el número de nodos aumente el número de posibles finales a los que puede llegar. Esto hace que un árbol con muchos nodos sea complicado de dibujar a mano y de analizar debido a la existencia de numerosos caminos que se pueden seguir (ver Figura 2-7).

2.3.2. Análisis Discriminante Lineal

El LDA es una generalización del discriminante lineal de Fisher, un método utilizado en estadística. En reconocimiento de patrones y ML es usado para encontrar una combinación lineal de características que describen o separan dos o más clases de objetos. La combinación resultante se puede usar como un clasificador lineal o, más comúnmente, para la reducción de dimensionalidad antes de la clasificación posterior. Es simple matemáticamente, robusto y a menudo produce modelos cuya precisión es tan buena como los métodos más complejos (ver Figura 2-7).

La discriminación se define en términos de medidas estadísticas de valor medio y varianza. Una de las ventajas de LDA es que la solución se puede obtener resolviendo un sistema de auto-valoración generalizado. Esto permite un procesamiento rápido y masivo de muestras de datos (Xanthopoulos, Pardalos, y Trafalis, 2013; Izenman, 2013). El algoritmo original se propuso para problemas binarios, pero también se han propuesto generalizaciones multiclase (Xanthopoulos y cols., 2013; Izenman, 2013).

2.3.3. K-vecinos más cercanos

KNN es uno de los algoritmos de aprendizaje automático más sencillos basados en la técnica de aprendizaje supervisado. KNN asume la similitud entre los nuevos datos y los datos disponibles y coloca el nuevo dato en la categoría que es más similar a las categorías disponibles.

El algoritmo KNN almacena todos los datos disponibles y clasifica un nuevo punto de datos basándose en la similitud. Esto significa que cuando aparecen nuevos datos, se pueden clasificar fácilmente en una categoría adecuada. Este puede utilizarse para la regresión y la clasificación, pero se utiliza principalmente para los problemas de clasificación, como ha sido mencionado anteriormente. KNN es un algoritmo no paramétrico, lo que significa que no hace ninguna suposición sobre los datos ocultos (ver Figura **2-7**).

También se le conoce en inglés como "*lazy learner algorithm*" porque no aprende del conjunto de entrenamiento inmediatamente, sino que almacena el conjunto de datos y en el momento de la clasificación, realiza una acción en el conjunto de datos. KNN en la fase de entrenamiento, sólo almacena el conjunto de datos y, cuando obtiene nuevos datos, los

clasifica en una categoría que es muy similar a los nuevos datos (Silverman y Jones, 1989; Peterson, 2009).

2.3.4. Redes neuronales artificiales

Las ANNs imitan al comportamiento del cerebro humano mediante un conjunto de algoritmos. En un nivel básico, una red neuronal consta de cuatro componentes principales: entradas, pesos, un sesgo o umbral y una salida. La formula algebraica de una ANN es similar al de una regresión lineal.

La principal diferencia entre la regresión y una red neuronal es el impacto del cambio en un solo peso. En la regresión, se puede cambiar un peso sin afectar a las demás entradas de una función. Sin embargo, este no es el caso de las redes neuronales. Como la salida de una capa pasa a la siguiente capa de la red, un solo cambio puede tener un efecto en cascada sobre las demás neuronas de la red (ver Figura **2-8**).

Las ANNs son modelos basados en ML que pueden ser aplicados en diferentes problemas que impliquen toma de decisiones. En el problema de análisis de bioseñales, las ANNs son usadas para el problema de clasificación. Para su aplicación es necesario tener una cantidad de datos robusta, pues en caso contrario, es mejor hacer uso de cualquiera de los métodos mencionados anteriormente.



Figura 2-8.: Esquema de redes neuronales. Somera, hace referencia a una red neuronal de AA y profunda, representa un esquema de cuando se pueden considerar AP.

Dado que, en este desarrollo, se cuenta con dos tipos de bases de datos, una para EMG (Base de datos con un número pequeño de información) y otra para ECG (base de datos

con gran número de información), es posible trabajar con algoritmos relevantes de ML y ANN con el DL para la resolución del problema.

2.3.5. Aprendizaje profundo

El DL es un subconjunto del ML, que consiste esencialmente en una ANN con tres o más capas. Estas redes neuronales intentan simular el comportamiento del cerebro humano, aunque están lejos de igualar su capacidad, permitiéndole "aprender" de grandes cantidades de datos. Aunque una red neuronal con una sola capa puede hacer predicciones aproximadas, las capas ocultas adicionales pueden ayudar a optimizar y refinar la precisión.

El aprendizaje profundo impulsa muchas aplicaciones y servicios de IA que mejoran la automatización, realizando tareas analíticas y físicas sin intervención humana. La tecnología del DL está detrás de los productos y servicios cotidianos (como los asistentes digitales, los mandos de televisión con voz y la detección de fraudes con tarjetas de crédito), así como de las tecnologías emergentes (como los coches autoconducidos). Más recientemente esta tecnología ha sido incorporada a la asistencia de detección de enfermedades en la medicina.

El término "profundo" en el DL se refiere a la profundidad de las capas de una red neuronal. Una red neuronal que consta de más de tres capas que incluiría las entradas y la salida puede considerarse un algoritmo de aprendizaje profundo (ver Figura **2-8**).

La mayoría de las redes neuronales profundas son *feed-forward*, lo que significa que fluyen en una sola dirección desde la entrada hasta la salida. Sin embargo, también se puede entrenar el modelo a través de **Back-propagation**; es decir, moverse en dirección opuesta de la salida a la entrada. El método de **Back-propagation** permite calcular y atribuir el error asociado a cada neurona, lo que a su vez, permite ajustar y adaptar el algoritmo adecuadamente.

Dado que el ML y el DL tienden a usarse indistintamente, vale la pena resumir los matices entre ambos. El ML, el DL y las ANNs son todos subcampos de la IA. Sin embargo, las ANNs son en realidad un subcampo del ML, y el DL es un subcampo de las ANNs.

2.3.5.1. Long Short Term Memory (LSTM)

Estos modelos basados en redes neuronales recurrentes (RNN, por su significado en inglés), denominados modelos basados en la retroalimentación, son capaces de aprender de los datos pasados, en los que se emplean varias puertas en su arquitectura de red para recordar los datos pasados y así construir el modelo prospectivo con respecto a los datos pasados y actuales. Por lo tanto, los datos de entrada sólo se recorren una vez (es decir, de izquierda (entrada) a derecha (salida)) (Siami-Namini, Tavakoli, y Namin, 2019). Se tienen en cuenta los mismos principios y definiciones de DL y ANNs.

2.3.5.2. Bidirectional Long Short Term Memor (BiLSTM)

Una red LSTM bidireccional, o biLSTM, es un modelo de procesamiento de secuencias que consta de dos LSTM: una que toma la entrada en dirección hacia delante y otra en dirección hacia atrás. Las redes tipo biLSTMs aumentan efectivamente la cantidad de información disponible para la red, mejorando el contexto disponible para el algoritmo (por ejemplo, saber qué palabras siguen y preceden inmediatamente a una palabra en una frase).

2.4. Medidas de rendimiento

La medicina es una ciencia de probabilidades y un arte de manejar la incertidumbre. Dicha incertidumbre se extiende no sólo a las actividades preventivas, terapéuticas y pronósticas sino también a las diagnósticas. En las fases del proceso diagnóstico intervienen la historia clínica, la exploración física y la realización de pruebas complementarias. Una propuesta alternativa catalogada como prueba diagnostica es el sistema clasificador desarrollado (Torres-Castillo, 2018). Para evaluar debidamente este enfoque se definen las siguientes métricas:

- **VP:** Resultados positivos en sujetos enfermos, verdaderos-positivos.
- **FP:** Resultados positivos en sujetos sanos, falsos-positivos.
- VN: Resultados negativos en sujetos sanos, verdaderos-negativos.
- **FN:** Resultados negativos en sujetos enfermos, falsos negativos.

A partir de las cuales se puede determinar la utilidad de este clasificador, evaluando la capacidad para detectar correctamente la presencia o ausencia de las enfermedades. En este enfoque se usan fundamentalmente los conceptos que determinan la validez de un clasificador (sensibilidad y especificidad) y su seguridad (valores predictivos positivos y negativos).

Validez: Es el grado en que una prueba mide lo que se supone que debe medir. ¿Con qué frecuencia el resultado del clasificador es confirmado por la discriminación de nuevas

señales?. La sensibilidad y la especificidad de un test son medidas de su validez.

Seguridad: La seguridad viene determinada por el valor predictivo de un resultado positivo o negativo. ¿Con qué seguridad un el clasificador predecirá la presencia o ausencia de enfermedad? Ante un resultado positivo del clasificador ¿qué probabilidad existe de que este resultado indique presencia de la enfermedad?.

De esos conceptos se generan 4 índices estadísticos: sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo y valor predictivo negativo. Ademas se usa como métrica general de evaluación la exactitud del clasificador, todas las ecuaciones para obtener estas métricas se muestran en la tabla **2-1** y su descripción es la siguiente:

- **Sensibilidad (SE):** Se define como la probabilidad de que un individuo enfermo tenga una prueba positiva. De esta manera, la sensibilidad nos indica la capacidad del clasificador para identificar una enfermedad, por lo que se le llama también tasa o proporción de verdaderos positivos.
- **Especificidad (ES):** La especificidad valora la utilidad de una prueba con el fin de identificar a los no enfermos (tasa o proporción de verdaderos negativos) o, dicho de otra forma, la especificidad indica la proporción de individuos sanos confirmados como tales por el resultado negativo del clasificador.

Para que un clasificador sea útil debe presentar una alta sensibilidad y especificidad. A partir de estos dos conceptos se puede hablar de una proporción de falsos negativos, que es la probabilidad de que una persona enferma obtenga un resultado negativo en la prueba (enfermos que han tenido un resultado negativo de entre el total de enfermos) y de forma similar se puede encontrar una proporción de falsos positivos, es decir, la probabilidad de que un individuo sano tenga un resultado positivo (sanos con prueba positiva de entre todos los sujetos que no presentan la enfermedad).

- Valor predictivo positivo (VPP): Es la probabilidad de que un individuo con resultado positivo en la prueba tenga la enfermedad. Este concepto se denomina también probabilidad a posteriori así como la precisión del diagnostico.
- Valor predictivo negativo (VPN): Es la probabilidad de que un individuo con resultado negativo en la prueba no tenga la enfermedad. Se trata de los sujetos libres de enfermedad y con clasificación negativa dentro de todos aquellos con prueba negativa.

Exactitud (ACC por sus siglas en inglés): Es el número de señales clasificadas correctamente sobre el número total de señales.

Características	Definición	Comentarios
SE (tasa VP)	VP	Probabilidad de clasificación positiva
	$\overline{VP+FN}$	para el conjunto positivo (sensibilidad)
ES (tasa VN)	VN	Probabilidad de clasificación negativa
	$\overline{VN+FP}$	para el conjunto negativo (especificidad)
VPP (Precisión)	$\frac{VP}{VP+FP}$	Probabilidad de tener la enfermedad
		si el resultado de la prueba es positivo.
VPN	$\frac{VN}{VN+FN}$	Probabilidad de no tener la enfermedad
		si el resultado de la prueba es negativo.
ACC (Exactitud)	$\frac{TP+TN}{TP+TN+FP+FN}$	Probabilidad de que el resultado del clasificador
		prediga correctamente la presencia o ausencia
		de la enfermedad

Tabla 2-1.: Parámetros estadísticos para validar un clasificador de ENM

Si bien las métricas anteriores permiten evaluar el rendimiento del clasificador en una serie de pruebas con datos provenientes de diferentes sujetos, esas métricas dan como resultado una tasa de error aparente, es decir que solo calculan las probabilidades a partir de los resultados obtenidos del modelo clasificador entrenado con todo el conjunto de información, por lo que no tiene en cuenta las implicaciones de esa clasificación en futuros eventos, dando resultados generalmente optimistas y con un sesgo grande. Una forma de evitar ese sesgo es tomando en varias pruebas una serie de datos para entrenar el clasificador y el restante para evaluar el nivel de predicción promediando el numero de VP, FP, VN y FN obtenidas en cada pruebas para luego calcular las métricas de la tabla **2-1**.

3. Enfermedades Neuromusculares y análisis de señales EMG

En los capítulos anteriores se aportaron las herramientas conceptuales necesarias para entender el problema que se plantea en este capítulo para el análisis de señales EMG. Se realiza una introducción a las ENM y se discute el problema de la clasificación de señales EMG para el soporte al diagnostico clínico haciendo uso de herramientas supervisadas y no supervisadas de ML.

3.1. Introducción

Las ENM son el resultado de diferentes procesos de enfermedad, como los procesos inflamatorios, metabólicos y endocrinos, que afectan las fibras musculares y/o los nervios que controlan los músculos voluntarios, con lo cuales se pueden controlar, por ejemplo, los brazos y las piernas. Las células nerviosas, también llamadas moto-neuronas, envían mensajes que controlan esos músculos. Cuando las neuronas se enferman o se mueren, la comunicación entre el sistema nervioso y los músculos se interrumpe. Este tipo de enfermedad se clasifica como una neuropatía o una miopatía, dependiendo del origen del daño muscular. Los trastornos miopáticos ocurren cuando las fibras musculares mueren o se atrofian, e.g. Distrofia Muscular. Los trastornos neuropáticos ocurren cuando algunas neuronas motoras mueren y las supervivientes deben reinervar las fibras musculares huérfanas, p. ej. Esclerosis Lateral Amiotrófica (ELA). Como resultado, los músculos se debilitan y se consumen. La debilidad puede conducir a espasmos musculares, calambres, dolores y problemas articulares y del movimiento. Algunas veces, también afecta la función cardíaca y la capacidad para respirar (Feldman y cols., 2016).

La EMG es el procedimiento de electrofisiología que se utiliza para evaluar y diagnosticar estas ENM. Estas señales son una valiosa fuente de información sobre el funcionamiento y el estado del sistema musculo-esquelético. El análisis y comprensión de estas señales le permite a los clínicos expertos determinar el tipo de enfermedad que un paciente presenta. La Figura **3-1** muestra que, en general, el tamaño y la forma de los PAUMs detectados en los músculos afectados por un trastorno miopático son más pequeños y continuos debido a la mayor variabilidad de diámetro de las fibras musculares, mientras que las

formas de los PAUMs detectados en trastornos neuropáticos son de mayor amplitud que los detectados en los músculos normales y miopáticos. Específicamente los patrones de PAUMs neuropáticos presentan una reducción de los promedios de disparos y retrasos en el reclutamiento de las UMs dado que la reinervación conlleva a que las UMs tengan más fibras musculares produciendo más tensión y alcanzando el mismo nivel de contracción con menos UMs.



Figura 3-1.: Efectos de trastornos neuromusculares en las unidades motoras y fibras musculares, y sus potenciales de acción. A. Sujeto sano. B. Sujeto con neuropatía. C. Sujeto con miopatía.

La disponibilidad de un sistema que permita analizar estos patrones de manera automática en una señal EMG ha sido importante objeto de investigación en las últimas décadas, con el fin de obtener características cuantitativas neuromusculares, y que permita mejorar los métodos de diagnóstico con mayor especificidad, sensibilidad y repetibilidad. A ese tipo de técnicas se les conocen como electromiografía cuantitativa (EMGC).

3.2. Electromiografía cuantitativa

La electromiografía cuantitativa (EMGC) es el proceso de detección y análisis cuantitativo de señales EMG para la extracción de información clínicamente útil. Mediante el uso de la EMGC se puede medir y mostrar con precisión un conjunto completo de características, dejando una gran cantidad de información apropiada para realizar un diagnóstico certero.

Por este motivo, se han desarrollado varios algoritmos de análisis EMG cuantitativos basados en computadora para apoyar al clínico en el diagnóstico de ENM (Kaplanis y cols., 2009; Sanger, 2008; Burhade, 2016; Pino y cols., 2010; Istenič y cols., 2010; J. Yousefi y Hamilton-Wright, 2014; Gokgoz y Subasi, 2015; Naik y cols., 2016; Vallejo y Gallego, 2018). La mayoría de los algoritmos se basan en reconocer las características morfológicas a través de métodos sofisticados basados en la inteligencia artificial, como el ML y, más recientemente, el DL. Independientemente del método de IA, las características morfológicas útiles de las señales se extraen comúnmente en el dominio del tiempo de la señal, utilizando operadores de análisis de series de tiempo o en el dominio de frecuencia calculando las características espectrales después de la transformación de la señal.

Las características morfológicas cuantifican exhaustivamente las señales EMG para proporcionar métricas útiles para el diagnóstico preciso con alta sensibilidad y especificidad (J. Yousefi y Hamilton-Wright, 2014; Gokgoz y Subasi, 2015; Naik y cols., 2016). Por ejemplo, estadísticas de orden superior (Vallejo y Gallego, 2018; Verma y Gupta, 2020), selección de características y reducción de dimensionalidad (Gokgoz y Subasi, 2014; Subasi, 2012), coeficientes basados en la transformación de wavelet discreta (AlOmari y Liu, 2014; Subasi, 2013), Análisis de componentes independientes (Naik y cols., 2016), características analíticas calculadas sobre la descomposición de la señal (Dobrowolski y cols., 2012; Parsaei y cols., 2010) y uso de espectrogramas como datos de entrada en una red neuronal profunda (Sengur y cols., 2018, 2017).

Se han propuesto varios enfoques que emplean análisis de series de tiempo sobre la descomposición de la señal del EMG (J. Yousefi y Hamilton-Wright, 2014). G. R. Naik et al. (2016) presentaron una clasificación discriminante lineal basada en métricas de dominio del tiempo (Naik y cols., 2016). Estos se extrajeron utilizando la descomposición del modo empírico (EMD) de las señales, seguido de la selección de características utilizando el análisis de componentes independientes, logrando una precisión del 98 % en una base de datos de 250 registros. A pesar del rendimiento aceptable, los métodos que emplean las características de tiempo de las señales sufren de perder información valiosa en el dominio de frecuencia para la interpretación clínica y, a veces, las altas cargas computacionales y el tiempo de procesamiento (J. Yousefi y Hamilton-Wright, 2014).

Últimamente, el DL para la detección de trastornos neuromusculares está ganando atención (Subasi, 2013; Sengur y cols., 2018). Aquí, han informado la combinación de análisis espectral y redes neuronales convolucionales (CNN). Han obtenido espectrogramas de las señales utilizando la transformada de Wavelet continua (CWT, por su significado en inglés) y la distribución pseudo-Wigner-Ville suavizada (SPWVD). Luego aplicaron una CNN para clasificar estas características con 96.8 % de precisión. A. Sangur et al. (2018) obtuvieron una representación de frecuencia de tiempo de las señales utilizando la transformada de Fourier de tiempo corto (STFT, por su significado en inglés), seguido de una CNN para la clasificación. Reportaron una precisión del 96.69 %, pero solo considerando dos clases, neuropatía y sujetos de control.

A pesar del creciente interés en DL, la cantidad de datos necesarios para la capacitación y el aumento de los datos sigue siendo un problema que merece más investigación para diagnosticar los trastornos neuromusculares con validez clínica. Además, persiste la necesidad de la interpretabilidad clínica. Por lo tanto, se espera que el uso concurrente de características del dominio de tiempo y frecuencia, aún en combinación con los métodos de aprendizaje automático, aumente el rendimiento de clasificación actual, con métricas factibles a la interpretación clínica.

3.3. Clasificación de ENM

Con la motivación de obtener mejores tasas de clasificación y una clasificación más robusta, esta sección presenta el desarrollo de técnicas novedosas para analizar y clasificar señales EMG. Se ha implementado un sistema de reconocimiento de patrones que permite clasificar señales EMG, y detectar de manera automática y eficiente una neuropatía, una miopatía o descartar alguna enfermedad. El método se basa en la descomposición en sub-bandas en frecuencias de las señales, seguida de la extracción de características morfológicas de tiempo-frecuencia, que más tarde se utiliza para entrenar clasificadores de aprendizaje automático.

3.3.1. Metodología

La metodología propuesta para el desarrollo del sistema de clasificación para apoyo al diagnóstico de ENM, se basa en la reportada en (Torres-Castillo, 2018), consta de tres fases generales: 1) el preprocesamiento, filtrado y descomposición de las señales; 2) la extracción, selección y reducción de características; y 3) el entrenamiento (aprendizaje) y el reconocimiento (clasificación) de las ENM (Figura **3-2**).

3.3.2. Base de datos BD-EMG: Señales EMG de sujetos con ENM

En este estudio se utilizó una base de datos pública etiquetada como **BD-EMG** para tener una mejor referencia respecto a las otras bases de datos que se usaron en este estudio y que se mostraran mas adelante. **BD-EMG** fue construida en la Facultad de Ciencias de la Salud de la Universidad de Copenhague por M. Nikolic (Nikolic y Krarup, 2011). Esta base de datos ha sido utilizada en otros estudios (Nikolic y Krarup, 2011;



Figura 3-2.: Metodología propuesta para la construcción del sistema clasificador de señales EMG para el apoyo al diagnóstico de ENM propuesto. Se tienen en cuenta dos procedimientos generales, uno para el entrenamiento-aprendizaje y el otro para la predicción-clasificación.

Gokgoz y Subasi, 2014, 2015; Naik y cols., 2016; Sengur y cols., 2018; Vallejo y Gallego, 2018; Nagineni y cols., 2018; Jose y cols., 2019; Verma y Gupta, 2020). Dichos estudios se enfocaron en la detección automática de ENM usando señales EMG del musculo *biceps-braquii*, por lo que solo usaron un 30% (aproximadamente) del total de las señales EMG disponibles. En comparación, aquí se utiliza toda la base de datos, se tomaron todas las señales provenientes de diferentes músculos, lo que hace al estudio, un estudio relevante ya que es el estudio con la cantidad más significativa de datos disponibles.

Clase	No. De Sujetos	Hombre	Mujer	Edad (años)	No. Señales EMG	de
Miopatía	7	5	2	19-63	315	
ELA	8	4	4	35-67	323	
Normal (Control)	10	4	6	21-37	300	
Total	25	13	12	19-67	938	

Tabla 3-1.: Demografía de la base de datos de señales EMG (BD-EMG)

En la Tabla **3-1** se muestran los datos demográficos de la **BD-EMG**. M. Nikolic et al. (2001) indicaron que estas señales fueron adquiridas con un electrodo de aguja concéntri-

co estándar de 0.07 mm^2 conectados a un amplificador diferencial de alta impedancia (DISA, 15C01), que amplifica la señal 500 $\mu V/div$ (4000 veces). Ellos, establecieron como frecuencias de corte; 2 Hz para el filtro digital paso alto y 10 kHz para el filtro paso bajo, según lo establecido por Buchthal et al. (Buchthal y cols., 1954). La señal EMG finalmente se digitalizó a una frecuencia de muestreo de 23437.5 Hz, cuantificando las amplitudes en una resolución de 16 bits.

Los músculos involucrados correspondían al abductor *policis-brevis*, *bíceps-braquii* (parte larga y corta), *tríceps-braquii*, *deltoideus*, *tensor fasciae-latae* y *tibialis anterior*. El conjunto de datos tiene 938 señales divididas en tres grupos: un grupo de control de sujetos sanos sin antecedentes de trastornos neuromusculares, pacientes con miopatía y pacientes con una neuropatía específica conocida como esclerosis lateral amiotrófica (ELA). Los grupos con ELA y miopatía los diagnosticaron clínicamente utilizando tanto el análisis EMG como la evaluación física, el análisis de ADN, las biopsias musculares y diferentes pruebas electrodiagnósticas. La Figura **3-3** muestra el histograma con la distribución del número de señales por músculo en la base de datos. Esta base de datos tiene información desequilibrada para cada grupo.



Figura 3-3.: Histograma del número de señales por músculo registrado en la base de datos. Todas las 938 señales se han incluido en este estudio, que comprenden grabación en nueve sitios musculares diferentes.

3.3.3. Preprocesamiento de bioseñales EMG

El ruido inducido puede degradar la calidad de la señal EMG digitalizada a través de la red eléctrica y la instrumentación electrónica del equipo. Por esta razón, se implementó una etapa de preprocesamiento para eliminar estos artefactos. El tratamiento consiste en una serie de filtros digitales en cascada específicos de cada tipo de ruido. El primero es un filtro de rechaza banda (filtro Notch) que elimina la interferencia de cableado de potencia del dispositivo de adquisición. La frecuencia de corte se estableció a 50 Hz asignada al país del origen, donde se obtuvieron las señales.

La calidad de la señal es mayor si se realiza una supresión adecuada de las oscilaciones de linea base de baja frecuencia (OLB), que es un ruido producido por el movimiento involuntario del sujeto al registrar la señal. La supresión es esencial porque la OLB representa un problema en la descomposición y extracción de características. Por lo tanto, se usó un filtro *Butterworth* de paso alto de tercer orden, con una frecuencia de corte a 30 Hz.

El ruido inherente del amplificador se suprime modelándolo como ruido blanco gaussiano. El proceso de eliminación de ruido se llevó a cabo implementando la transformada Wavelet (WT) que permite una estimación de la señal EMG óptima, y se ha demostrado que elimina la interferencia en las señales fisiológicas (Kumar y Agnihotri, 2010; Awal y cols., 2014). Por otro lado, el WT no reduce la amplitud del PAUM, al igual que los filtros de paso bajo FIR y IIR, y produce una señal suave sin ruido. La Figura **4-3** muestra el proceso de filtrado de las señales EMG crudas, tomando como ejemplo una señal EMG por cada clase; saludable, miopático y neuropático. Estos procedimientos mejoran la precisión del proceso de clasificación.





3.3.4. Métodos de descomposición

Es común encontrar en señales EMG información redundante debido a la duración del registro y superposición de patrones anómalos dada la contracción isométrica a la que se somete el músculo evaluado, por lo que la opción óptima en la detección de patrones en estas bioseñales no es obtener información directamente de la EMG registrada. En su lugar, los métodos de descomposición permiten dilucidar la señal original dividiéndola en una serie de señales estacionarias y de preferencia ortogonales entre sí. Un ejemplo son los métodos de descomposición de modos empírica (EMD, por su significado en inglés) que tienen como objetivo extraer los componentes de amplitud oscilatoria (AM) y frecuencia (FM) de una señal.

EMD es un método adaptativo para el análisis de tiempo-frecuencia de señales no lineales y no estacionarias. Se ha utilizado en señales EMG para calcular la frecuencia media como una métrica de evaluación de fatiga muscular (Manjula y Sarma, 2012) y para la clasificación de trastornos neuromusculares (Altamirano-Altamirano y cols., 2016). El EMD tiene como objetivo descomponer la señal original en una representación multirresolución, que consiste en un conjunto finito de componentes oscilantes modulados en frecuencia y amplitud, llamadas funciones de modo intrínsecamente (FMI). Cada FMI debe cumplir con dos características fundamentales. Primero, los picos o valles y los cruces cero deben igual o diferir en la mayoría por uno en toda la señal. En segundo lugar, el valor medio de los sobres construidos por los máximos locales y los mínimos locales es cero en cualquier punto de la señal. El algoritmo numérico para obtener los FMI se describe en (N. Huang y cols., 1998).

La siguiente ecuación expresa la señal en términos de sus m funciones descompuestas, donde $r_M(t)$ es el residual monotónico.

$$x(t) = \sum_{i=1}^{m-1} FMI_i(t) + r_m(t)$$
(3-1)

Adicionalmente, existen otros métodos de descomposición robustos a la no linealidad de las señales EMG; Se centran en el uso del análisis de tiempo-frecuencia basado en wavelet (Christodoulou y Pattichis, 1999; J. Yousefi y Hamilton-Wright, 2014). En particular, la transformada de wavelet empírica (EWT, por su significado en inglés) (Dragomiretskiy y Zosso, 2014), se basa en construir una base de onda adaptativa para descomponer una señal dada, en bandas de frecuencia adaptativas mediante un banco de filtros de Wavelet construido a partir de segmentación de espectro basada en la detección máxima. Un método alternativo para la descomposición de Wavelet es la descomposición modal variacional (VMD, por su significado en inglés) (Xie y Wang, 2006). VMD es una técnica de descomposición de señales no recursiva, donde cada modo se considera en su mayoría compacto alrededor de una frecuencia central del centro. Descompone la señal en una serie de modos, cada uno con diferente energía, frecuencia central y ancho de banda de la señal, obtenido por la solución de optimización de un problema restringido variacional.

Tanto EWT como VMD son robustos al ruido y adecuados para la detección y segmentación de señales; Sin embargo, tienen la desventaja de requerir una selección a priori de parámetros de entrada, difícil de dilucidar para las señales complejas EMG con patrones superpuestos.

El método EEMD mejora la estabilidad de la descomposición frente a EMD, sin embargo, también tiene dificultades. De hecho, como consecuencia del algoritmo, la señal reconstruida (la suma de los modos y la tendencia final), contiene ruido residual debido a la obtención de modos espurios. Para lidiar con este problema, el novedoso algoritmo CEEM-DAN (Yeh y cols., 2010), reduce la contaminación de ruidos, agregando ruido blanco en pares a los datos originales para generar dos conjuntos de conjuntos de FMI. Donde la FMI final es el conjunto de los FMI con ruidos positivos y negativos.

Los métodos anteriores son sensibles al ruido, que se refleja en presencia de oscilaciones de misma amplitud en diferentes sub-bandas, un fenómeno conocido como mezcla de modos (Mandic y cols., 2013; Colominas y cols., 2014). La aplicación de la descomposición empírica en modos por conjunto (EEMD, por su significado en inglés) reduce este problema (J. Huang y cols., 2019). EEMD minimiza el problema de mezclar los modos aumentando el espacio de frecuencias de la señal agregando ruido blanco gaussiano a cada nivel de descomposición del FMI (Mishra, Bajaj, Kumar, y Singh, 2016) (ver el algoritmo completo en (Wu y Huang, 2009)).

Para ilustrar el proceso, la Figura **3-5** muestra la descomposición resultante debido al método EEMD en 13 FMI más el residual de una señal EMG preprocesada. Aquí, el método EEMD se propone como una metodología estándar para la descomposición correcta de las señales.

3.3.5. Extracción, selección y reducción de características

En esta sección, se explican los procedimientos que se llevaron acabo luego de realizar la descomposición de las señales. Primero se extrajeron características obteniendo descriptores en el espacio temporal y en frecuencia. Para la selección de características, combinamos la prueba *Kruskal-Wallis* y *Dunn*. El análisis discriminante lineal no correlacionado (ULDA, por su significado en inglés) se utilizó para la reducción de características. A



Figura 3-5.: Descomposición de una señal EMG en sus 13 FMI_i , i = 1, 2, ..., 13 y el residuo r_m usando el algoritmo EEMD.

continuación se muestra una explicación detallada de estos procedimientos:

3.3.5.1. Extracción de características con la transformada de Hilbert

Las características morfológicas y espaciales de la señal se pueden obtener automáticamente transformando la señal descompuesta en un conjunto de métricas cuantitativas mediante análisis matemático de cada FMI en el dominio del tiempo y en el espacio de frecuencia usando la transformada de Hilbert (Güler y Koçer, 2005).

Las características del dominio del tiempo son el enfoque más popular para las aplicaciones en tiempo real porque no es necesaria la transformación de datos. Las características más comunes del dominio del tiempo se basan en la amplitud y la morfología de la forma de onda, tales como: la longitud de la forma de onda (WL, por su significado en inglés), el número de cruces cero (ZC, por su significado en inglés), los cambios de señal de pendiente (SSC, por su significado en inglés), el cuadrado medio de la raíz (RMS, por su significado en inglés), coeficiente autorregresivo (AR, por su significado en inglés), valor absoluto medio (MAV, por su significado en inglés) y valor absoluto integrado (IAV, por su significado en inglés), como se define en (Naik y cols., 2016; Güler y Koçer, 2005; Torres-Castillo y cols., 2022).

Por otro lado, para obtener características valiosas en el dominio de frecuencia se usó la transformada de *Hilbert-Huang* (HHT, por su significado en inglés). La HHT consiste en la HT aplicada a cada FMI. De esta manera, la HHT permitió extraer características no paramétricas de frecuencia multirresolución de las señales. La HT se define como:

$$y_i(t) = H[FMI_i(t)] = \frac{1}{\pi} PV \int_{-\infty}^{\infty} \frac{FMI_i(\tau)}{t - \tau} d\tau$$
(3-2)

Donde, PV indica el valor del principio de *Cauchy*. Con esta definición es posible expresar x(t) de forma fasorial, de tal forma que podemos tener una señal analítica. Una señal analítica es una señal compleja que tiene representación en el espectro de Fourier en un solo cuadrante, correspondiente a las frecuencias positivas y que son adecuadas para conocer la frecuencia instantánea y la amplitud instantánea de las señales (Marple, 1999). Esta representación de la señal original en una señal analítica elimina la redundancia de información contenida en las frecuencias negativas del espectro (Pinzon-Morales, Baquero-Duarte, Orozco-Gutierrez, y Grisales-Palacio, 2011). La parte real de una señal analítica es la serie temporal original, mientras que la parte imaginaria es la transformada de *Hilbert*, de esta forma se puede expresar una función analítica como:

$$z_i(t) = FMI_i(t) + iH[FMI_i(t)] = a_i(t) \cdot e^{i\theta_i(t)}$$
(3-3)

donde,

$$a_i(t) = \sqrt{FMI_i(t)^2 + H[FMI_i(t)]^2}$$
(3-4)

$$\theta_i(t) = \arctan\left(\frac{H[FMI_i(t)]}{FMI_i(t)}\right) \tag{3-5}$$

$$\omega_i(t) = \frac{d\theta_i(t)}{dt} \tag{3-6}$$

Donde, $a_i(t)$, $\theta_i(t)$ y $\omega_i(t)$ son la amplitud, fase y frecuencia en el tiempo t de la iésima FMI. La densidad del espectro de potencia (PSD, por su significado en inglés) y la frecuencia instantánea media (FIM) de la FMI_i , con N datos son:

$$PSD_i(t) = \left|\frac{1}{2\pi}\omega_i(t)\right|^2 \tag{3-7}$$

$$FIM_{i}(t) = \frac{\sum_{j=1}^{N} \omega_{i}(j)a_{i}(j)}{\sum_{j=1}^{N} a_{i}(j)}$$
(3-8)

A partir de la FMI y PSD es posible obtener otras cuatro características en el dominio de frecuencia, lo que proporciona una mejor caracterización de la naturaleza no estacionaridad y no linealidad de la señal. Estas son, la primera derivada media de la FI (MFD), el ancho de banda modulado de amplitud (AMB), el ancho de banda modulado de frecuencia (FMB) y el momento espectral de la densidad de potencia (SMPSD) descritas en (Torres-Castillo y cols., 2022).

3.3.5.2. Reducción de características

Después de determinar los niveles de relevancia de las características de tiempo-frecuencia y cuáles tienen una diferencia estadística entre las distribuciones de datos de sujetos con ELA, con miopatía y sujetos normales, se llevó a cabo una encapsulación de datos para mapear las características a un espacio de dimensión más pequeña. En la actualidad, dos métodos estándar generalmente se aplican para la reducción de datos, el análisis de componentes principales (PCA, por su significado en inglés) (Gokgoz y Subasi, 2014; Sapsanis y cols., 2013) y el LDA (Ye y cols., 2006). Debido al sobremuestreo de los datos EMG de la señal utilizados en este estudio, el uso de PCA o LDA clásico parece inapropiado. En cambio, se utilizó el método ULDA. El ULDA permite encontrar un discriminante óptimo formando un vector base ortogonal sobre el mapa espacial de las características no correlacionadas. Por lo tanto, minimiza la redundancia entre las características y mejora los problemas relacionados con la singularidad (Chan y Green, 2007; Ye y cols., 2006), por lo que esta versión se adopta para reducir la dimensionalidad del conjunto de características resultante del proceso de selección. En consecuencia, la sobrecarga computacional asocia-da con el procedimiento de clasificación posterior disminuirá.

En este trabajo, los datos fueron divididos en dos tercios que se usaron en la tarea de selección y reducción de características para evitar el ajuste excesivo en la fase de entrenamiento y prueba. Para dividir los subconjuntos de muestreo, se aplicó el método de validación hold-out (Subasi, 2013). La evaluación discriminante del 70 % de los datos por clase (aproximadamente dos tercios de los datos) se ejecutó de la siguiente manera:

- Se tomó una muestra homogénea y aleatoria del 70 % de los sujetos en la base de datos preprocesada y luego se tomaron todas las señales de los sujetos para formar el conjunto de datos de capacitación, y el resto se dejó para ser usado en el conjunto de pruebas. Por ejemplo, hay siete sujetos con miopatía, cada uno con 10 grabaciones de EMG; Se tomaron cinco sujetos para la tarea de selección de características con 50 señales EMG para la clase miopática.
- Cada señal se descompuso con el HHT, y se obtuvieron los m FMI. Cada FMI se dividió en diez partes, y las 18 características de tiempo-frecuencia se extrajeron de cada parte. Con un total de n = 18 × m × 10 características por señal. Tres vectores de características se crearon concatenando todas las características por cada grupo; v_{ELA} [n], v_{normal} [n] y v_{myo} [n].
- Luego se realizó la prueba estadística no paramétrica de Kruskal-Wallis para validar cuáles de las 18 características extraídas pueden discriminar entre las clases. Luego se obtuvo el valor p de la prueba Kruskal-Wallis para cada característica F en cada FMI.
- ULDA se utiliza para reducir el subconjunto de características seleccionadas.

3.3.6. Entrenamiento y clasificación

La implementación de la metodología propuesta en la figura **3-2**, se realizó sobre los 938 registros de la base de datos de los sujetos, a partir de la etapa de preprocesamiento. La clasificación se llevó a cabo utilizando los tres métodos de ML seleccionados (LDA, árboles de decisión y KNN). Primero se obtuvieron las características tiempo-frecuencia de cada subbanda obtenida usando los cinco métodos de descomposición (EMD, EEMD, CEEMD, EWT y VMD). Esto se hizo con el fin de evaluar el rendimiento de cada método de descomposición. Todos estos métodos capturan la diversidad de frecuencia de las señales no estacionarias a través de su descomposición adaptativa a varias funciones de modo intrínseco (FMI).

En cada proceso se obtuvo como resultado un conjunto de datos ampliado de 938 a un máximo de 12194 señales a diferentes escalas, lo que proporcionó una mejor información para la clasificación. Esto se debe a que descomponer una señal EMG de un solo canal se

obtuvieron en promedio 13 FMI. Esta expansión se tradujo en un aumento sustancial de la información para extraer métricas o características sensibles al tiempo y a la frecuencia, expresando diferencias entre las clases de ENM.

Todas las señales de los subconjuntos de entrenamiento y validación se dividieron en 10 segmentos para formar un conjunto de datos de entrenamiento M_T con 6254 (el número de señales multiplicadas por el número de ventanas, multiplicadas por dos tercios de los conjuntos para la validación cruzada (938×10×2/3), y un conjunto de datos de validación M_V con 3126 entradas (938×10×1/3). A continuación, se calcularon 103 características discriminatorias en tiempo-frecuencia para ambos conjuntos M_T y M_V . Luego, se obtuvo la matriz de transformación $G^{(103\times2)}$ usando el método ULDA para reducir la dimensionalidad de ambos subconjuntos, para obtener finalmente los subconjuntos:

$$\begin{split} M_T^{6000\times 103} - &> M_T \cdot G_{ULDA} = M_T^{6000\times 2} \\ M_V^{3000\times 103} - &> M_v \cdot G_{ULDA} = M_v^{3000\times 2} \end{split}$$

Posteriormente, el conjunto de características reducidas. $M_T^{(6000\times2)}$ fue utilizado para entrenar los tres modelos clasificadores; LDA, KNN y árbol. Mientras $M_V^{(3000\times2)}$ Se utilizó para validar y comparar los tres modelos predictivos capacitados.

Las fases de capacitación y validación se realizaron iterativamente diez veces, para un total de 30 pruebas, es decir, $N_p = p \times k = 30 \text{ con } p = 10, k = 3$, con diferentes conjuntos de datos de capacitación y validación construidos desde diferentes características seleccionadas al azar para cada conjunto de sujetos con ENM por prueba.

3.4. Resultados y productos obtenidos

Como se mencionó, también se realizó todo el proceso de capacitación y validación para el EMD, CEEMDAN, EWT y VDM con fines comparativos. La comparación produjo los siguientes resultados ilustrados en la Figura **3-6**, utilizando los algoritmos de LDA, árboles de decisión y de KNN. Se puede observar que el clasificador KNN mostró una mayor precisión en cuatro de los cinco métodos de descomposición, solo en el caso de EMD se obtuvo un rendimiento más bajo. Con respecto a la comparación entre los métodos de descomposición, se observó un desempeño similar entre la EEMD y el EWT en general para los tres clasificadores, siendo la mejor combinación la constituida por la descomposición de EEMD con la clasificación de KNN. De hecho, el método EEMD mostró una mayor precisión para los tres clasificadores de aprendizaje de la máquina.



Figura 3-6.: Comparación de la precisión de detección de ENM utilizando diferentes métodos de clasificación con cinco métodos de descomposición de señales. Se puede observar un rendimiento similar entre la descomposición empírica del conjunto (EEMD) y la transformación empírica de wavelet (EWT), con, en cualquier caso, la mejor precisión, sensibilidad y especificidad para el método EEMD.

Los resultados de las fases de entrenamiento/validación del clasificador KNN con el que se obtuvo el mejor rendimiento se muestra en la Tabla **3-2**. La tabla muestra la matriz de confusión y las métricas clínicas asociadas con la capacidad de diagnóstico del clasificador con respecto a la sensibilidad, especificidad y precisión para la descomposición EEMD. Las matrices de confusión denotan: 1) el valor medio del número de veces en las treinta pruebas que se clasificó una señal entrante entre el grupo de ENM, y 2) la desviación estándar del valor medio en las treinta pruebas. La diagonal principal de estas matrices de confusión se resalta en negrita y representa las clasificaciones correctas para cada clase de ENM (valores verdaderos positivos).

Finalmente, la Figura **3-7** muestra el rendimiento de las métricas clínicas de la ejecución de treinta pruebas en la validación cruzada utilizando la descomposición EEMD. La columna izquierda muestra los resultados de las pruebas procesando y clasificando los 9380

Tabla 3-2.: Matriz de confusión obtenida promediando los resultados de clasificación de las 30 pruebas ($\mu \pm \sigma$) y sus métricas clínicas del mejor clasificador usando EEMD-HT, ULDA y KNN.

					Métricas	Resultados
Clase reconocida				ACC	0.994 ± 0.0024	
Entrada	ALS	Normal	Miopatía		SEALS	0.998 ± 0.0028
ALS	322 ± 1	0 ± 1	0 ± 1		SEMio	0.991 ± 0.0054
Normal	0 ± 1	298 ± 2	0 ± 1		SP	0.996 ± 0.0025
Miopatía	1 ± 2	1 ± 2	312 ± 2		PPV	0.994 ± 0.0024
					NPV	0.997 ± 0.0012

registros obtenidos por el ventaneo de cada una de las 938 señales EMG preprocesadas. Por otro lado, la columna derecha muestra los mismos gráficos, pero esta vez promediando los resultados obtenidos en las diez partes en las que se dividieron las señales.

En las Figuras **3-7** a), c) y e), se puede observar una baja variabilidad entre las pruebas. Se atribuye a la alta dimensionalidad de la información, congruente con las diferencias estadísticamente significativas en las métricas probabilísticas. En otras palabras, si hay suficiente cantidad de datos, los resultados de la clasificación serán más estables siempre que este clasificador tenga una alta tasa de predicción. Por otro lado, de las Figuras 3-7 b), d) y f), se puede inferir que el incremento en la variabilidad es consecuencia de un conjunto reducido de información. El clasificador LDA no ayudó a clasificar los segmentos de los sujetos con ninguna de las enfermedades neuromusculares, dadas las métricas observadas de sensibilidad y especificidad mostradas en la Figura 3-7(a). Por otro lado. utilizando el clasificador de árbol de decisión (ver Figura **3-7**(c)), se obtuvieron resultados superiores cuando las señales EMG del sujeto con ELA se clasificaron contra el clasificador LDA. Sin embargo, el clasificador KNN (ver Figura 3-7(e)) fue el mejor al determinar con más certeza de que la señal de EMG provino de un sujeto con ELA. Por lo que el clasificador KNN continúa siendo postulado como la mejor opción que mantiene el 99 %o más precisión en cada prueba, lo que demuestra la confiabilidad y la repetibilidad del método.

La metodología descrita en esta sección muestra resultados prometedores para clasificar ENM, dando relevancia al proceso de selección adecuado de características para reducir el tiempo de predicción y evitar la redundancia en la información, estableciendo a la red KNN como método supervisado de clasificación óptimo (exactitud > 99%). Es-

tos resultados infieren que la metodología propuesta es de gran utilidad para apoyar en el diagnóstico de trastornos neuromusculares, resaltando la descomposición de la señal EMG usando la EEMD como una técnica de descomposición automatizada y efectiva para señales biológicas.

3.5. Conclusiones

El enfoque prometedor propuesto basado en la descomposición adaptativa de la señal EMG no estacionaria en subbandas de frecuencia tiene la novedad de ayudar con el problema de la información superpuesta debido a los múltiples eventos involucrados en una contracción muscular. Esto facilita la extracción de características relacionadas con estos eventos, explorando la diversidad de frecuencia de tiempo de las señales para lograr un método de detección NMD confiable.

Sin embargo, este trabajo ha demostrado que los resultados de detección no varían significativamente entre los métodos de descomposición evaluados. Se encontraron valores ligeramente más altos para EEMD y EWT. Sin embargo, todos los métodos lograron una precisión superior al 95 %. Por lo tanto, los métodos de extracción y reducción de características son un paso crucial para comprender los mecanismos que ocurren en una ENM.

Los experimentos permiten determinar las mejores opciones de clasificadores para diagnosticar trastornos neuromusculares, presentando como el mejor sistema de clasificación, el compuesto por el clasificador EEMD y KNN. Ha sido posible obtener una precisión de hasta 99.4 %, una sensibilidad a la esclerosis lateral amiotrófica de 99.8 % y 99.1 % para pacientes miopáticos, una especificidad de 99.6 % y un valor predictivo positivo de 99.4 %.

En resumen, el método propuesto logra interpretar adecuadamente la información extraída del análisis cuantitativo de la señal EMG y transformarla en conocimiento coherente para la práctica clínica actual. Por lo tanto, es un esquema adecuado para un sistema de apoyo a la decisión clínica, que proporciona una herramienta valiosa para que los neurofisiólogos clasifiquen las señales EMG.

Los resultados de diagnóstico podrían validarse aún más en el trabajo futuro con conjuntos de datos más grande, y el enfoque propuesto puede aplicarse potencialmente a otras señales fisiológicas.



Figura 3-7.: Índices clínicos en cada una de las pruebas realizadas en la validación cruzada utilizando la descomposición de la señal EEMD. a) Clasificador LDA con 9380 subconjuntos. b) Clasificador LDA con las 938 señales. c) Clasificador de árbol de decisión con 9380 subconjuntos. d) Clasificador de árbol de decisión con las 938 señales. e) Clasificador KNN con 9380 subconjuntos. f) Clasificador KNN con las 938 señales.

4. Detección de Potenciales de Accion de Unidades Motoras (PAUMs)

4.1. Introducción

Detectar automáticamente una ENM a partir de la señal EMG es útil como herramienta de diagnóstico. Sin embargo, para que el electrofisiólogo pueda caracterizar un músculo con mayor detenimiento y determinar el grado de afección que presenta el paciente, es necesario encontrar las características de un PAUM individual, como la forma de las ondas y el patrón de disparo, lo que proporciona detalles críticos sobre la salud del sistema nervioso. Para lograr esto es necesario usar herramientas computacionales que permitan descomponer la señal EMG en sus diferentes PAUMs y formar los trenes de PAUMs (TPAUMs) generados por las unidades motoras (MUs) que se reclutan durante la contracción muscular (ver Figura 4-1). Cada TPAUM está hecho de una serie de descargas intermitentes que toman la forma de potenciales de acción de unidades motoras individuales dispersos espacialmente (Dumitru y cols., 2002).

En las últimas décadas, muchos investigadores han tratado de desarrollar técnicas avanzadas de descomposición de EMG (Dobrowolski y cols., 2012; Jahromi y cols., 2018). Una propuesta para mejorar el estado del arte es usar el algoritmo MTEO ampliamente usado en detección de picos en señales neurológicas (EEG) (Sedghamiz y Santonocito, 2016; Nenadic y Burdick, 2005). En este proyecto, se traslada la metodología al análisis de picos en ENM.

4.2. Metodología

Para detectar los PAUMs a partir de una señal EMG pura, se debe aplicar el modelo de detección que se muestra en la Figura **4-2**, el cual consiste en la mejora de la señal a partir de la eliminación de ruido, el cálculo de la MTEO (Multiresolution Teager Energy Operator, por su significado en inglés), el suavizado de la señal y la determinación del umbral estadístico.

La Figura 4-2 se muestran el procedimiento para la detección de picos en señales EMG.



Figura 4-1.: Morfología de la señal EMG descompuesta en sus TPAUMs.



Figura 4-2.: Sistema propuesto para la detección de PAUMs.

Para seguir este procedimiento, la señal es procesada usando la metodología de la sección 3.3.3 para el pre-procesamiento. Posteriormente, se sigue el algoritmo MTEO, que se explica más adelante, se suaviza la señal y se determinan los umbrales estadísticos.

El procedimiento de filtrado, siempre es necesario y es fundamental en el preprocesamiento de las señales. En la Figura **4-3** se muestra un ejemplo del método de filtrado aplicado a señales EMG. Específicamente, las primeras tres representaciones, son una señal de un sujeto con ALS, miopático y normal respectivamente. Posteriormente, en la siguiente fila, se muestran las señales procesadas incluyendo un filtro pasa altas a 30 Hz y finalmente en la tercera fila, se muestra el resultado del método de filtrado de la señal por completo. Este algoritmo permite obtener una señal muy limpia, optimizada para la etapa de extracción de PAUMs a través de MTEO.





4.2.1. Cálculo del operador de energía Teager

Los PAUMs tienen una amplitud y una frecuencia instantánea típicamente alta. El operador de energía Teager (TEO, por su significado en inglés) es un tipo de análisis de tiempo-frecuencia, el cual ha sido empleado en muchas aplicaciones en diferentes procesamientos de señales (Choi y cols., 2006). Éste se define como,

$$\phi[x(nT)] = x^2(nT) - x(nT - T)x(nT + T)$$
(4-1)

Sin embargo, existe una versión multiresolución de dicho operador que se conoce como K-TEO que es una versión en la que x(nT - T)x(nT + T) es remplazado por x(nT - kT)x(nT + kT), donde k es un entero arbitrario llamado el parámetro de retraso y T es la tasa de muestreo. Lo que quiere decir este nuevo operador es que, TEO se puede sintonizar para ser sensible a frecuencias más específicas. K-TEO es una herramienta atractiva debido a su bajo poder y eficacia computacional en comparación con otros enfoques de tiempo-frecuencia, como la transformada de *wavelet* continua (CWT), por lo que es usado en este trabajo para mejorar los resultados de la identificación de PAUMs.

Sea x(nT) la señal EMG sin procesar para n = 1, 2, 3, ..., N, donde N es el número de señales muestreadas. El K-TEO se define como,

$$Y_k(nT) = x^2(nT) - x(nT - kT)x(nT + kT)$$
(4-2)

donde la elección de k se basa en el período del pico que se está buscando, el cual se emplea para determinar picos estrechamente espaciados. De hecho, aumentar k hace que el detector sea menos sensible a las frecuencias más altas y más sensible a las frecuencias más bajas. La salida final t(nT) se calcula como,

$$t(nT) = max[\widehat{Y}_1(nT), \widehat{Y}_2(nT), \dots, \widehat{Y}_k(nT)]$$

$$(4-3)$$

donde $\widehat{Y}_k(nT)$ es $Y_k(nT)$ después de que ésta se suaviza con una ventana de Hamming de tamaño 4k + 1 y se normaliza mediante la varianza al cuadrado en la escala k.

4.2.2. Umbral estadístico

Después de esto, se determina el tiempo de llegada de los PAUMs en t(nT), se emplean pruebas estadísticas que implican el planteamiento de hipótesis nulas binarias. Se definen las hipótesis binarias como H_o cuando el PAUM no está presente, y H_1 cuando tanto el PAUM como el ruido están presentes, generando al final una señal que contiene las muestras de los PAUMs.

$$MU(nT) = \{t(nT) \ge TH_2\} \tag{4-4}$$

La salida final del algoritmo de detección PAUMs es un conjunto de los índices máximos locales $D = \{d_1, d_2, \ldots, d_m\}$ en MU(nT) que están al menos a 1 ms de distancia. La extracción de estos puntos mejora la velocidad del procedimiento de coincidencia de formas de onda, lo que permite la detección del potencial de acción no supervisada a una baja relación señal-ruido.



Figura 4-4.: Algoritmo de implementación MTEO (Sedghamiz y Santonocito, 2016)

4.2.3. Alineación y agrupamiento

Generalmente, los potenciales de acción se alinean de acuerdo con sus puntos de cruce de umbral, es decir, picos positivos, picos negativos o extremos globales. Sin embargo, bajo una SNR baja, dicha alineación se complica, puesto que el ruido de fondo llega a deformar las principales características de la onda (ver Figura 4-5) (Sedghamiz y Santonocito, 2016).

Finalmente, luego de aplicar los pasos anteriormente mencionados se obtiene información relevante que permitirá obtener los PAUMs de la señal EMG y los patrones de las UM.

4.3. Resultados y productos obtenidos

A continuación, se presentan los trenes de potencial de unidad motora TPAUMs de una señal que ha sido clasificada como de un sujeto de prueba normal, uno miopático y uno con ELA. La plantilla muestra la señal EMG preprocesada eliminando las señales de ruido, muestra las posiciones en el tiempo de los PAUMs que presentan características



Figura 4-5.: Métodos de alineación: a) Segmentos deformados b) Alineación de extremo global c) Alineación MTEO paso 1 d) Alineación MTEO paso 2.

morfológicas similares encontradas en la señal EMG y los *templetes* que se encuentran con mayor frecuencia en la señal de forma individual y superponiendo su promedio. En este caso, las formas de onda indican las diferentes morfologías encontradas en la señal que son representativas y se distribuyen de manera cuasi-uniforme y con alta frecuencia de aparición en la señal EMG.



Figura 4-6.: Detección y segmentación de una señal EMG de un sujeto normal con el método propuesto. A) Plantillas de los PAUMs detectados en la señal. B) Señal preprocesada. C) Patrón de disparo de las UM.

Para una señal EMG normal que ha sido preprocesada (ver Figura **4-6** A) se detectaron cuatro PAUMs que aparecían con mayor frecuencia en la señal (ver Figura **4-6** B), de los cuales son representativos los tres primeros, teniendo en cuenta el diagrama de posiciones temporales de la Figura **4-6** C. Dicho resultado, fue optimizado gracias a la implementación del operador K-TEO del método multiresolución propuesto. Las unidades motoras encontradas en la señal normal presentan una morfología suave y definida con pequeñas variaciones en la amplitud, pero que son normales para este tipo de señales, a pesar de sus pequeñas variaciones en la amplitud, su morfología es estable y representa las unidades motoras de un sujeto normal, mostrando así la eficiencia de detección de PAUMs del método utilizado.



Figura 4-7.: Detección y segmentación de una señal EMG de un sujeto con ELA con el método propuesto. A) Plantillas de los PAUMs detectados en la señal. B) Señal preprocesada. C) Patrón de disparo de las UM.

Para una señal EMG de un sujeto con ELA que ha sido preprocesada (ver Figura 4-7 A) se detectaron cuatro PAUMs que aparecían con mayor frecuencia en la señal (ver Figura 4-7 B), de los cuales son representativos únicamente las dos primeras TPAUMs, teniendo en cuenta el diagrama de posiciones temporales de la Figura 4-7 C). Las unidades motoras encontradas tienen una morfología similar a la de un sujeto normal. Sin embargo, teniendo en cuenta las PAUMs más probables de una señal normal, hay variaciones que no permiten la clasificación de estas como PAUMs normales.



Figura 4-8.: Segmentación de una señal EMG de un sujeto con miopatía con el método propuesto. A) Plantillas de los PAUMs detectados en la señal. B) Señal preprocesada. C) Patrón de disparo de las UM.

Para una señal EMG de un sujeto miopático que ha sido preprocesada también (ver Figura **4-8** A) se detectaron cuatro PAUMs que aparecían con mayor frecuencia en la señal (ver Figura **4-8** B), de los cuales son representativos únicamente dos TPAUMs, teniendo en cuenta el diagrama de posiciones temporales de la Figura **4-8** C). Las unidades motoras encontradas presentan una variación morfológica con respecto a la anterior, evidenciando la aparición de otros picos característicos de este tipo de enfermedad.

4.4. Conclusiones

El algoritmo MTEO apunta a detectar y segmentar de forma adaptativa la señal no estacionaria en sus unidades principales conocidas como potenciales de acción de unidad motora (PAUMs) de manera automática. Esto difiere del método usado en la práctica clínica en el cual se detectan estos PAUMs de manera manual con un alto grado de dependencia en la experiencia del electro-fisiólogo. Esta individualización permite a los médicos evaluar al paciente y diagnosticar alguna ENM específica para generar el tratamiento adecuado.

Si bien, las formas de onda promedio encontradas coinciden con las plantillas preestablecidas reportadas en la literatura clínica, es necesario que para hacer un proceso de
validación completo un electrofisiólogo experto señale si los PAUMs detectados coinciden con los encontrados en la señal, unido a esto, es necesario que para garantizar su reproducibilidad se obtenga muchos más datos.

5. Enfermedades del corazón: Detección de latidos cardiacos

El trabajo previamente desarrollado con las señales EMG, proporcionó una herramienta para la detección de picos. Se ha encontrado una gran utilidad de esta técnica en la detección de latidos cardiacos, por lo que se hace uso de las técnicas desarrolladas para el análisis de señales ECG. A partir de los latidos detectados, los especialistas pueden evaluar y diagnosticar una EC.

Si bien, apoyar al diagnostico de ambas enfermedades (ENM y EC) es importante, existe un mayor interés en aportar herramientas que ayuden a diagnosticar una EC, ya que estas son la principal causa de muerte en el mundo. De acuerdo con esto, existe una comunidad científica grande interesada en el desarrollo de algoritmos de detección automáticos, para que el médico involucre más tiempo en establecer un tratamiento adecuado, se disminuya el tiempo de consulta y se aumente el número pacientes atendidos (Serhani y cols., 2020). Así mismo, diferentes centros médicos en el mundo han querido contribuir en gran medida en esta problemática, y han puesto a disposición del dominio público diferentes bases de datos con señales ECG procedentes de pacientes con variedad de características demográficas, diagnosticados con diferentes EC (Physionet, 2019).

En este capítulo se resalta la importancia del diagnostico de EC asociadas principalmente al ritmo cardiaco. A su vez se describe la utilidad de desarrollar métodos automáticos para el apoyo al diagnóstico clínico. Se explica el algoritmo KTEO que fue escalado a la detección de latidos cardiacos en señales ECG y por último, se describe el desarrollo inicial de un clasificador de EC usando *deeplearning*.

5.1. Introducción

Las enfermedades cardíacas son enfermedades no transmisibles que causan millones de muertes al año en todo el mundo. En 2018, casi el 26 % de las muertes a nivel mundial fueron causadas por enfermedades cardíacas y accidentes cerebrovasculares. Ha permanecido así durante los últimos 15 años. En México, en el mismo año, la enfermedad cardíaca fue la principal causa de muerte (21 % de las muertes se debieron a esta causa). Las per-

sonas con enfermedades cardíacas son muy vulnerables a las infecciones por bacterias y virus (Araujo y cols., 2020).

Como se mencionó anteriormente, la técnica usada para detectar EC es el ECG que mide la actividad eléctrica del corazón y se ha utilizado ampliamente debido a su simplicidad y naturaleza no invasiva. Al analizar la señal eléctrica de cada latido del corazón, es decir, la combinación de formas de onda de impulso de acción producidas por diferentes tejidos cardíacos especializados que se encuentran en el corazón, es posible detectar algunas de sus anomalías (Qiu y cols., 2018).

La detección de arritmias es uno de los objetivos finales de la monitorización de ECG de rutina, y la contracción ventricular prematura (CVP) y latido supraventricular prematuro (LSP) son las dos arritmias más comunes, las cuales pueden estar presentes de forma temprana, alertando un potencial riesgo de enfermedad grave. El aumento de estos latidos puede ser un precursor de un accidente cerebrovascular o muerte cardíaca súbita (Oster y cols., 2015). Aunque sus métodos de detección han sido objeto de un seguimiento riguroso durante las últimas décadas, las detecciones precisas y sólidas siguen siendo un desafío en entornos ruidosos o de baja calidad de señal, especialmente para las formas de onda de ECG monitoreadas diariamente.

5.2. Metodología

Para detectar los latidos cardiacos a partir de una señal ECG pura, se ha implementado el modelo de detección que se muestra en la Figura 5-1, se basa en las técnicas aplicadas a las señales EMG explicadas en el capitulo 4. Los latidos cardiacos tienen una amplitud alta y una frecuencia instantánea típicamente baja.



Figura 5-1.: Efectos del operador KTEO sobre una señal ECG.

Es cierto que muchos de los algoritmos de detección de latidos cardiacos desarrollados pueden alcanzar una alta precisión (más del 96% en sensibilidad y predictividad positiva) cuando se prueban en las bases de datos estándar de ECG como la base de datos de arritmias MIT-BIH o la base de datos AHA (Oster y cols., 2015). Sin embargo, estos algoritmos pueden fallar cuando se utilizan en un entorno ruidoso. Especialmente, incluso la detección básica del complejo QRS puede no ser válida en el análisis de ECG de baja calidad de señal (F. Liu y cols., 2018). Un estudio reciente confirmó que ninguno de los algoritmos de detección de picos QRS comunes puede obtener una precisión de detección del 80% cuando se prueba en una base de datos de ECG dinámica y ruidosa. En el desafío Physiological Signal Challenge 2020, han proporcionado una nueva base de datos de ECG que contiene registros de ECG ruidosos a largo plazo de pacientes con arritmia clínica, para alentar a los participantes a desarrollar algoritmos más eficientes y sólidos para la detección de latidos cardiacos (Cai y cols., 2020).

5.2.1. Base de datos ECG-1Lead (Detección de latidos cardiacos)

La base de datos ECG-1Lead contiene señales ECG reales que constan de 10 registros de una sola derivación recopilados de pacientes con arritmias, cada uno de los cuales dura aproximadamente 24 horas (ver Tabla **5-1**). Todos los datos se recopilaron mediante un dispositivo de ECG portátil unificado con una frecuencia de muestreo de 400 Hz y están en formato MATLAB (cada uno incluye tres archivos *.*mat*: uno son datos de ECG y otros dos son los archivos de anotaciones de latido normal, contracción ventricular prematura (CVP) y latido supraventricular prematuro (LSP)) (Cai y cols., 2020). Las anotaciones fueron etiquetadas y confirmadas por cardiólogos y médicos voluntarios capacitados.

5.3. Resultados y discusión

Anteriormente se realizó la aplicación del operador KTEO para la identificación de PAUMs en una señal EMG. Debido a la naturaleza similar que existe entre las señales ECG y EMG, se previó conveniente comprobar la utilidad de esa técnica detectando latidos en la señal ECG. Posterior a la aplicación, se realizaron pruebas estadísticas que permitieron evaluar la eficiencia y especificidad del método de la Figura **5-1**.

Para comparar la utilidad del método propuesto primero se implementó el algoritmo de detección de Pan-Tompkins que es el método más robusto y confiable para la detección de latidos (F. Liu y cols., 2018). Involucra una serie de filtros y operadores de tipo paso bajo, paso alto, derivador, elevación al cuadrado, integrador, umbralización adaptiva y procedimientos de búsqueda. En la Figura **5-2** se puede ver un fragmento de la señal A04,

Registro	Paciente	Longitud	# Latido	# Latido	# Latido	# Total lati-
	con FA?	(h)	Normal	CPV	LSP	dos cardiacos
A01	No	25.89	109,062	0	24	109,086
A02	Si	22.83	$98,\!936$	4,554	0	103,49
A03	Si	24.70	$137,\!249$	382	0	137,631
A04	No	24.51	77,812	19,024	3,466	100,302
A05	No	23.57	94,614	1	25	94,64
A06	No	24.59	77,621	0	6	77,627
A07	No	23.11	$73,\!325$	$15,\!15$	3,481	$91,\!956$
A08	Si	25.46	$115,\!518$	2,793	0	118,311
A09	No	25.84	88,229	2	1,462	89,693
A10	No	23.64	$72,\!821$	169	9,071	82,061

Tabla 5-1.: ECG-1Lead: Base de datos de señales ECG de una derivación con anotacionesde latidos anormales.

proveniente de un sujeto sin diagnóstico de FA. Adicional se muestran las anotaciones manuales hechas por cardiólogos, en contraste con las anotaciones hechas al detectar automáticamente los latidos usando la técnica de Pan Tompkins. En la Figura 5-2(B), se tiene la gráfica con los intervalos R-R (tiempo transcurrido entre cada pico detectado).

En la Figura 5-2(C), se tiene la variabilidad de la frecuencia cardiaca que hace referencia a la variación en el tiempo que transcurre entre los intervalos R-R. Su aumento se considera un factor protector para el corazón y su medición suele ser una herramienta predictiva temprana o diagnóstica en enfermedades cardiovasculares.

En la Figura 5-3 se tiene el mismo segmento ECG analizado en la Figura 5-2, pero con un cambio el método de detección automático, para ese caso se usó el operador KTEO. Al comparar estos dos métodos, se observa que ambos funcionan adecuadamente al detectar latidos que presentan una morfología normal, sin embargo, distan de ser igual de precisos al detectar latidos con menor amplitud a la normal. Esto se ve reflejado en las gráficas de variabilidad de frecuencia cardiaca, con el método Pan Tompkins se puede detectar una anomalía al en los primeros 3 segundos del fragmento de ECG (ver 5-2(C)) y luego es constante su variabilidad. Esto se puede interpretar erróneamente como un registro ECG sano. El error recae en la detección inadecuada de los latidos anormales.

En el caso de la Figura 5-3, se observa una precisión exacta en la detección de latidos cardiacos (ver Figura 5-3(A)), mostrando una variabilidad de frecuencia cardiaca anormal



Figura 5-2.: Detección de latidos cardiacos de la señal ECG del registro A04. A) Señal ECG con las anotaciones hechas por cardiólogos y por el método automático Pan Tompkins. B) Gráfica de intervalos R-R. C) Variabilidad del ritmo cardíaco.

en más del 80% del fragmento analizado (ver Figura 5-3(B)). Dando indicios de una afección cardiaca severa con altas posibilidades de generar una enfermedad crónica.

5.4. Conclusiones

Este capítulo presenta un breve estudio de los algoritmos de detección del complejo QRS basado en la literatura, para averiguar el algoritmo más adecuado para el análisis cardíaco en función de factores como la robustez al ruido, la carga computacional y la sensibilidad. Para el preprocesamiento del ECG filtrado, se sugiere la derivada de primer orden porque implica una menor carga computacional con una alta precisión. Sin embargo, este enfoque es sensible al ruido y, por tanto, la técnica de umbral adaptativo es la ideal para señales con relación señal-ruido baja. Las técnicas de Pan Tomkins y KTEO pueden desarrollarse firmemente para detectar las ondas QRS porque la combinación implica una menor carga computacional y logra una mayor precisión adecuada para aplicaciones en tiempo real. Sin embargo, la aproximación clásica de Pan-Tompkins es mostrada como una buena alternativa empleada en la mayoría de los trabajos de clasificación de arritmias. Pero este



Figura 5-3.: Detección de latidos cardiacos de la señal ECG del registro A04. A) Señal ECG con las anotaciones hechas por cardiólogos y por el método automático KTEO. B) Gráfica de intervalos R-R. C) Variabilidad del ritmo cardíaco.

método no es muy robusto ante problemas de detección de picos QRS que tienen baja amplitud. Sin embargo, los detectores de QRS desarrollados, basados en los algoritmos sugeridos, pueden ser útiles para detectar varios trastornos cardíacos y llevar un estilo de vida saludable y seguro.

A pesar de los numerosos algoritmos publicados en la literatura, no se discute su utilidad clínica. Sin embargo, es difícil que un algoritmo mencione su importancia y utilidad desde el punto de vista clínico. Según el conocimiento del autor, ninguno de los algoritmos discutidos ha sido implementado y verificado en un entorno clínico u hospitalario. Por lo tanto, también se sugiere que los nuevos algoritmos desarrollados para un detector de QRS robusto y fiable basado en los factores deben ser implementados y verificados en el entorno clínico.

6. Clasificación de enfermedades cardiacas usando ECG de 12 derivaciones

En esta etapa se ha incorporado al sistema de caracterización de EC, una técnica novedosa de reconocimiento de patrones para la clasificación automática de señales ECG entre grupos de enfermedades y sujetos sanos. Para esta tarea se ha dispuesto de la técnica de detección automática de latidos cardiacos presentada en el capitulo 5 como técnica de preprocesamiento de señales ECG para luego usar esos datos de entrada en el modelo predictivo basado en redes neuronales convolucionales.

6.1. Introducción

Es habitual en la práctica clínica diagnosticar diferentes tipos de arritmias cardiacas usando el estándar de oro de ECG de 12 derivaciones (ECG-12) (Srinivasan y Schilling, 2018). El ECG-12 es una técnica que capta la actividad eléctrica implicada en el funcionamiento del corazón desde 12 perspectivas diferentes, entregando 12 señales de ECG tomadas al mismo tiempo y suelen ser de corta duración (5s – 20s). Para obtener un ECG-12 se usan 10 electrodos y uno de ellos sirve como referencia a otros (generalmente es la pierna derecha). La configuración de las 12 derivaciones se puede ver en la Figura **6-1** (cuatro electrodos se colocan en la pierna derecha (RL), el brazo derecho (RA), la pierna izquierda (LL) y el brazo izquierdo (LA) respectivamente y seis en el cofre (V1– V6)). Las derivaciones de las extremidades reflejan la condición del plano del vector cardíaco y el sistema de derivaciones en el pecho refleja el horizontal. Un ECG de 12 derivaciones puede proporcionar suficiente información para el diagnóstico de varias enfermedades, y también puede usarse para determinar la ubicación de la anormalidad.

El análisis de estas señales es fundamental para un diagnóstico adecuado. La detección precoz de las AC y su tratamiento para la prevención de la muerte súbita cardíaca (MSC) representa una importante oportunidad para reducir aún más la mortalidad. Este análisis requiere de: a) equipos clínicos de alto costo y b) médicos experimentados con alto conocimiento en diferentes ACs. Lo anterior hace que sea difícil obtener un diagnóstico



Figura 6-1.: Diagrama esquemático del ECG de 12 derivaciones: 4 electrodos en las extremidades (RA, LA, RL, LL) y 6 electrodos en el pecho (V1-V6), Imagen tomada de (X. Liu y cols., 2021)

preciso en muchos lugares, especialmente en los países en desarrollo. Además, los médicos toman bastante tiempo al analizar un ECG de 12 derivaciones, ya que realizan un análisis detallado de la morfología de cada ritmo y luego correlacionan los segmentos irregulares entre los diferentes derivaciones para detectar una AC específica. En consecuencia, este capítulo presenta una forma de obtener automáticamente dicho análisis para ayudar al médico en la tarea de diagnóstico.

6.2. Estado del arte

Recientemente, se ha centrado una investigación cada vez mayor en la detección automática de ACs utilizando ECG-12. Los estudios más prometedores se basan en métodos de aprendizaje automático (ML) y aprendizaje profundo (DL) (Ebrahimi y cols., 2020). Teóricamente, la mayoría de estos algoritmos logran precisiones > 90 % en la clasificación de ACs. Sin embargo, el resultado prometedor de esas pruebas es una consecuencia del uso de conjuntos de datos pequeños y homogéneos. Por lo tanto, A. Pérez y cols. (Alday y cols., 2020) propusieron reunir múltiples bases de datos mundiales con más de 100 clases de ACs y lanzaron el reto Physionet/CinC 2020. En ese desafío, evaluaron 41 algoritmos en la etapa final (conjunto de pruebas) desarrollados por diferentes grupos académicos e industriales. Uno de los resultados fue que ningún algoritmo excedió el 55 % de la máxima puntuación propuesta, principalmente debido a la baja generalización de los algoritmos computacionales frente a datos que provienen de diferentes fuentes incluyendo el desbalance, la variedad de clases y múltiples diagnósticos por señal.

Por lo tanto, hemos desarrollado un sistema de clasificación de ECG-12, empleando una técnica novedosa que permite lograr una mayor eficiencia en la tarea de detección de ACs de manera automatizada.

6.3. ECG-12 derivaciones: Base de datos con señales ECG de 12 derivaciones

Durante la última década, ha habido un número creciente de intentos de estimular la clasificación de señales ECG de 12 derivaciones. Muchos de estos algoritmos parecen tener el potencial de identificar con precisión anomalías cardíacas. Sin embargo, la mayoría de estos métodos solo se han probado o desarrollado en conjuntos de datos únicos, pequeños o relativamente homogéneos. PhysioNet / Computing in Cardiology Challenge 2021 ha brindado la oportunidad de abordar este problema proporcionando una base de datos mucho más representativa (Reyna y cols., 2021).

Esta base de datos contiene 88.253 registros de ECG de 12 derivaciones que han sido etiquetados entre 132 clases de AC y clase de ritmo sinusal normal (RSN), de los cuales 30 tipos son los más relevantes en la práctica clínica, y se optaron para ser usados en el desarrollo y evaluación de los algoritmos presentados, la descripción detallada de estos datos es presentada en (Reyna y cols., 2021).

Para la tarea de análisis y entrenamiento, solo tomamos las señales con AC válidas, y para las señales con múltiples diagnósticos de AC, hacemos una copia para cada clase. Asimismo, reemplazamos cuatro clases que presentaban similitud según (Reyna y cols., 2021), obteniendo 25 clases de ACs y la clase NSR al final.

La Figura 6-2 muestra el histograma de los datos por clase de ACs después de este procedimiento. Tenemos un total de 111.425 registros de ECG de 12 derivaciones. Este conjunto de datos se dividió estratificadamente en conjuntos de entrenamiento/validación y de prueba, utilizando el 85 % y el 15 % de los datos, respectivamente.

ECG-12
leads se compone de cinco fuentes diferentes. Dos fuentes se dividieron para formar
 conjuntos de entrenamiento, validación y pruebas; dos fuentes se incluyeron sólo como
 datos de capacitación; y una fuente se incluyó sólo como datos de prueba. Estas fuentes



Figura 6-2.: Histograma de los datos por clase de AC en la base de datos ECG-12leads.

de datos de ECG se describen a continuación y se resumen en la Tabla 6-1.

- CPSC. La primera fuente es el China Physiological Signal Challenge 2018 (CPSC2018), celebrado durante la 7a Conferencia Internacional de Ingeniería Biomédica y Biotecnología en Nanjing, China (F. Liu y cols., 2018).
- INCART. La segunda fuente es el conjunto de datos público del Instituto de Técnicas Cardiológicas de San Petersburgo (INCART) base de datos de arritmias de 12 frente, San Petersburgo, Federación de Rusia, que se publica en PhysioNet (Tihonenko y cols., 2018).
- PTB y PTB-XL. La tercera fuente es la base de datos Physikalisch-Technische Bundesanstalt (PTB), Brunswick, Alemania. Esta fuente incluye dos bases de datos: la base de datos de ECG de diagnóstico PTB (Bousseljot y cols., 1995) y la base de datos PTB-XL (Wagner y cols., 2020).

6.4. Metodología

El enfoque se basa inicialmente en técnicas de aprendizaje profundo para el diagnóstico de AC implementadas en (Torres-Castillo y cols., 2020). En dicho estudio, se usó una red neuronal profunda paralela en la que cada señal se representa como una imagen que contiene información de tiempo-frecuencia, y luego esas imágenes se utilizan como datos de entrada en una red neuronal convolucional (2D-CNN).

En este estudio, la novedad radica en una nueva red neuronal profunda, que además de utilizar redes convolucionales conocidas como VGG-16 y una red totalmente conectada

J] -] - /	N° Total de	N° Enfermedades	N° Registros	por genero	Duración	Frecuenc
b	ase de datos	$\operatorname{registros}$	diagnosticadas	Hombre	Mujer	(s)	(Hz)
	hina Physiological Signal Cha- enge in 2018 (CPSC2018)	6877	6	3699	3178	6-60	500
DQ	hina 12-Lead ECG Challenge atabase TestSet	3453	72	3453	1610	6-60	500
le T	he St Petersburg INCART 12- ad Arrhythmia Database	74	37	17	15	1800	257
р Н	he PTB Diagnostic ECG Data- ase	516	17	209	81	10	1000
вIJ	he PTB-XL electrocardio- raphy Database	21837	CT	11379	10458	10	500
D Q	eorgia 12-Lead ECG Challenge atabase	10344	67	5551	4793	10	500
Ļ	OTAL	43101		24308	20135		

	Tabla 6-1.
muestran	: Base de d
la canti	datos E
dad de se	CG-12lea
eñales, n	ds: Seña
nás la de	ales ECO
scripció	G de 12
n demográfic:	derivaciones
a básica de los	provenientes
us s	de
jetos de l	diversas
orueba.	bases
	de .
	datos.
	$\mathbf{\tilde{N}}$

para clasificar las señales, se incluye una red neuronal recurrente (RNN) para agregar características temporales, creando una nueva red de extremo a extremo de dos dimensiones (2D-CRNN).

6.4.1. Preprocesamiento de las señales

Para obtener un conjunto de datos homogéneo, cada señal se preprocesa, ajustando la frecuencia de muestreo a 200 Hz y utilizando un filtro de paso de banda Butterworth entre 1 - 100 Hz. A continuación, tomamos los primeros 10 segundos de cada señal para cada pista, y si la señal es más corta en el tiempo, realizamos un muestreo ascendente utilizando un relleno cero. Este tamaño de intervalo, es el tiempo medio de grabación por señal en toda la base de datos; esto nos permite obtener la información relevante de cada señal.

6.4.2. Representación bidimensional

En esta etapa, obtuvimos las representaciones bidimensionales de cada señal para cada derivación. Inicialmente formamos el primer conjunto de imágenes transformando cada señal en una imagen de 128 x 128 píxeles que contiene la serie temporal, como se muestra en las Figuras **6-3** a), **6-3** b) y **6-3** c). El segundo conjunto se forma utilizando la transformada Wavelet Synchrosqueezing (WSST, por su significado en inglés) en cada derivación; Con este método, obtenemos información sobre el comportamiento de cada señal en el espacio tiempo-frecuencia-amplitud.

6.4.2.1. Transformación Wavelet Sincronizada

Las señales de ECG son señales no estacionarias en las que se producen cambios de comportamiento en instantes de tiempo imprevisibles dados los datos anteriores. Por ello, es esencial captar esta información cambiante con la mayor precisión posible. El WSST es un método adecuado para analizar este tipo de señales con el que se obtuvieron representaciones tiempo-frecuencia (espectrograma) de la señal. Este gráfico contiene las frecuencias instantáneas a lo largo de un periodo corto: Esto se consigue descomponiendo la señal en diferentes sub-bandas ortogonales entre sí (Daubechies y cols., 2011).

El primer paso es obtener la transformada wavelet continua (CWT) (Thakur y Wu, 2011),

$$W_x(a,b) = a^{-\frac{1}{2}} \int x(t) \bar{\Psi}\left(\frac{t-b}{a}\right) dt$$
(6-1)

donde x(t) es la señal de ECG preprocesada, Ψ es la función wavelet base, a es un parámetro de escala y b es un parámetro de traslación.

El segundo paso es obtener una señal analítica, extrayendo las fases instantáneas derivando W_x respecto a la traslación b.

$$\omega_{a,b} = -i \left(W_{a,b} \right)^{-1} \frac{\partial}{\partial b} W_{a,b} \tag{6-2}$$

Dividiendo ω por $i2\pi$ se obtienen las frecuencias instantáneas (FI) de la señal, con las que se obtienen patrones concentrados de tiempo-frecuencia de alta resolución.



Figura 6-3.: Representación 2D de la derivación II de diferentes tipos de ACs: a, d) Ritmo sinusal normal (RSN), b, d) Depresión del ST (STD), y c, f) Contracción prematura auricular (CPA).

Por último, reasignamos (synchrosqueezing) los valores ω para centrar la energía del espectrograma hacia las curvas de FI obteniendo un espectrograma más nítido. En las Figuras **6-3** d), **6-3** e) y **6-3** f) se muestra un ejemplo de estos gráficos. Como resultado, obtuvimos un conjunto de 24 imágenes (12 datos brutos, 12 espectrogramas) para cada señal en

el caso del ECG de 12 derivaciones.

Con estas representaciones, podemos captar información en múltiples espacios que no son perceptibles en el análisis estándar de series temporales. Sin embargo, no es tan sutil evaluar estas imágenes manualmente, por lo que a continuación mostramos un método automático que extrae características de ellas para clasificar entre diferentes tipos de AC.

6.4.3. Modelo de aprendizaje profundo

Las redes nueronales convolucionaes (CNN, por su significado en inglés) son métodos de aprendizaje profundo (DL) centrados en el análisis de la información formada por una serie de operaciones convolucionales en las que se aplican filtros de diferentes tamaños, lo que permite obtener características de manera automatizada. Los pesos de estos filtros se adaptan en la etapa de entrenamiento para obtener la mejor precisión en la tarea de clasificación al emplear el algoritmo de *backpropagation* en una gran cantidad de datos.

Una CNN está compuesto por una entrada y una capa de salida, así como una gran cantidad de capas ocultas que comúnmente están compuestas de capas convolucionales, agrupadas y totalmente conectadas. Las capas convolucionales están conectadas localmente para extraer las características aplicando un conjunto de pesos llamados núcleos. La función RELU para un valor de entrada X se usa generalmente como funciones de activación y se define como:

$$f(x) = \begin{cases} 0, & if \quad x < 0\\ x, & if \quad x \ge 0 \end{cases}$$
(6-3)

Las características relevantes de alto nivel se pueden extraer con un número creciente de capas convolucionales. Los pesos de los parámetros del núcleo convolucional en cada capa están entrenados con el algoritmo de retropropagación (BP) (Qassim y cols., 2018).

El modelo está compuesto en principio por dos CNN en paralelo, en el que los datos de entrada son el conjunto de imágenes obtenidas en la Sección 6.4.2. Cada CNN funciona como un extractor de características y tiene una estructura basada en Resnet18, donde los bloques residuales ayudan a evitar que el gradiente desaparezca a valores mínimos. Después de obtener las características en paralelo, utilizamos una capa aplanada (Flatten layer, por su significado en inglés) para unirlas como una serie temporal. Para mejorar la comprensión de estas secuencias, agregamos una red de memoria a largo plazo (BILSTM) bidireccional con dos capas. Al final de esta matriz, una red totalmente conectada con una función toma la salida de la red BILSTM y predice la mejor etiqueta para los datos de entrada. El modelo y los parámetros de esta red se muestran en la Figura **6-4**.



Figura 6-4.: Arquitectura del modelo 2D-CRNN.

Tamaño del lote	Tasa de	Puntaje - F1	Función de per-
	a prendiza je	(CV)	dida
1024	0.001	0.804 ± 0.033	$0.064{\pm}0.007$
512	0.001	$0.818 {\pm} 0.024$	$0.061 {\pm} 0.003$
256	0.001	$0.826 {\pm} 0.017$	$0.071 {\pm} 0.001$
128	0.001	$0.807 {\pm} 0.031$	$0.064{\pm}0.008$
64	0.001	$0.812 {\pm} 0.072$	$0.077 {\pm} 0.011$

Tabla 6-2.: Puntaje F1 y valores de la función de pérdida al realizar una variación del tamaño de lotes.

6.5. Resultados y productos obtenidos

Utilizamos el método de validación cruzada (CV) de 10 veces para entrenar y evaluar el modelo. Se probaron diferentes hiperparámetros durante la fase de entrenamiento para encontrar la mejor configuración para el modelo. Los principales parámetros que se tomaron en cuenta fueron la tasa de aprendizaje y el tamaño del lote. Se realizó un conjunto de variaciones en el valor del tamaño del lote para evaluar el mejor rendimiento del modelo propuesto. El tamaño del lote se modificó cinco veces, y la tasa de aprendizaje se actualizó automáticamente en el proceso de entrenamiento. El número de épocas se fijó en 50. Como resultado, se encontró que el mejor valor de tamaño de lote para el proceso de entrenamiento es de 256. Se observó una menor pérdida y una mayor puntuación global de F1, ver Tabla **6-2**.

También se realizó una búsqueda en la cuadrícula para encontrar el valor de umbral óptimo para indicar múltiples ACs en la misma señal; El mejor valor umbral encontrado fue igual a 0.07. El número de épocas se estableció en 50 con un criterio de parada temprana establecido en tres validaciones si su precisión no mejoraba. Comparamos estos resultados con la red 2D-CRNN sin la red BiLSTM y obtuvimos una puntuación F1 de 0,753 \pm 0,154. Por lo tanto, justificamos y comprobamos la utilidad de incorporar la red BiLSTM.

Finalmente, se hizo un estudio comparativo en el que se evaluaba el rendimiento del modelo utilizando solo imágenes TFR, solo las imágenes de datos brutos, y ambas. Se obtuvo una puntuación F1 de 0.761 ± 0.133 Utilizando solo las imágenes TFR y con las imágenes crudas se obtuvo un puntaje F1 de 0.683 ± 0.253 . Por ello, fue conveniente ponerlas en paralelo, lo que permitió obtener patrones de características en una ventana de tiempo como hacen los médicos. Los errores de clasificación se atribuyen principalmente a la similitud morfológica entre las diferentes anomalías cardiacas presentes en el conjunto de datos y la diferencia de tamaño de clase. Inicialmente, se usó el método de replicación de muestra para abordar el problema de las clases desequilibradas, pero esto causó un sobreentrenamiento y afectó los resultados de clasificación. Por lo tanto, es necesario abordar este problema con otras técnicas de aumento de datos. También esperamos mejorar la función de perdida para estar en línea con las métricas de evaluación de puntaje F1. Además, se tiene la intención de extraer características tiempo-frecuencia que hemos implementado en otros análisis de bioseñales para unirlas a las funciones de la red CNN y luego llevarlas a la red RNN.

La realización de estos ajustes se propone como trabajo futuro. Con este trabajo se obtuvieron dos artículos de conferencia publicados en la revista de Computing in Cardiology con el título 'Cardiac Arrhythmias Identification by Parallel CNNs and ECG Time-Frequency Representation' y 'Cardiac Anomalies Detection Through 12-Lead Reduced Lead ECG Spectrograms and 2D-CRNN'.

7. Conclusiones y trabajo futuro

El estudio sobre bioseñales es muy amplio, va desde el diseño de dispositivos electrónicos para obtener mejores señales, hasta técnicas de registro, métodos de análisis y aplicaciones para diversos fines. Esta tesis contribuye al campo del procesamiento de señales fisiológicas, con el desarrollo de un conjunto de herramientas de ML y DL, y de técnicas no supervisadas enfocadas en el análisis de bioseñales. Se muestra su utilidad en el análisis de señales EMG y ECG con el fin de estudiar las ENM y EC.

En el caso de ENM, se han realizado muchos estudios en un intento de caracterizar diferentes ENM a partir de las señales EMG, usando métodos tradicionales como el análisis de características extraídas en el espacio temporal. En esta tesis se ha descrito un esquema automatizado de clasificación de señales EMG intramusculares y se ha validado su rendimiento empleando métricas cuantitativas. Este enfoque descompone una señal EMG no estacionaria, de un solo canal, en funciones estacionarias con el método adaptativo EEMD, selecciona las características adecuadas del dominio tiempo-frecuencia para cada función y reduce su dimensionalidad con el método ULDA, que es robusto ante la alta correlación que puede existir entre las características. Por último se obtiene la probabilidad de que la señal provenga de un sujeto con alguna ENM usando clasificadores para el aprendizaje supervisado.

Este trabajo ha demostrado que los resultados de detección automática de ENM no varían significativamente entre los métodos de descomposición evaluados. Se encontraron valores ligeramente superiores para EEMD y EWT. Sin embargo, todos los métodos alcanzaron una precisión superior al 95%. Por lo tanto, los métodos de extracción y reducción de características son un paso crucial para comprender los mecanismos de funcionamiento de las ENM.

Se establece como parte importante el método de selección de características con técnicas estadísticos, con el fin de analizar la varianza poblacional entre las características de cada clase, obteniendo como resultado un conjunto adecuado de características que poseen poder discriminatorio alto entre las clases de ENM. A partir de los resultados experimentales obtenidos, se puede sugerir que el uso de características tiempo-frecuencia, la extracción de acuerdo a su utilidad en cada una de las FMI, permite no solo reducir el tiempo de procesamiento en un enfoque predictivo, sino que además reduce la redundancia en el conjunto de datos. Si bien, las características temporales son las más adecuadas para esta tarea, no es posible prescindir de las características en frecuencia, si lo que se quiere es obtener una alta tasa de rendimiento, tanto en exactitud como en valores predictivos positivos y negativos. Con este modelo se ha conseguido obtener una precisión de hasta el 99.4%, una sensibilidad para la ELA del 99.8% y del 99.1% para los pacientes miopáticos, una especificidad del 99.6% y un valor predictivo positivo del 99.4%. Los resultados experimentales muestran que el método combina alto rendimiento, interpretabilidad de los resultados, modo de operación automatizado y un conjunto reducido de entrenamiento.

Si bien, detectar de manera automática una ENM es útil en el ámbito clínico, hace falta un análisis más profundo para establecer la gravedad de una ENM. La detección de los PAUMs y su morfología en una señal EMG se ha empleado para proporcionar dicha información.

Conseguir el patrón de disparo de la unidad motora es vital para la comprensión de las alteraciones patológicas en los pacientes, así como para el diagnóstico y el manejo clínico. Ya que el objetivo de este marco de descomposición de EMG fue identificar segmentos completos de PAUM en la señal de EMG y clasificarlos con precisión en sus TPAUMs constituyentes, se desarrolló un marco de descomposición de señales EMG basado en un algoritmo de segmentación de PAUMs. Este método consiste en cuatro pasos: preprocesamiento de la señal a partir de la eliminación de ruido, el cálculo de la MTEO, el suavizado de la señal y la determinación del umbral estadístico. Este algoritmo logra una velocidad de procesamiento rápida mediante el uso de una técnica de detección de puntos de origen, en lugar de procesar la señal completa en la etapa de coincidencia de la plantilla. El MTEO acompañado por el enfoque de detección de umbral introducido en esta tesis, aumenta la sensibilidad del algoritmo al resolver las superposiciones parciales. Las formas de onda características de cada enfermedad también se representan de una manera más integral al emplear tanto la salida MTEO como la señal filtrada de paso de banda, lo que a su vez mejora la confiabilidad de la clasificación. Si bien, las formas de onda promedio encontradas coinciden con las plantillas pre-establecidas reportadas en la literatura clínica, es necesario que para hacer un proceso de validación completo un electrofisiólogo experto señale si los PAUMs detectados coinciden con los encontrados en la señal, unido a esto, es necesario que para garantizar su reproducibilidad se obtenga muchos más datos.

Así como las señales EMG tienen funciones base (PAUM), las señales ECG también las tienen y se conocen como latidos cardiacos o complejos QRS. Por lo tanto, se intuyó que para detectar automáticamente estos complejos era de gran utilidad emplear las técnicas implementadas en señales EMG. Se demostró que el método KTEO con la técnica de

umbral adaptativo es la ideal para detectar estos complejos. Se comparó con la técnica de Pan-Tomkins mostrando gran robustez a la hora de detectar complejos QRS anómalos, como los generados por pacientes con contracciones ventriculares prematuras. La aproximación clásica de Pan-Tompkins es mostrada como una buena alternativa empleada en la mayoría de los trabajos de clasificación de arritmias. Pero este método no es muy robusto ante problemas de detección de complejos QRS que tienen baja amplitud. Sin embargo, los detectores de complejos QRS desarrollados, basados en los algoritmos sugeridos, pueden ser útiles para detectar varios trastornos cardíacos y llevar un estilo de vida saludable y seguro.

Como complemento a la detección de complejos QRS, se ha desarrollado un sistema de detección automática de arritmias cardiacas. La arquitectura se basa en un modelo de red neuronal recurrente convolucional bidimensional (2D-CRNN) mediante el uso de imágenes creadas a partir de los complejos QRS detectados sin procesar y calculando de manera paralela su espectrograma usando Wavelet Synchrosqueezing. Se eligió una red CNN para obtener características relevantes de las imágenes, seguida de una red neuronal recurrente para mejorar la comprensión de estas características. Se propuso el uso de Batch Normalization como técnica de aceleración de entrenamiento ya que mantiene una distribución estándar de valores de activación para la capa oculta. Se ejecutó un método de validación cruzada diez veces utilizando las configuraciones de 60 %, 20 % y 20 % para los procesos de entrenamiento, validación y prueba, respectivamente. Con esta técnica, se logró un rendimiento superior al reportado en otros estudios usando una red 1D-CNN convencional. La efectividad de nuestro enfoque quedó demostrada en la difícil tarea de detectar AC usando señales de ECG logrando una especificidad del 96 % con un puntaje F1 del 0.826.

Como dirección futura, teniendo en cuenta que estas técnicas junto a los numerosos algoritmos publicados en la literatura argumentan su utilidad clínica, ninguno de los algoritmos discutidos (según el conocimiento del autor) ha sido implementado y verificado en un entorno clínico u hospitalario. Por lo tanto, también se sugiere que los nuevos algoritmos desarrollados puedan ser implementados y verificados en el entorno clínico. Dado que los médicos pueden tener un acceso sustancial a los datos de un paciente en un entorno clínico, una investigación interesante sería determinar la influencia de los datos clínicos en tiempo real en el resultado de la clasificación. Aunque los hallazgos empíricos son alentadores, se requieren evaluaciones clínicas adicionales para validar aún más la aplicabilidad de estas técnicas en la práctica. Sobre la base de los resultados experimentales, se prevé que el desarrollo de un sistema de análisis de bioseñales completamente automático, que sea lo suficientemente preciso, simple, rápido y confiable como para ser aplicado en un entorno clínico, está a la vista. En resumen, los métodos propuestos consiguen interpretar adecuadamente la información extraída en las bioseñales y transformarla en conocimiento coherente para la práctica clínica actual. Estas técnicas pueden aplicarse potencialmente a cualquier bioseñal eléctrica que esté compuesta por picos transitorios y son un esquema adecuado para un sistema de apoyo a la decisión clínica, proporcionando una valiosa herramienta en la tarea de diagnóstico de ENM y EC.

A. Anexo: Gráficas de señales EMG de 12 derivaciones provenientes de sujetos con 9 clases de arritmias cardiacas

A continuación, se muestra una señal característica por cada una de las 12 derivaciones de las 8 arritmias cardiacas de la base de datos ECG-12leads y la representación de una señal ECG de un paciente sin diagnostico de enfermedad cardiaca.





Figura A-1.: Señales características para un ritmo sinusal normal (NSR) o paciente sin enfermedad cardiaca identificada.



Figura A-2.: Señales puras de la enfermedad cardiaca Bloqueo de rama derecha identificada como RBBB en el ámbito clínico.





Figura A-3.: Señales características de una fibrilación auricular (AF) identificada.



Figura A-4.: Señales características para latidos ectópicos ventriculares (VEB - PVC) identificados.



Figura A-5.: Señales características para depresión del segmento ST (STD) identificado.



Figura A-6.: Señales características para un Bloqueo de rama izquierda (LBBB) identificado.





Figura A-7.: Señales características para una elevación del segmento ST (STE) identificado.



Figura A-8.: Señales características para un Bloqueo AV 1er grado (IAVB) identificado.





Figura A-9.: Señales características para una contracción auricular prematura (PAC) identificada.

Referencias

- Al-Barazanchi, K. K., Al-Neami, A. Q., y Al-Timemy, A. H. (2017). Ensemble of bagged tree classifier for the diagnosis of neuromuscular disorders. En (Vol. 2017-Octob). doi: 10.1109/ICABME.2017.8167564
- Alday, E. A. P., Gu, A., Shah, A., Robichaux, C., Wong, A. K. I., Liu, C., ... Reyna, M. A. (2020, 8). Classification of 12-lead ecgs: The physionet/computing in cardiology challenge 2020. medRxiv, 2020.08.11.20172601. doi: 10.1101/2020.08.11.20172601
- AlOmari, F., y Liu, G. (2014). Analysis of extracted forearm semg signal using lda, qda, k-nn classification algorithms. Open Automation and Control Systems Journal, 6, 108-116. doi: 10.2174/1874444301406010108
- Altamirano-Altamirano, A., Vera, A., Leija, L., y Wolf, D. (2016). Myoelectric signal analysis using hilbert-huang transform to identify muscle activation features. 2016 13th International Conference on Electrical Engineering, Computing Science and Automatic Control, CCE 2016, 1-4. doi: 10.1109/ICEEE.2016.7751246
- Araujo, J. J., Elizari, A., y Pignatelli, R. (2020). Recomendaciones del consejo de cardiopatías congénitas del adulto para el cuidado y atención de pacientes frente a la pandemia covid 19. Siacardio, 1-8.
- Awal, M. A., Mostafa, S. S., Ahmad, M., y Rashid, M. A. (2014). An adaptive level dependent wavelet thresholding for ecg denoising. *Biocybernetics and Biomedical Engineering*, 34, 238-249. doi: 10.1016/j.bbe.2014.03.002
- Berry, M. W., Mohamed, A., y Yap, B. W. (2019). Supervised and unsupervised learning for data science. Springer.
- Berzuini, C., Maranzana-Figini, M., y Bernardinelli, L. (1982). Effective use of emg parameters in the assessment of neuromuscular diseases. *International Journal of Bio-Medical Computing*, 13(6), 481–499.
- Bousseljot, R., Kreiseler, D., y Schnabel, A. (1995). Nutzung der ekg-signaldatenbank cardiodat der ptb über das internet. *Biomedizinische Technik*. doi: 10.1515/bmte .1995.40.s1.317
- Breiman, L., Friedman, J. H., Olshen, R. A., y Stone, C. J. (2017). Classification and regression trees. Routledge. doi: 10.1201/9781315139470
- Buchthal, F., Guld, C., y Rosenfalck, P. (1954, 4). Action potential parameters in normal human muscle and their dependence on physical variables. Acta Physiologica Scandinavica, 32, 200-218. doi: 10.1111/j.1748-1716.1954.tb01167.x
- Burhade, S. (2016). Electromyogram signals for multiuser interface- a review. International Research Journal of Engineering and Technology (IRJET), 866-869.
- Cai, Z., Liu, C., Gao, H., Wang, X., Zhao, L., Shen, Q., ... Li, J. (2020). An openaccess long-term wearable ecg database for premature ventricular contractions and supraventricular premature beat detection. *Journal of Medical Imaging and Health*

Informatics, 10(11), 2663–2667.

- Campbell, N. R., Ordunez, P., Giraldo, G., Morales, Y. A. R., Lombardi, C., Khan, T., ... Varghese, C. (2021). Who hearts: a global program to reduce cardiovascular disease burden: experience implementing in the americas and opportunities in canada. *Canadian Journal of Cardiology*, 37(5), 744–755.
- Chan, A. D. C., y Green, G. C. (2007). Myoelectric control development toolbox. Proceedings of 30th Conference of the Canadian Medical Biological Engineering Society, 1, M0100-1.
- Choi, J. H., Jung, H. K., y Kim, T. (2006). A new action potential detector using the mteo and its effects on spike sorting systems at low signal-to-noise ratios. , 53, 738-746.
- Christodoulou, C. I., Kaplanis, P. A., Murray, V., Pattichis, M. S., Pattichis, C. S., y Kyriakides, T. (2012). Multi-scale am-fm analysis for the classification of surface electromyographic signals. *Biomedical Signal Processing and Control*, 7, 265-269. doi: 10.1016/j.bspc.2012.01.001
- Christodoulou, C. I., y Pattichis, C. S. (1999). Unsupervided pattern recognition for the classification of emg signals. *IEEE transactions on bio-medical engineering*, 46, 169-178. doi: 10.1109/10.740879
- Colominas, M. A., Schlotthauer, G., y Torres, M. E. (2014). Improved complete ensemble emd: A suitable tool for biomedical signal processing. *Biomedical Signal Processing* and Control, 14, 19-29. doi: 10.1016/j.bspc.2014.06.009
- Daube, J. R., y Rubin, D. I. (2009). Needle electromyography (Vol. 39). doi: 10.1002/ mus.21180
- Daubechies, I., Lu, J., y Wu, H. T. (2011). Synchrosqueezed wavelet transforms: An empirical mode decomposition-like tool. Applied and Computational Harmonic Analysis, 30, 243-261. doi: 10.1016/j.acha.2010.08.002
- Dobrowolski, A. P., Wierzbowski, M., y Tomczykiewicz, K. (2012). Multiresolution muaps decomposition and svm-based analysis in the classification of neuromuscular disorders. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 107, 393-403. doi: 10.1016/j.cmpb.2010.12.006
- Doulah, A. B., Fattah, S. A., Zhu, W. P., y Ahmad, M. O. (2014). Wavelet domain feature extraction scheme based on dominant motor unit action potential of emg signal for neuromuscular disease classification. *IEEE Transactions on Biomedical Circuits and Systems*, 8, 155-164. doi: 10.1109/TBCAS.2014.2309252
- Dragomiretskiy, K., y Zosso, D. (2014). Variational mode decomposition. IEEE Transactions on Signal Processing, 62, 531-544. doi: 10.1109/TSP.2013.2288675
- Dumitru, D., Amato, A. A., y Zwarts, M. J. (2002). Electrodiagnostic medicine. Hanley Belfus.
- Ebrahimi, Z., Loni, M., Daneshtalab, M., y Gharehbaghi, A. (2020). A review on deep learning methods for ecg arrhythmia classification. *Expert Systems with Applica*-

tions: X, 7, 100033. doi: 10.1016/j.eswax.2020.100033

- Feldman, E., Grisold, W., Russell, J. W., y Zifko, U. A. (2016). Atlas of neuromuscular diseases. Springer.
- Gokgoz, E., y Subasi, A. (2014). Effect of multiscale pca de-noising on emg signal classification for diagnosis of neuromuscular disorders. *Journal of Medical Systems*, 38. doi: 10.1007/s10916-014-0031-3
- Gokgoz, E., y Subasi, A. (2015). Comparison of decision tree algorithms for emg signal classification using dwt. *Biomedical Signal Processing and Control*, 18, 138-144. doi: 10.1016/j.bspc.2014.12.005
- Güler, N. F., y Koçer, S. (2005). Use of support vector machines and neural network in diagnosis of neuromuscular disorders. *Journal of Medical Systems*, 29, 271-284. doi: 10.1007/s10916-005-5187-4
- Hannun, A. Y., Rajpurkar, P., Haghpanahi, M., Tison, G. H., Bourn, C., Turakhia, M. P., y Ng, A. Y. (2019). Cardiologist-level arrhythmia detection and classification in ambulatory electrocardiograms using a deep neural network. *Nature Medicine*, 25(1), 65–69. doi: 10.1038/s41591-018-0268-3
- Huang, J., Chen, B., Yao, B., y He, W. (2019). ECG Arrhythmia Classification Using STFT-Based Spectrogram and Convolutional Neural Network. *IEEE Access*, 7, 92871–92880. doi: 10.1109/ACCESS.2019.2928017
- Huang, N., Shen, Z., Long, S., Wu, M., SHIH, H., ZHENG, Q., ... Liu, H. (1998).
 The empirical mode decomposition and the hilbert spectrum for nonlinear and nonstationary time series analysis. *Proceedings of the Royal Society A: Mathematical*, *Physical and Engineering Sciences*, 454, 995, 903. doi: 10.1098/rspa.1998.0193
- Iolascon, G., Paoletta, M., Liguori, S., Curci, C., y Moretti, A. (2019). Neuromuscular diseases and bone (Vol. 10). doi: 10.3389/fendo.2019.00794
- Istenic, R., Kaplanis, P., Pattichis, C. S., y Zazula, D. (2008). Analysis of neuromuscular disorders using statistical and entropy metrics on surface emg. WSEAS Transactions on signal processing, 4, 28-35.
- Istenič, R., Kaplanis, P. A., Pattichis, C. S., y Zazula, D. (2010). Multiscale entropybased approach to automated surface emg classification of neuromuscular disorders. *Medical and Biological Engineering and Computing*, 48, 773-781. doi: 10.1007/ s11517-010-0629-7
- Izenman, A. J. (2013). Linear discriminant analysis. Springer New York. doi: 10.1007/ 978-0-387-78189-1_8
- Jahromi, M. G., Parsaei, H., Zamani, A., y Stashuk, D. W. (2018). Cross comparison of motor unit potential features used in emg signal decomposition. *IEEE Transactions* on Neural Systems and Rehabilitation Engineering, 26, 1017-1025. doi: 10.1109/ TNSRE.2018.2817498
- Jose, S., George, S. T., y Roopchand, P. S. (2019). Dwt-based electromyogram sig-

nal classification using maximum likelihood-estimated features for neurodiagnostic applications. *Signal, Image and Video Processing*, 14, 601-608. doi: 10.1007/ s11760-019-01590-6

- Kaniusas, E. (2012a). Fundamentals of biosignals. En Biomedical signals and sensors i (pp. 1–26). Springer.
- Kaniusas, E. (2012b). Physiological phenomena and biosignals. En Biomedical signals and sensors i (pp. 183–282). Springer.
- Kaplanis, P. A., Pattichis, C. S., Hadjileontiadis, L. J., y Roberts, V. C. (2009). Surface emg analysis on normal subjects based on isometric voluntary contraction. *Journal* of Electromyography and Kinesiology, 19, 157-171. doi: 10.1016/j.jelekin.2007.03 .010
- Kavlakoglu, E. (2020). Ai vs. machine learning vs. deep learning vs. neural networks: What's the difference? Descargado 2022-11-21, de https://www.ibm.com/cloud/ blog/ai-vs-machine-learning-vs-deep-learning-vs-neural-networks
- Kendall, R., y Werner, R. A. (2006, 8). Interrater reliability of the needle examination in lumbosacral radiculopathy. *Muscle and Nerve*, 34, 238-241. doi: 10.1002/mus .20554
- Kumar, P., y Agnihotri, D. (2010). Biosignal denoising via wavelet thresholds. IETE Journal of Research, 56, 132. doi: 10.4103/0377-2063.67097
- Liu, F., Liu, C., Zhao, L., Zhang, X., Wu, X., Xu, X., ... Kwee, E. N. Y. (2018). An open access database for evaluating the algorithms of electrocardiogram rhythm and morphology abnormality detection. *Journal of Medical Imaging and Health Informatics*. doi: 10.1166/jmihi.2018.2442
- Liu, X., Wang, H., Li, Z., y Qin, L. (2021). Deep learning in ecg diagnosis: A review. Knowledge-Based Systems, 227, 107187.
- Mandic, D. P., Rehman, N. U., Wu, Z., y Huang, N. E. (2013). Empirical mode decomposition-based time-frequency analysis of multivariate signals: The power of adaptive data analysis. *IEEE Signal Processing Magazine*, 30, 74-86. doi: 10.1109/MSP.2013.2267931
- Manjula, M., y Sarma, A. V. (2012). Comparison of empirical mode decomposition and wavelet based classification of power quality events. *Energy Proceedia*, 14, 1156-1162. doi: 10.1016/j.egypro.2011.12.1069
- Marple, S. L. (1999). Computing the discrete-time analytic signal via fft. IEEE Transactions on Signal Processing, 47, 2600-2603. doi: 10.1109/78.782222
- Mathers, C. D., y Loncar, D. (2006). Projections of global mortality and burden of disease from 2002 to 2030 (Vol. 3).
- McCarthy, J. (1989). Artificial intelligence, logic and formalizing common sense. En *Philosophical logic and artificial intelligence* (pp. 161–190). Springer.
- McCarthy, J. (2004). What is artificial intelligence. Stanford University.
- Mishra, V. K., Bajaj, V., y Kumar, A. (2016). Classification of normal, als, and myopathy emg signals using elm classifier. Proceeding of IEEE - 2nd International Conference on Advances in Electrical, Electronics, Information, Communication and Bio-Informatics, IEEE - AEEICB 2016, 455-459. doi: 10.1109/AEEICB.2016.7538330
- Mishra, V. K., Bajaj, V., Kumar, A., Sharma, D., y Singh, G. K. (2017). An efficient method for analysis of emg signals using improved empirical mode decomposition. *AEU - International Journal of Electronics and Communications*, 72, 200-209. doi: 10.1016/j.aeue.2016.12.008
- Mishra, V. K., Bajaj, V., Kumar, A., y Singh, G. K. (2016). Analysis of als and normal emg signals based on empirical mode decomposition. *IET Science, Measurement Technology*, 10, 963-971. doi: 10.1049/iet-smt.2016.0208
- Nagineni, S., Taran, S., y Bajaj, V. (2018). Features based on variational mode decomposition for identification of neuromuscular disorder using emg signals. *Health Information Science and Systems*, 6, 1-10. doi: 10.1007/s13755-018-0050-4
- Naik, G. R., Selvan, S. E., y Nguyen, H. T. (2016). Single-channel emg classification with ensemble-empirical-mode-decomposition-based ica for diagnosing neuromuscular disorders. *IEEE Transactions on Neural Systems and Rehabilitation Engineering*, 24, 734-743. doi: 10.1109/TNSRE.2015.2454503
- Nenadic, Z., y Burdick, J. W. (2005). Spike detection using the continuous wavelet transform. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 52, 74-87. doi: 10.1109/ TBME.2004.839800
- Nikolic, M., y Krarup, C. (2011). Emgtools, an adaptive and versatile tool for detailed emg analysis. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 58, 2707-2718. doi: 10.1109/TBME.2010.2064773
- Oster, J., Behar, J., Sayadi, O., Nemati, S., Johnson, A. E., y Clifford, G. D. (2015, 9). Semisupervised ecg ventricular beat classification with novelty detection based on switching kalman filters. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 62, 2125-2134. doi: 10.1109/TBME.2015.2402236
- Parsaei, H., y Stashuk, D. W. (2011). Adaptive motor unit potential train validation using MUP shape information. *Medical Engineering and Physics*, 33(5), 581–589. doi: 10.1016/j.medengphy.2010.12.012
- Parsaei, H., Stashuk, D. W., Rasheed, S., Farkas, C., y Hamilton-Wright, A. (2010). Intramuscular emg signal decomposition. *Critical Reviews[™] in Biomedical Engineering*. doi: 10.1615/CritRevBiomedEng.v38.i5.20
- Peterson, L. (2009). K-nearest neighbor. Scholarpedia, 4.
- Physionet. (2019). Physionet databases.
- Pino, L. J., Stashuk, D. W., Boe, S. G., y Doherty, T. J. (2010). Probabilistic muscle characterization using qemg: Application to neuropathic muscle. *Muscle Nerve*, 41, 18-31. doi: 10.1002/mus.21456

- Pinzon-Morales, R.-D., Baquero-Duarte, K.-A., Orozco-Gutierrez, A.-A., y Grisales-Palacio, V.-H. (2011). Pattern recognition of surface emg biological signals by means of hilbert spectrum and fuzzy clustering. Springer New York. doi: 10.1007/ 978-1-4419-7046-6_20
- Preston, D. C., y Shapiro, B. E. (2013). Tarsal tunnel syndrome. *Electromyography and Neuromuscular Disorders*, 365-371. doi: 10.1016/B978-1-4557-2672-1.00024-6
- Qassim, H., Verma, A., y Feinzimer, D. (2018). Compressed residual-VGG16 CNN model for big data places image recognition. 2018 IEEE 8th Annual Computing and Communication Workshop and Conference, CCWC 2018, 2018-Janua, 169–175. doi: 10.1109/CCWC.2018.8301729
- Qiu, L., Li, W., Cai, W., Zhang, M., Zhu, W., y Wang, L. (2018). Heartbeat classification using convolution neural network and wavelet transform to extract features. Proceedings - 2018 IEEE SmartWorld, Ubiquitous Intelligence and Computing, Advanced and Trusted Computing, Scalable Computing and Communications, Cloud and Big Data Computing, Internet of People and Smart City Innovations, SmartWorld/UIC/ATC/ScalCom/CBDCo, 139-143. doi: 10.1109/SmartWorld.2018 .00059
- Quinlan, J. R. (1986, 3). Induction of decision trees. Machine Learning, 1, 81-106. doi: 10.1023/A:1022643204877
- Reyna, M. A., Sadr., N., Perez Alday., E. A., Gu., A., Shah., A. J., Robichaux., C., ... Cliffor., G. D. (2021). Will Two Do? Varying Dimensions in Electrocardiography: the PhysioNet - Computing in Cardiology Challenge 2021. Computing in Cardiology 2021(48), 1:4.
- Rodríguez-Torres, D., Jiménez-Jáimez, J., Macías-Ruiz, R., Álvarez-López, M., y Tercedor, L. (2017). Cardiac manifestations of neuromuscular disease. *Revista Espanola* De Cardiologia (English Ed.), 71(7), 580–582.
- Sanger, T. D. (2008). Use of surface electromyography (emg) in the diagnosis of childhood hypertonia: A pilot study. *Journal of Child Neurology*, 23, 644-648. doi: 10.1177/ 0883073807313045
- Sapsanis, C., Georgoulas, G., y Tzes, A. (2013). Emg based classification of basic hand movements based on time frequency features. 2013 21st Mediterranean Conference on Control and Automation, MED 2013 - Conference Proceedings, 716-722. doi: 10.1109/MED.2013.6608802
- Sedghamiz, H., y Santonocito, D. (2016). Unsupervised detection and classification of motor unit action potentials in intramuscular electromyography signals. 2015 E-Health and Bioengineering Conference, EHB 2015, 1-6. doi: 10.1109/EHB.2015 .7391510
- Sengur, A., Akbulut, Y., Guo, Y., y Bajaj, V. (2017). Classification of amyotrophic lateral sclerosis disease based on convolutional neural network and reinforcement

sample learning algorithm. *Health Information Science and Systems*, 5, 9. doi: 10.1007/s13755-017-0029-6

- Sengur, A., Budak, U., y Akbulut, Y. (2018). Classification of amyotrophic lateral sclerosis and healthy electromyography signals based on transfer learning. *European Journal* of Technic, 8, 179-185. doi: 10.36222/ejt.498095
- Serhani, M. A., T. El Kassabi, H., Ismail, H., y Nujum Navaz, A. (2020). Ecg monitoring systems: Review, architecture, processes, and key challenges. Sensors, 20(6), 1796.
- Siami-Namini, S., Tavakoli, N., y Namin, A. S. (2019). The performance of lstm and bilstm in forecasting time series. En 2019 ieee international conference on big data (big data) (pp. 3285–3292).
- Silverman, B., y Jones, M. C. (1989). E. fix and j.l. hodges (1951): An important contribution to nonparametric discriminant analysis and density estimation: Commentary on fix and hodges (1951). International Statistical Review / Revue Internationale de Statistique, 57.
- Srinivasan, N. T., y Schilling, R. J. (2018). Sudden cardiac death and arrhythmias. Arrhythmia and Electrophysiology Review, 7, 111-117. doi: 10.15420/aer.2018.15.2
- Subasi, A. (2012). Classification of emg signals using combined features and soft computing techniques. Applied Soft Computing Journal, 12, 2188-2198. doi: 10.1016/j.asoc.2012.03.035
- Subasi, A. (2013). Classification of emg signals using pso optimized svm for diagnosis of neuromuscular disorders. *Computers in Biology and Medicine*, 43, 576-586. doi: 10.1016/j.compbiomed.2013.01.020
- Thakur, G., y Wu, H. T. (2011). Synchrosqueezing-based recovery of instantaneous frequency from nonuniform samples. SIAM Journal on Mathematical Analysis, 43(5), 2078–2095. doi: 10.1137/100798818
- Tihonenko, V., Khaustov, A., Ivanov, S., Rivin, A., y Yakushenko, E. (2018). 2008 st petersburg incart 12-lead arrhythmia database. *PhysioBank PhysioToolkit PhysioNet*. doi: https://doi.org/10.13026/C2V88N
- Torres-Castillo, J. R. (2018). Clasificación de señales emg empleando características tiempo-frecuencia para el diagnóstico de desórdenes neuromusculares. UNAM, 1, 1-63. doi: 10.1017/CBO9781107415324.004
- Torres-Castillo, J. R., De Los Rios, K., y Padilla, M. A. (2020). Cardiac Arrhythmias Identification by Parallel CNNs and ECG Time-Frequency Representation. Computing in Cardiology, 2020-September, 2020–2023. doi: 10.22489/CinC.2020.456
- Torres-Castillo, J. R., López-López, C. O., y Padilla-Castañeda, M. A. (2022, 1). Neuromuscular disorders detection through time-frequency analysis and classification of multi-muscular emg signals using hilbert-huang transform. *Biomedical Signal Processing and Control*, 71, 103037. doi: 10.1016/j.bspc.2021.103037

Torres-Castillo, J. R., y Padilla-Castaneda, M. A. (2021). Cardiac Abnormalities Detec-

tion Through 12-Lead/Reduced-Lead ECG Spectrograms and 2D-CRNN. Computing in Cardiology, 2021-September, 39–42. doi: 10.23919/CinC53138.2021.9662875

- Vallejo, M., y Gallego, C. J. (2018). Neuromuscular disease detection by neural networks and fuzzy entropy on time - frequency analysis of electromyography signals. *Expert* Systems, 1-10. doi: 10.1111/exsy.12274
- Varela, H., y Gooch, C. (2014). Neuromuscular disorders (Ninth Edit ed.). Elsevier Inc. doi: 10.1002/9781118730676.ch21
- Verma, A. R., y Gupta, B. (2020). Detecting neuromuscular disorders using emg signals based on tqwt features. Augmented Human Research, 5. doi: 10.1007/s41133-019 -0020-7
- Wagner, P., Strodthoff, N., Bousseljot, R. D., Kreiseler, D., Lunze, F. I., Samek, W., y Schaeffter, T. (2020). Ptb-xl, a large publicly available electrocardiography dataset. *Scientific Data*. doi: 10.1038/s41597-020-0495-6
- Wang, H., y Zaniolo, C. (2000). Cmp: A fast decision tree classifier using multivariate predictions. En (p. 449-460).
- Wu, Z., y Huang, N. E. (2009). Ensemble empirical mode decomposition: A noiseassisted data analysis method. Advances in Adaptive Data Analysis, 1, 1-41. doi: 10.1142/S1793536909000047
- Xanthopoulos, P., Pardalos, P. M., y Trafalis, T. B. (2013). *Linear discriminant analysis*. Springer New York. doi: 10.1007/978-1-4419-9878-1_4
- Xie, H., y Wang, Z. (2006). Mean frequency derived via hilbert-huang transform with application to fatigue emg signal analysis. Computer Methods and Programs in Biomedicine, 82, 114-120. doi: 10.1016/j.cmpb.2006.02.009
- Ye, J., Janardan, R., Li, Q., y Park, H. (2006). Feature reduction via generalized uncorelated linear discriminant analysis. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 18, 1312-1322. doi: 10.1109/TKDE.2006.160
- Yeh, J. R., Shieh, J. S., y Huang, N. E. (2010). Complementary ensemble empirical mode decomposition: A novel noise enhanced data analysis method. Advances in Adaptive Data Analysis, 2, 135-156. doi: 10.1142/S1793536910000422
- Yousefi, H., Askari, S., Dumont, G. A., y Bastany, Z. (2014). Automated decomposition of needle emg signal using stft and wavelet transforms. *Biomedical Engineering* (*ICBME*), 358-363.
- Yousefi, J., y Hamilton-Wright, A. (2014). Characterizing emg data using machinelearning tools (Vol. 51). doi: 10.1016/j.compbiomed.2014.04.018
- Özal Yıldırım, Pławiak, P., Tan, R. S., y Acharya, U. R. (2018). Arrhythmia detection using deep convolutional neural network with long duration ecg signals. *Computers* in Biology and Medicine, 102, 411-420. doi: 10.1016/j.compbiomed.2018.09.009